



La biodiversità: una risorsa essenziale della natura
Bari, 18 febbraio 2011



BIODIVERSITA' VEGETALE PER CARATTERI UTILI



A. Blanco

Dipartimento di Biologia e chimica agro-forestale
Università di Bari

Biodiversità vegetale



Biodiversità intraspecifica
Diversità tra individui della stessa specie

Biodiversità interspecifica
Diversità che caratterizza le diverse specie



Biodiversità degli ecosistemi



Biodiversità e risorse genetiche vegetali



VARIABILITÀ NATURALE

Varietà derivanti dal miglioramento genetico

Popolazioni e varietà locali

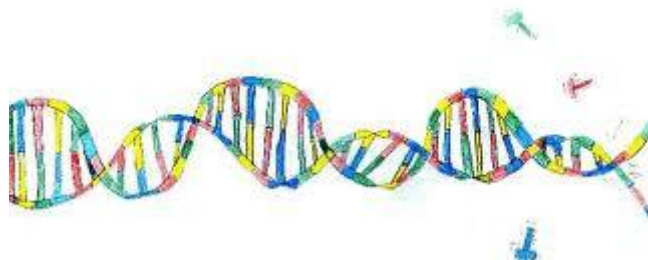
Specie selvatiche affini alle specie coltivate

VARIABILITÀ INDOTTA

Popolazioni sperimentali

Poliploidia

Transgenici



VARIABILITÀ MOLECOLARE

Sequenze genomiche, geni, alleli, marcatori...

Biodiversità del pomodoro



Biodiversità dei frumenti



Biodiversità del pelargonio



Biodiversità del fico



Biodiversità e risorse genetiche vegetali

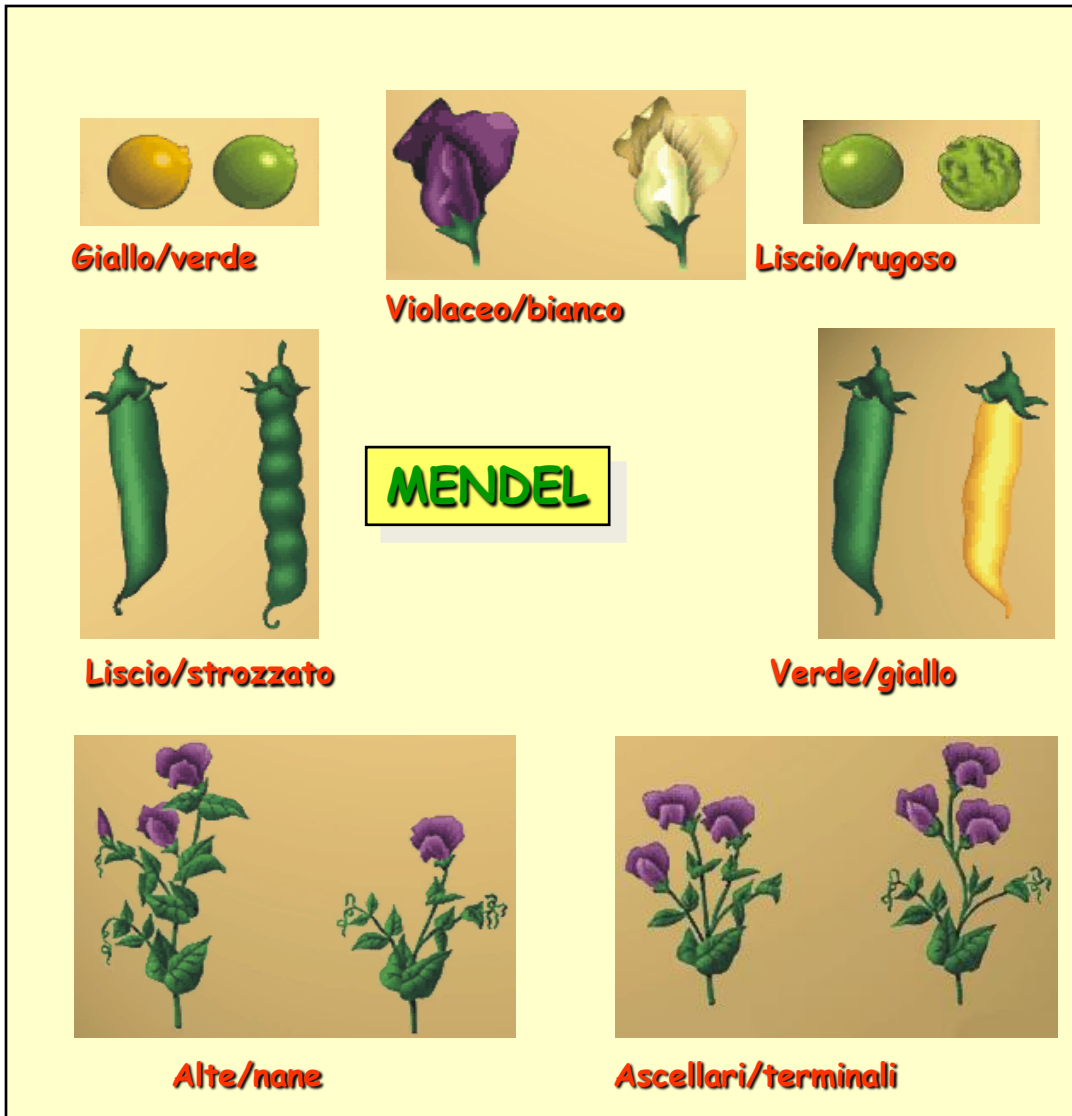


Controllo genetico dei caratteri bio-agronomici

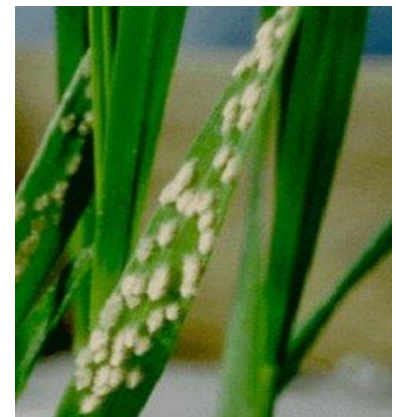
Costituzione di nuove varietà superiori



Caratteri qualitativi (mendeliani, a variabilità discontinua)



Colore spiga



Resistenza ooid

Caratteri economicamente importanti



Produttività



Dimensione e colore semi



Resistenza insetti



Qualità nutrizionale e organolettica



Adattabilità



Contenuto proteico



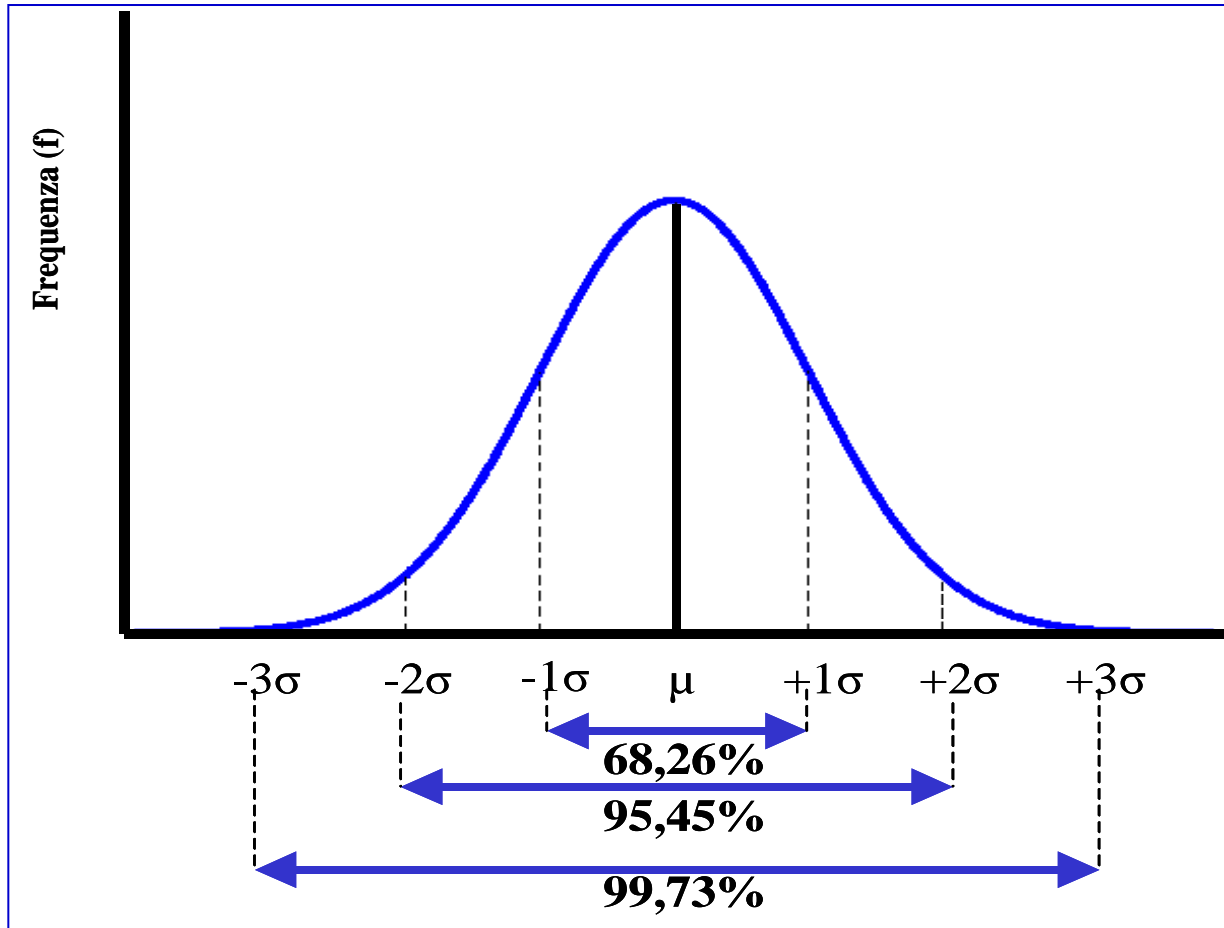
Resistenza siccità



Qualità olio

Caratteri quantitativi

(caratteri metrici, caratteri a variabilità continua)



PARAMETRI STATISTICI

Media

Varianza

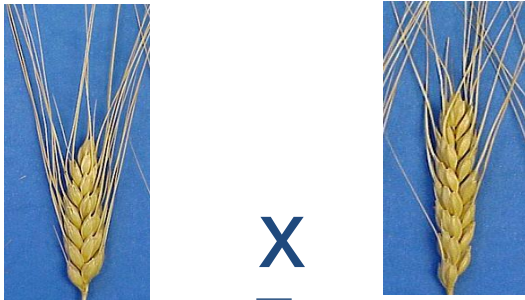
Deviazione standard

Covarianza



Incroccio, produzione di variabilità genetica, costituzione di nuove varietà

Linee parentali



Popolazione segregante



Selezione

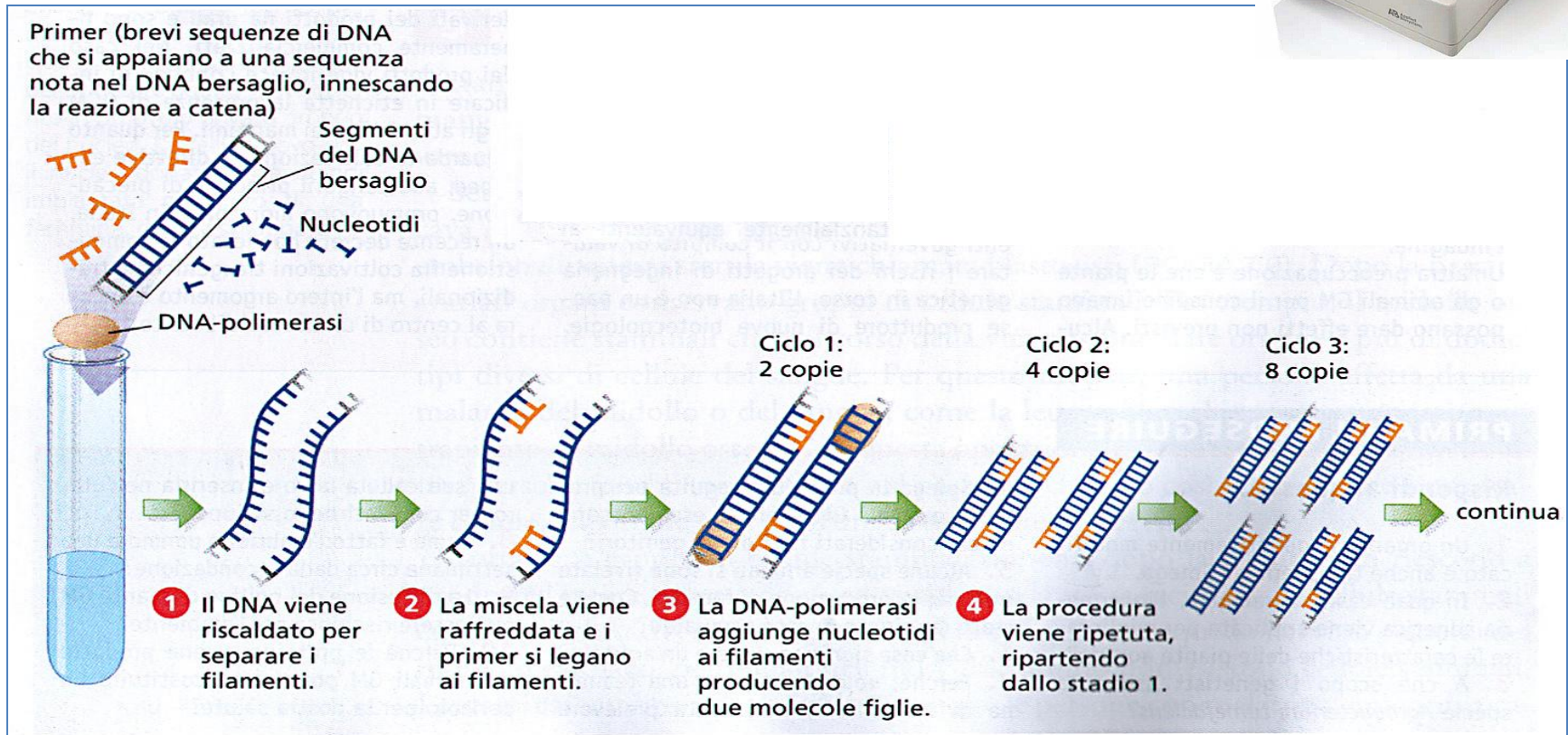
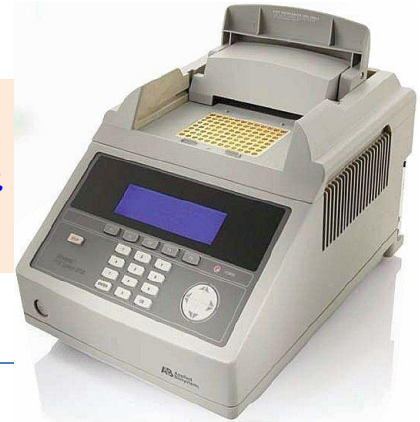


Nuova varietà



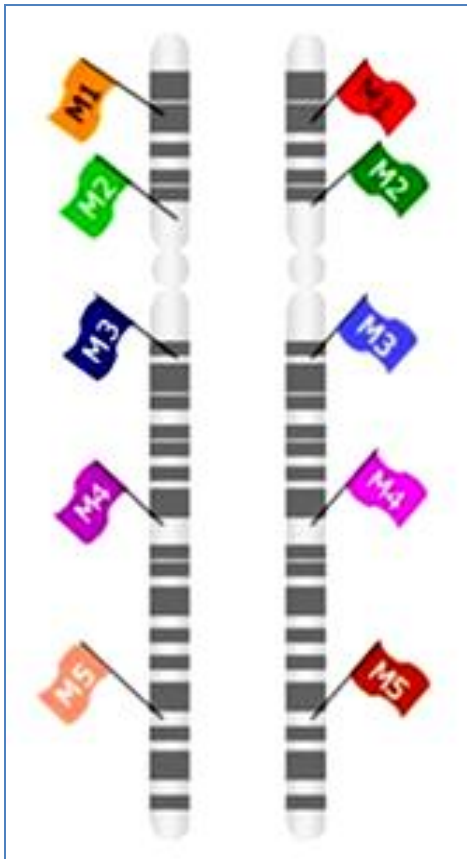
La reazione a catena della polimerasi (PCR)

Permette di "amplificare" un segmento di DNA.
Da un' unica molecola di DNA, in poche ore la PCR può produrre 100 miliardi di molecole identiche.

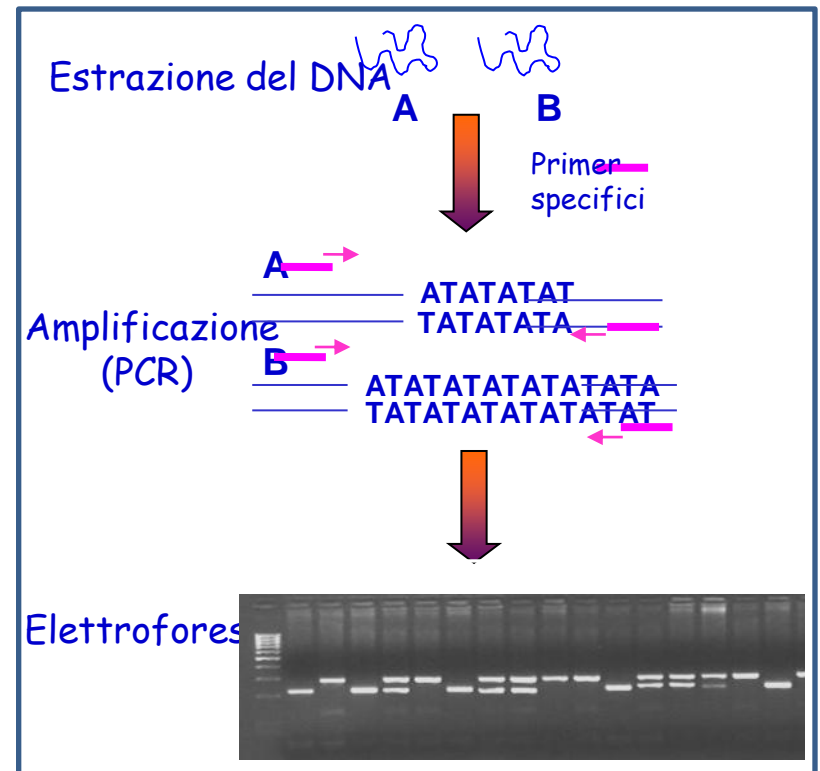


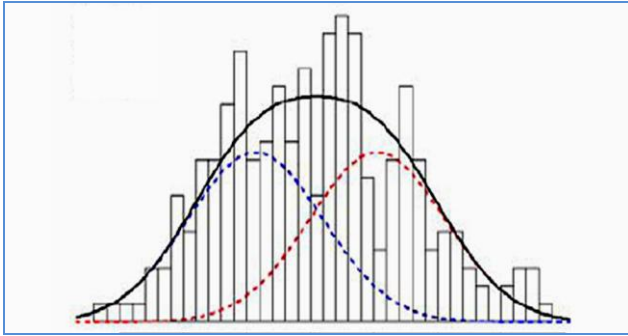
Tecnologia marcatori molecolari

Un marcatore molecolare è un frammento di DNA, rilevabile con sonde o inneschi specifici, che contraddistingue il segmento cromosomico con il quale si identifica e le regioni che lo circondano.



Marcatori microsatellite





Contenuto
proteine semi

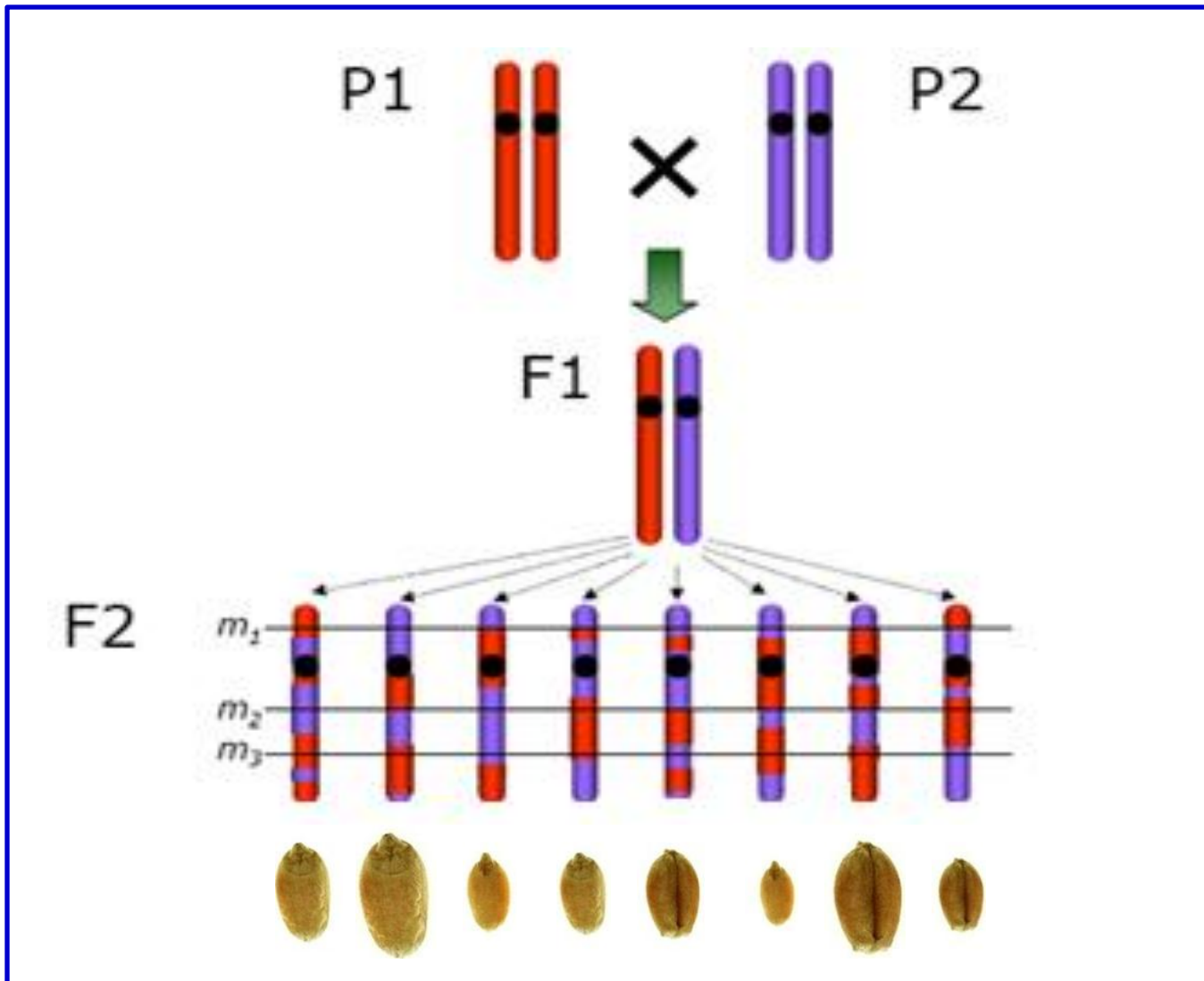
Analisi genetica dei caratteri quantitativi mediante marcatori molecolari

ANALISI QTL

Procedura che consente di determinare:

- Numero e localizzazione cromosomica dei geni che controllano il carattere quantitativo
- Effetto fenotipico di ciascun gene
- Interazioni tra geni nell'espressione del carattere quantitativo

Co-segregazione dei geni che controllano il carattere quantitativo e uno o più marcatori molecolari



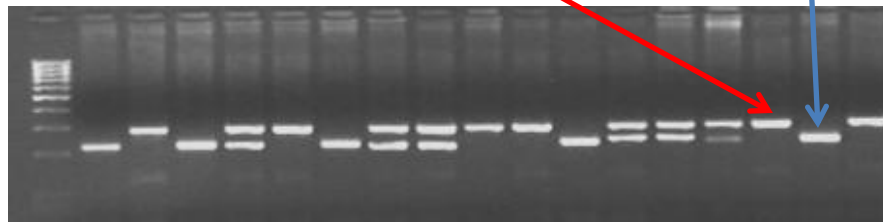
Associazione carattere qualitativo-marcatore

Carattere semplice (qualitativo)



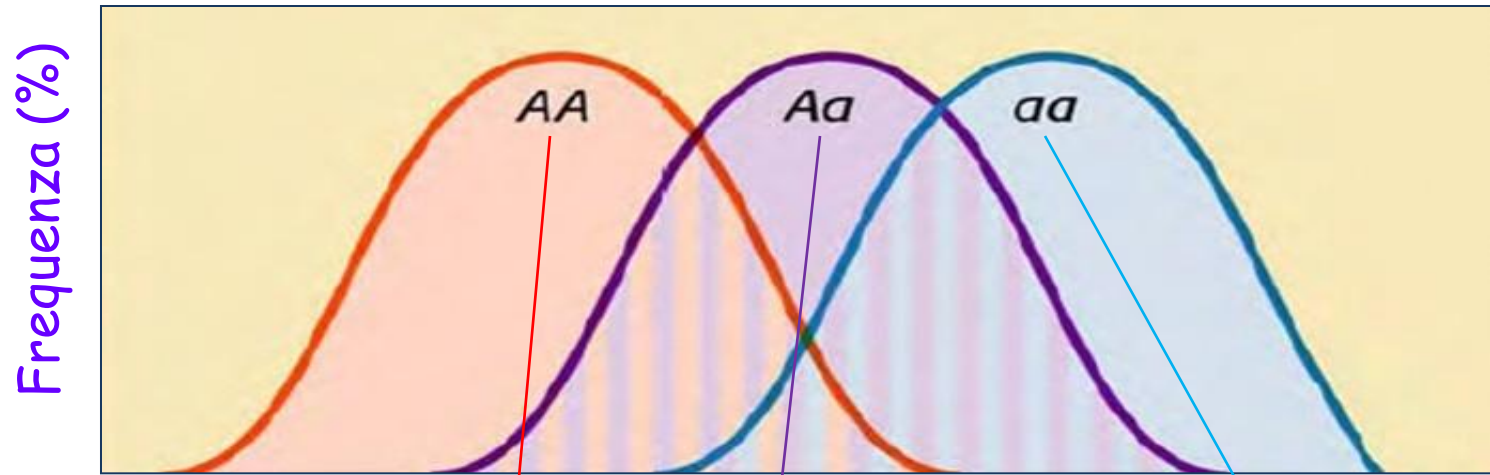
Dati fenotipici di una popolazione segregante per resistenza -suscettibilità all'oidio

Associare il carattere desiderato con un marcatore



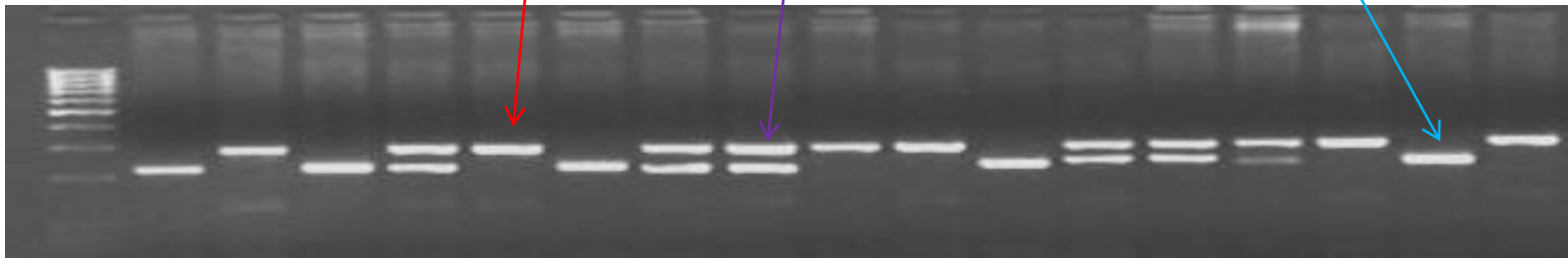
Dati genotipici di una popolazione segregante

Associazione carattere quantitativo-marcatore (Analisi QTL)



Carattere quantitativo

P1 P2 aa Aa AA aa Aa Aa AA AA aa Aa Aa Aa AA aa AA



Identificazione di varianti alleliche di caratteri utili mediante "mappatura per associazione"

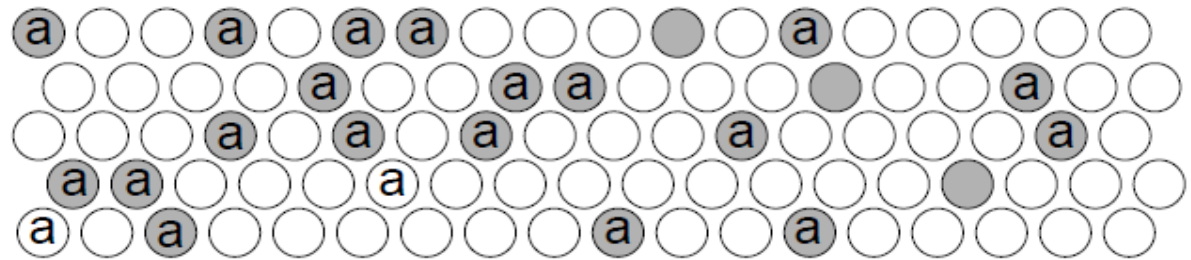
Collezione



Analisi fenotipica

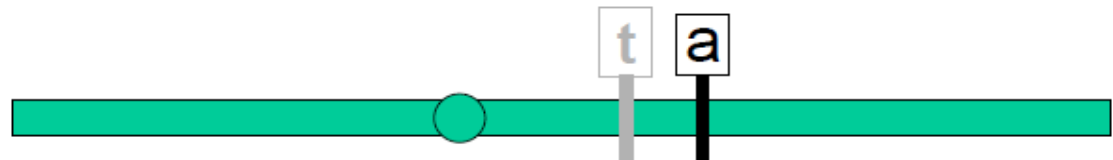
+

Analisi marcatori

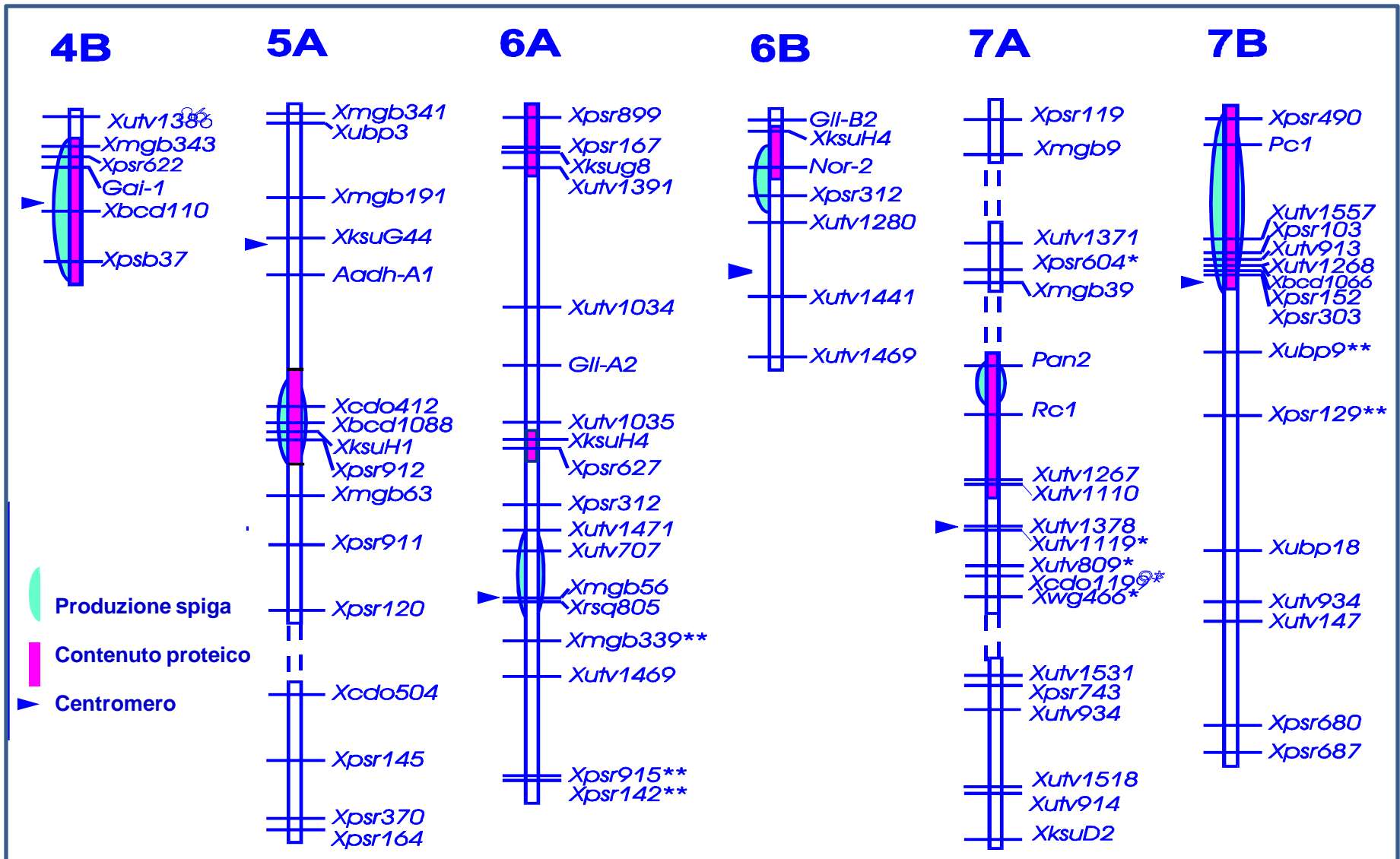


a = Genotipo (marcatore)
● ○ = Carattere

Associazione
marcatore-
carattere



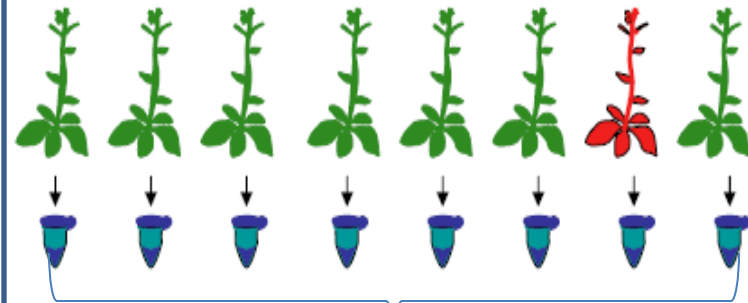
Mappe genetiche: localizzazione di geni per caratteri utili



Identificazione di variazioni molecolari (SNP) di caratteri utili mediante (eco)TILLING

(Targeting Induced Local Lesions IN Genomes)

- COLLEZIONI DI GERMOPLASMA
- POPOLAZIONI MUTAGENIZZATE



Pool DNA

PCR

Primer specifici del gene + due differenti fluorocromi

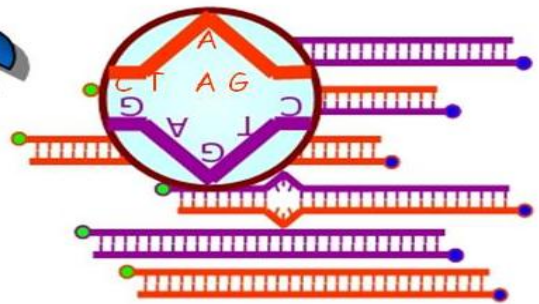
Conoscenza sequenza genica



Denaturazione
Rinaturazione

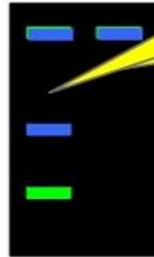


+ CEL I



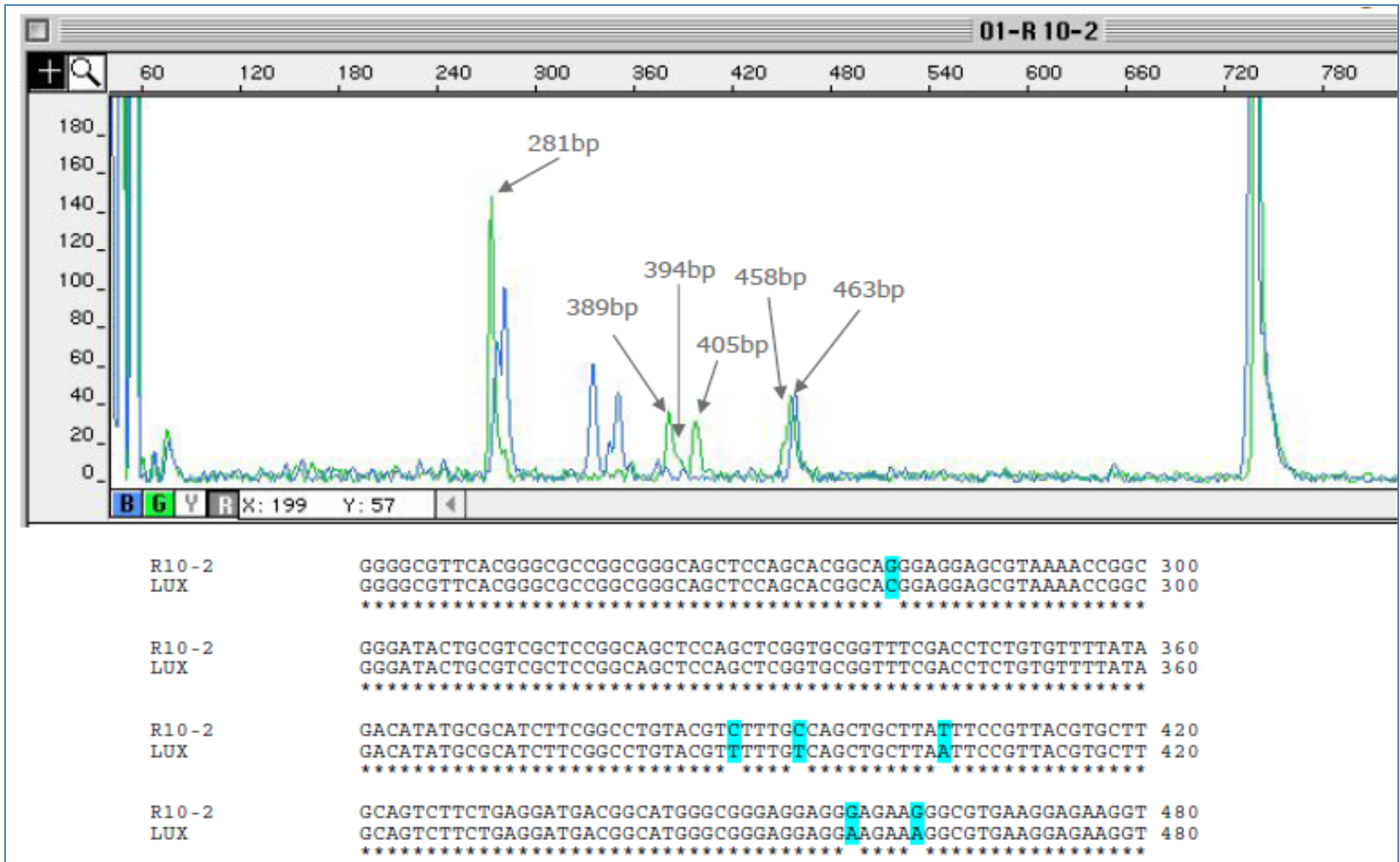
DNA 1 and 2 differenti

Gel-electrophoresis



Identificazione di SNP mediante ecoTILLING

Dhn genes code for the Dehydrin stress proteins.



Gene candidato

- Gene candidato: gene coinvolto nell'espressione di uno specifico carattere
- Geni per la biosintesi di specifici composti in una specie possono assolvere la stessa funzione in altre specie
- Elevata conservazione dei geni tra specie vegetali



Riso

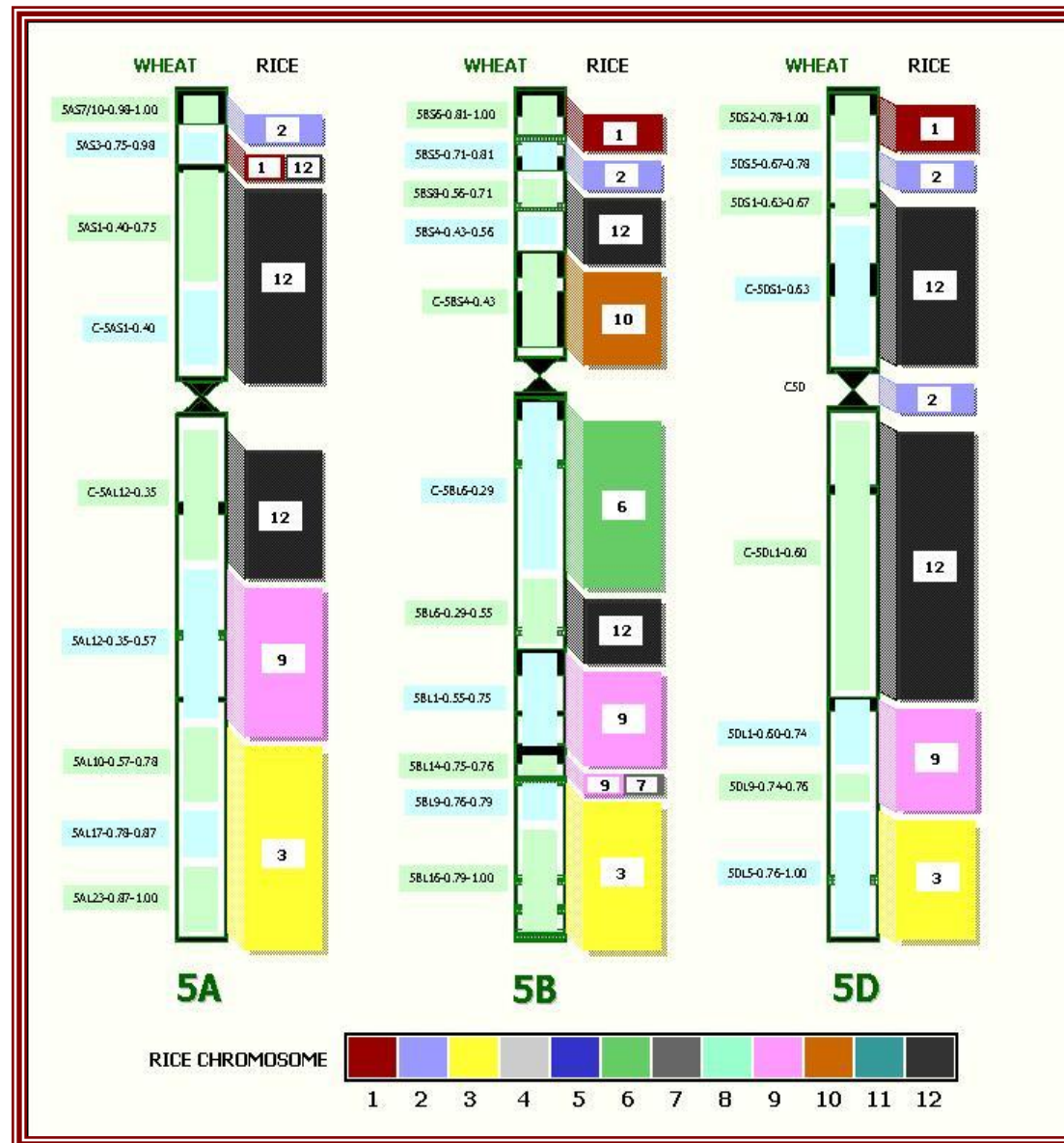


Grano

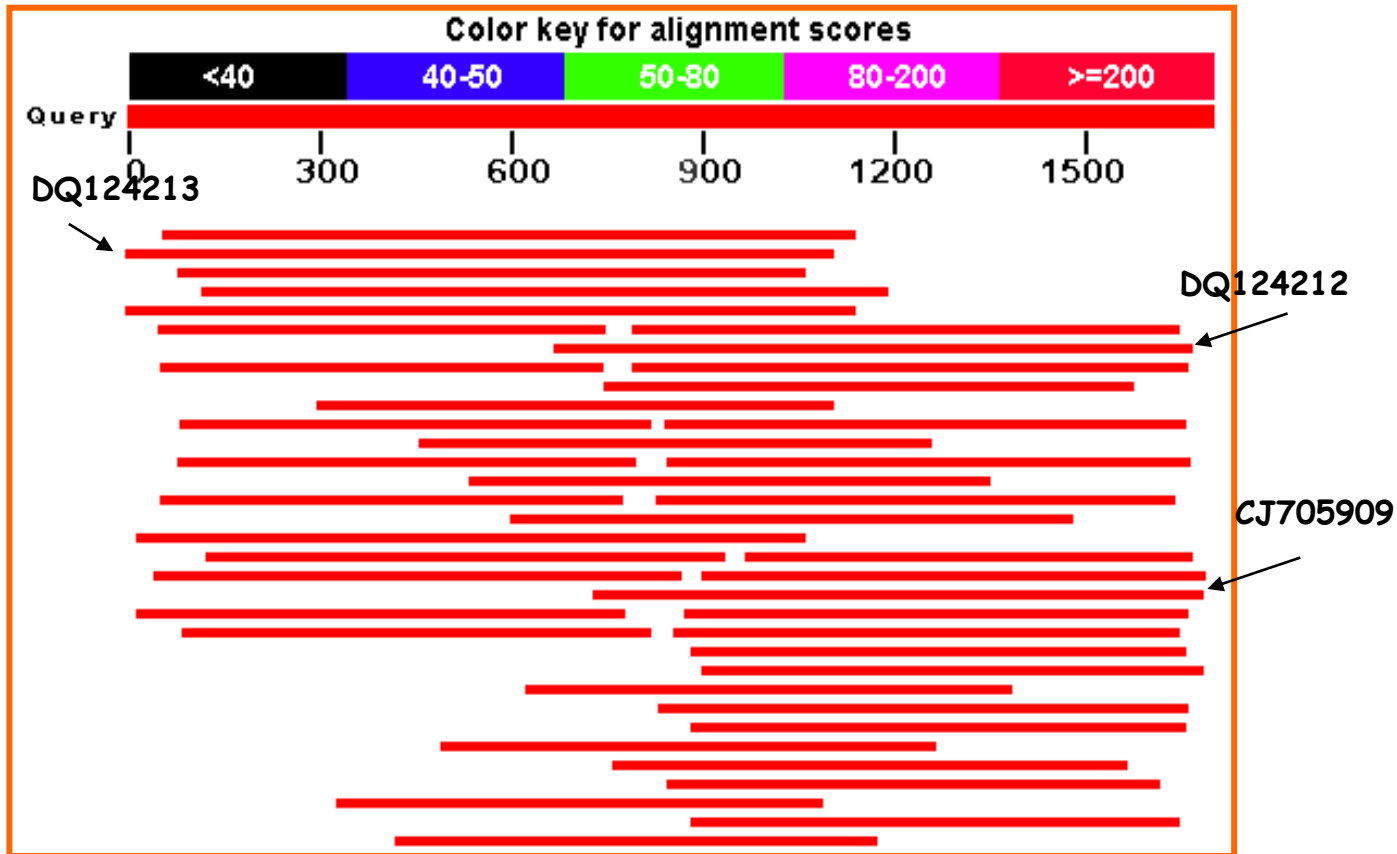


Mais

Corrispondenze tra genomi di specie diverse a livello molecolare (Sintenia)



Ricerca di sequenze di frumento ad elevata similarità con il gene *GS* nei database internazionali e sviluppo di marcatori



Riso



Grano

Variazioni nucleotidiche dei geni *Gs2-A2* e *Gs2-B2* (glutamina synthasi) nelle varietà Svevo e Ciccio di frumento duro

GS2-A2-Ciccio	AGCCCGCGGGCAGGGTGTGGGGCGTCAGGAGGACCGCCCGCGCCACCTCCGGCTTCAACT	840
GS2-A2-Svevo	AGCCCGCGGGCAGGGTGTGGGGCGTCAGGAGGACCGCCCGCGCCACCTCCGGCTTCAA--	838
GS2-A2-Ciccio	TCAAGGTGCTGGCCCTCGGCCCGGAGACCACCGGCGTCATCCAGAGGATGCAGCAGCTGCT	900
GS2-A2-Svevo	---GGTGCTGGCCCTCGGCCCGGAGACCACCGGCGTCATCCAGAGGATGCAGCAGCTGCT	895
GS2-A2-Ciccio	CGACATGGACACCACGCCCTTCACCGACAAGATCATCGCCGAGTACATCTGGTACGCGCG	960
GS2-A2-Svevo	CGACATGGACACCACGCCCTTCACCGACAAGATCATCGCCGAGTACATCTGGTACGCGCG	955

GS2-B2-Ciccio	GTGTTCTTCCGGGATGAGCAGTCATTTTTCTCCACAAGTTTAGGGGATGAGCAGT-----	1015
GS2-B2-Svevo	GTGTTCTTCCGGGATGAGCAGTCATTTTTCTCCACAAGTTTAGGGGATGAGCAGTCATTT	1020
GS2-B2-Ciccio	-----TGACTGCAGAGTATTGTTTCTCTACTTCCTAT	1047
GS2-B2-Svevo	TTCTCCACAAGTTTAGGGGATGAGCAGTTGACTGCAGAGTATTGTTTCTCTACTTCCTAT	1080
GS2-B2-Ciccio	TTTTGCTACTGACAAGAAAATGCAATGCTACTGTTTCAGACGATTTCGAAGCCAGTGGAG	1107
GS2-B2-Svevo	TTTTGCTACTGACAAGAAAATGCAATGCTACTGTTTCAGACGATTTCGAAGCCAGTGGAG	1140

Identificazione e selezione di varietà superiori

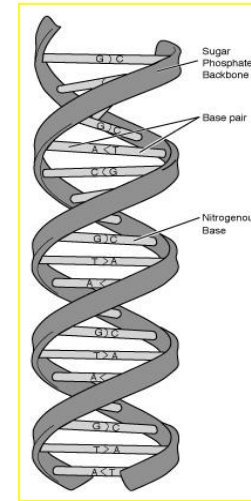
Bioteχνologie classiche



Selezione fenotipica

- Valutazione di migliaia di individui per numerosi anni in diverse località
- Difficoltà di identificare i genotipi superiori a causa dell'influenza dell'ambiente

Bioteχνologie molecolari



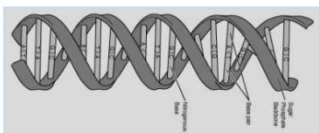
Selezione genotipica

- Nessuna influenza dell'ambiente
- Rilievi rapidi in laboratorio

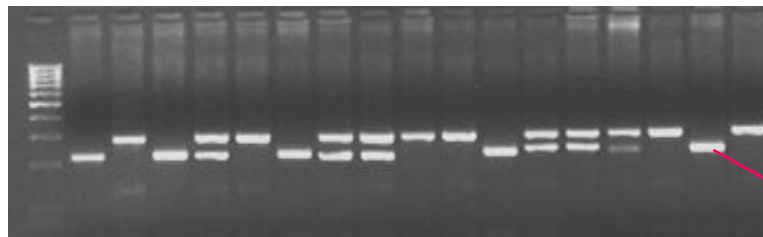
SELEZIONE ASSISTITA DA MARCATORI MOLECOLARI (MAS)



Prelievo foglioline



Estrazione DNA



Analisi DNA



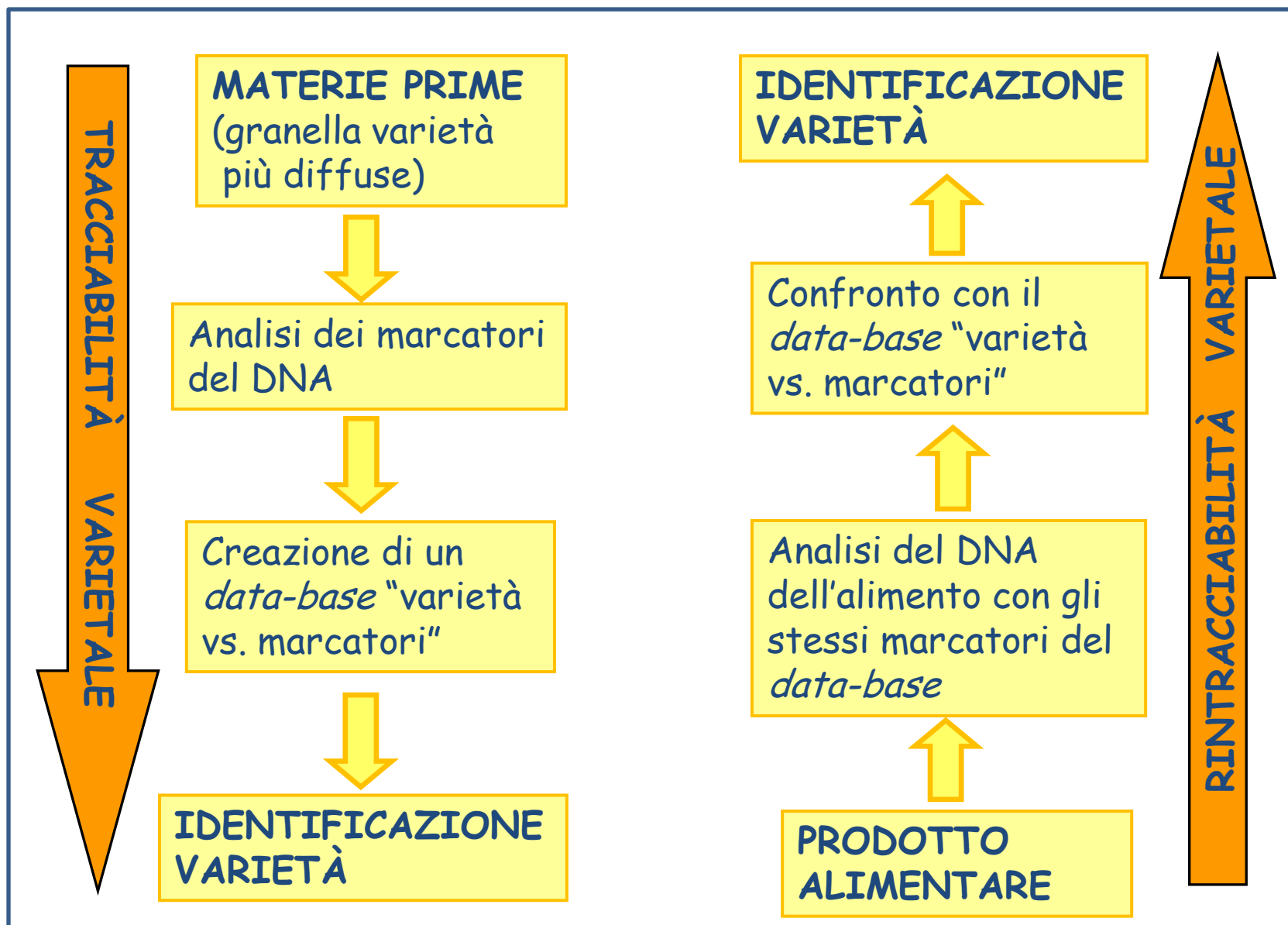
Piante resistenti a malattie



Genotipi resistenti

Genotipi suscettibili

Diversità genetica e tracciabilità alimentare



Qualità e tracciabilità alimentare nella filiera del frumento duro



• **DPR 187/2001** vieta la fabbricazione di pasta secca con sfarinati di grano tenero; è tollerata la presenza accidentale di grano tenero in misura non superiore al 3% nella pasta di semola.



Paste italiane



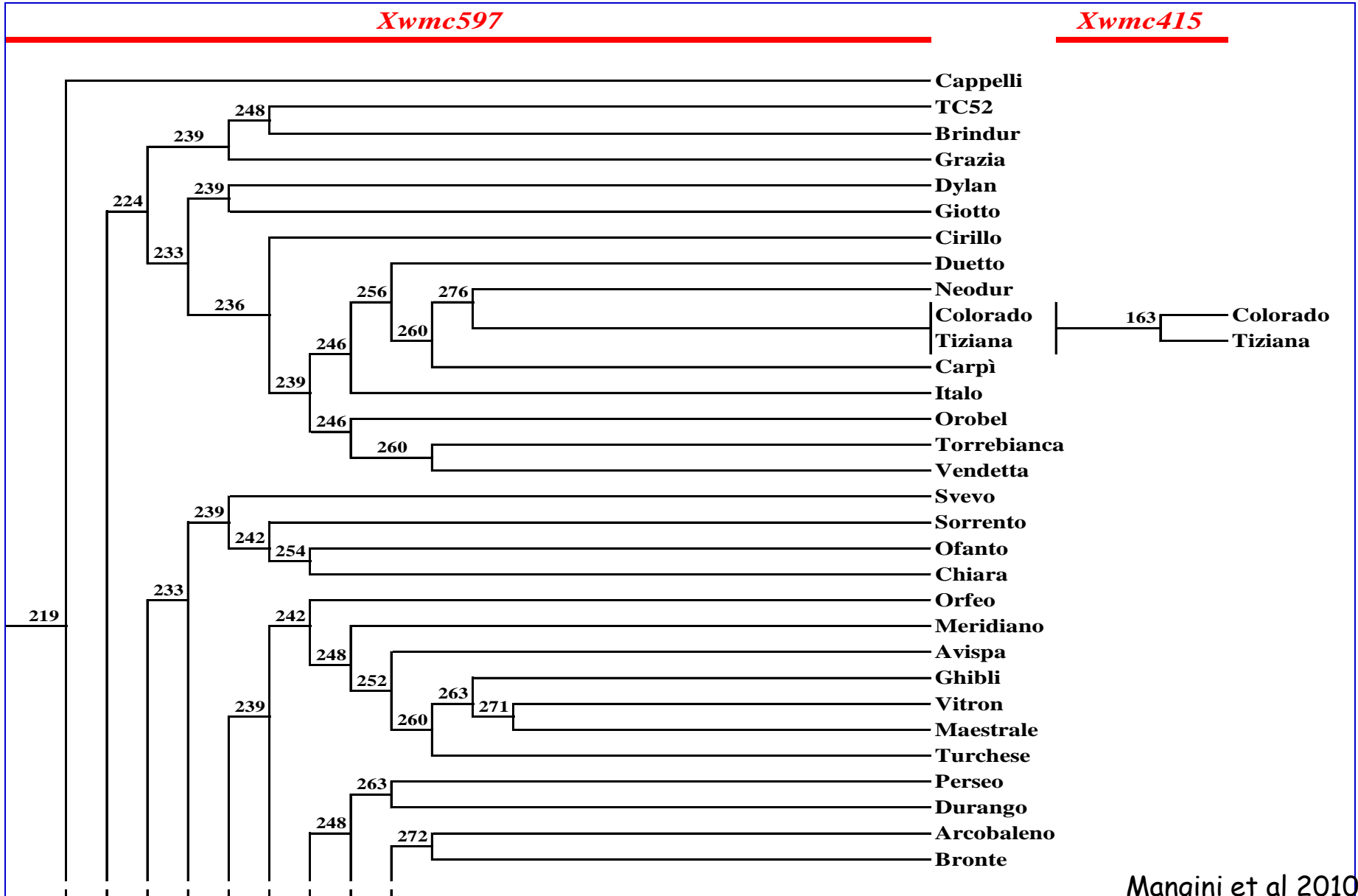
Pane di Altamura DOP

Il «**Pane di Altamura**» è un prodotto ottenuto da semole di grani duri delle varietà Appulo, Arcangelo, Duilio e Simeto prodotte nel territorio delimitato nel disciplinare di produzione, da sole o congiuntamente in ragione almeno dell'80%.

Identificazione di 80 varietà di frumento duro mediante due marcatori SSR.

Xwmc597

Xwmc415



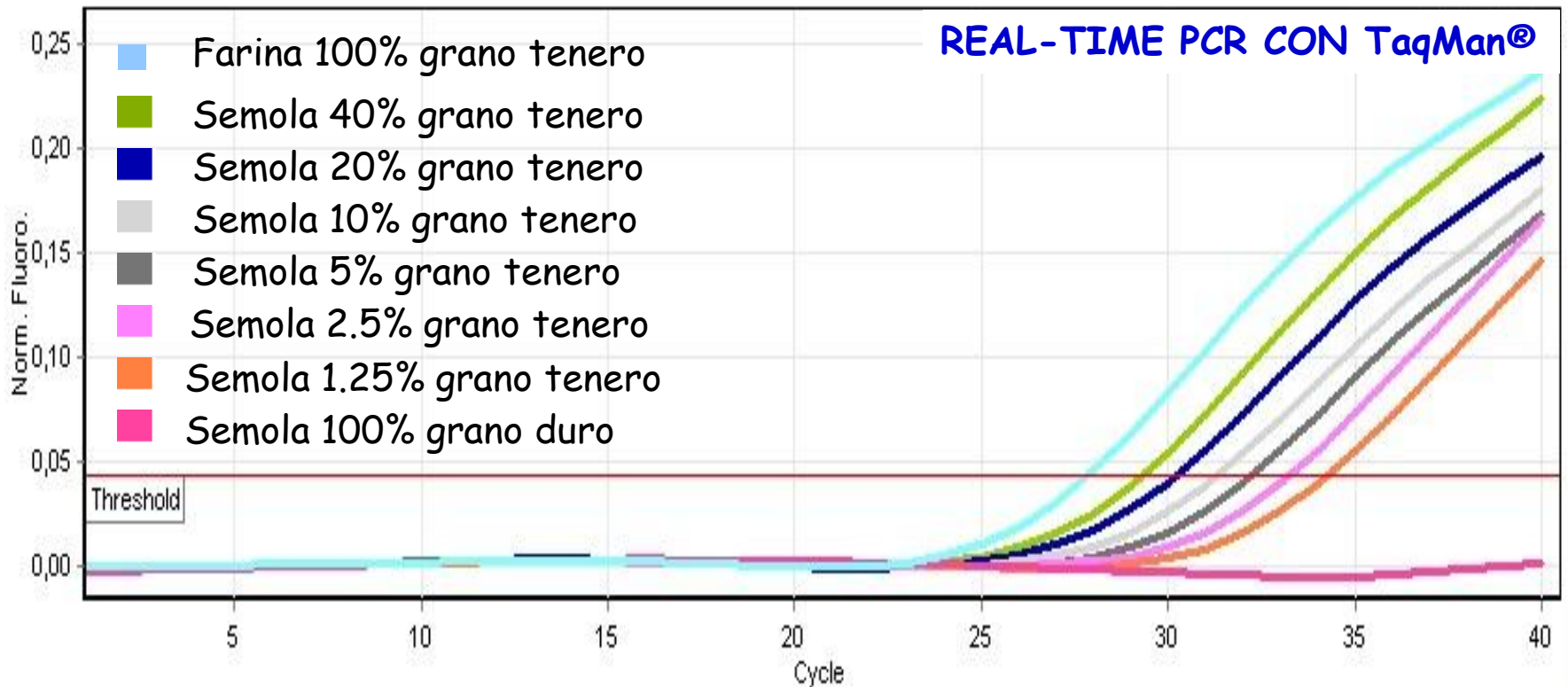
LA TRACCIABILITA' NELLA FILIERA CEREALICOLA



Paste italiane



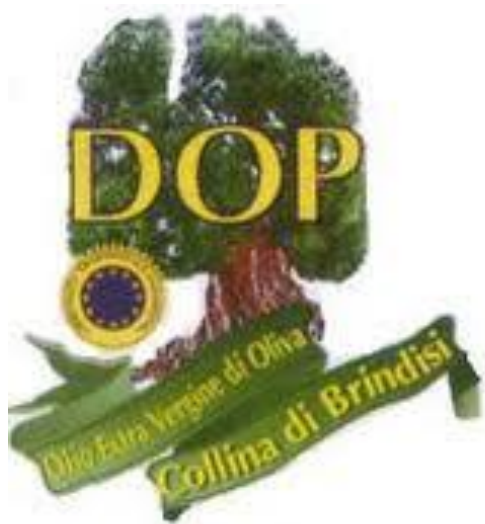
Pane di Altamura DOP



Qualità e tracciabilità nella filiera olivicola

Commercializzazione di materiale rispondente alle caratteristiche varietali (Certificazione varietale)

Tracciabilità (dalla pianta all'olio) e rintracciabilità (dall'olio alla pianta)



Tutela del consumatore dalle possibili frodi alimentari con la "certificazione di prodotto"

Tutela e valorizzazione dei marchi DOP

CHIAVE IDENTIFICATIVA DI VARIETA' DI OLIVO

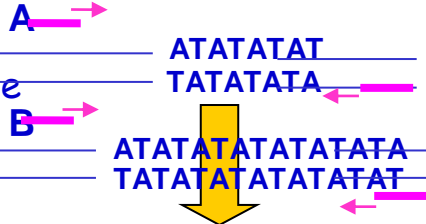
Marcatori microsatelliti

Estrazione del DNA

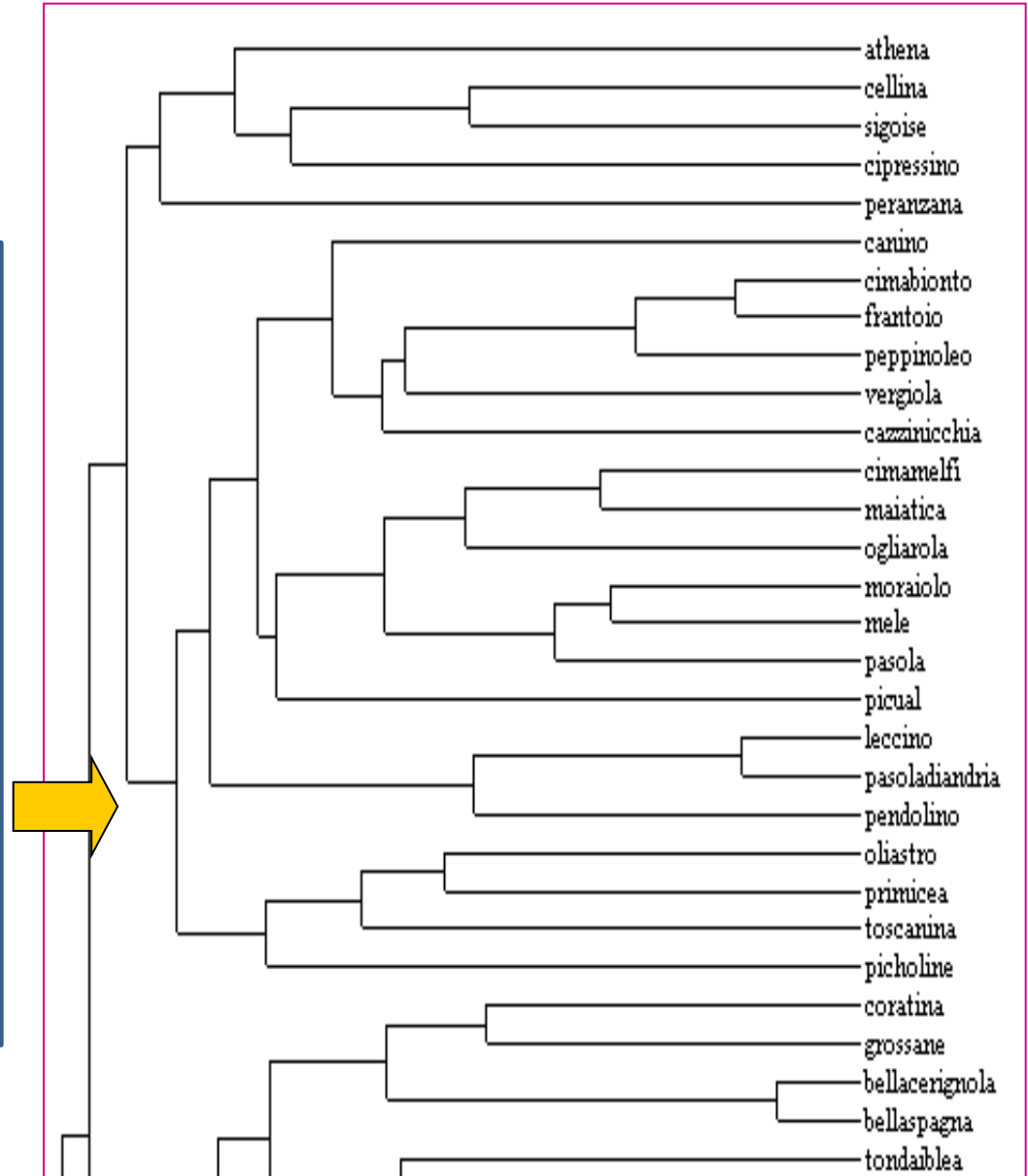
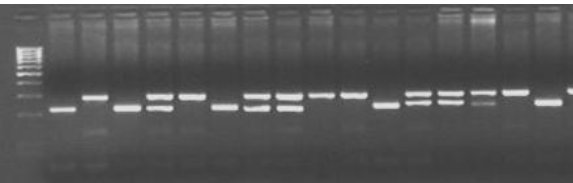


A B

Primer
specifici



Elettrofores





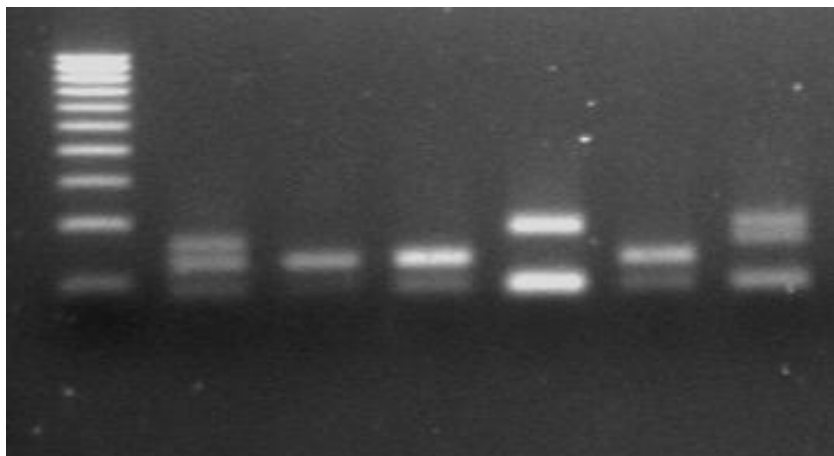
BIODIVERSITA' E TUTELA OLI D'OLIVA DOP

**OLIO DOP
"COLLINA DI BRINDISI"**

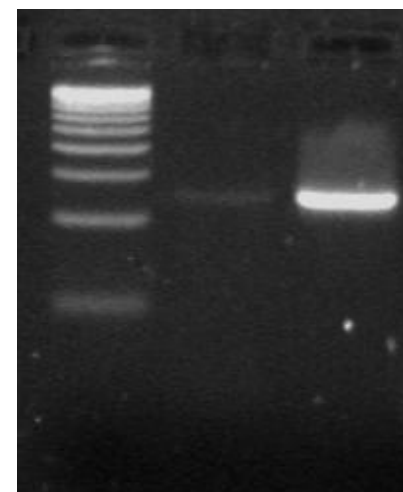
OGLIAROLA (minimo 70%)
CELLINA DI NARDO', FRANTOIO, CORATINA
LECCINO, PICHOLINE (max 30%)

Estrazione del DNA da olio e analisi con marcatori microsatelliti

Marker
Frantoio
Leccino
Cellina di Nardò
Picholine
Coratina
Ogliarola



Marker
DNA olio DOP
DNA MIX Varietà





Grazie per l'attenzione