

Ecco il genoma del grano nuovi orizzonti per la filiera

Durum wheat genome: new perspectives for

«OPPORTUNITÀ
UNICHE PER
CREARE ALIMENTI
INNOVATIVI
E PREVENIRE
MALATTIE
CRONICHE»

«NEW OPPORTUNITIES
FOR INNOVATIVE FOOD
ABLE TO PREVENT
DISEASES»



ENGLISH SUMMARY

The durum wheat genome is **four times bigger** than the human genome. After long research, the **international consortium** for the durum wheat genome sequencing announced that the **production and assembly of sequencing data** have been completed.

Roberto Tuberosa, the coordinator of the research work carried out at the **Bologna University**, says that «the impact of this project in terms of applications will increase the **competitiveness of the pasta supply chain** and consumers will be offered **healthier** food that can prevent several chronic



diseases. Moreover, the availability of the sequence will better explain the evolution and the origin of pasta wheat, thus offering unique opportunities to harness the genetic

biodiversity of **ancient wheats**. Therefore, this project offers new opportunities in order to develop more **profitable** and **ecologically sustainable** wheat cultivars.

duro: della pasta

pasta value chain



di **Luigi Cattivelli***, **Aldo Ceriotti****, **Roberto Tuberosa*****

*Centro di Ricerca per la Genomica vegetale, CREA, Fiorenzuola d'Arda

**Istituto di Biologia e Biotecnologia agraria, CNR, Milano

***Laboratorio di Genomica dei cereali, Dipartimento di Scienze agrarie, Università di Bologna

Lil genoma del frumento duro è quattro volte più grande di quello umano. Dopo un lungo lavoro di ricerca, il consorzio internazionale per il sequenziamento del genoma del frumento duro ha annunciato di aver completato la raccolta e l'assemblaggio dei dati di sequenza.

Roberto Tuberosa, coordinatore delle ricerche condotte all'Università di Bologna, osserva che «le ricadute applicative di questo progetto aumenteranno la competitività della filiera della

pasta e consentiranno di offrire al consumatore alimenti più salubri e in grado di prevenire varie malattie croniche. La disponibilità della sequenza consentirà, inoltre, di capire meglio l'evoluzione e l'origine del frumento da pasta e offrirà opportunità uniche per valorizzare al meglio la biodiversità genetica dei frumenti antichi». Il completamento di questo progetto offre, quindi, nuove possibilità per sviluppare una cerealicoltura più redditizia ed ecosostenibile.

the Institute of agricultural Biology and Biotechnology (CNR, Milan) and Roberto Tuberosa from the University of Bologna. Moreover, other participants took part in this initiative: **Luciano Milanese**, **Alessandra Stella** and **Gabriella Sonnante** from the National Research Council (CNR), **Marco Maccaferri** and **Silvio Salvi** (University of Bologna), **Nicola**

Pecchioni from CREA and other researchers from all over the world, among which **Curtis Pozniak** from the University of Saskatchewan (Canada), **Assaf Distelfeld** from the University of

Tel Aviv (Israel), **Nils Stein** and **Martin Mascher** from IPK (Germany) and **Hikmet Budak** from the University of Montana (Usa).

The research was carried out by **Genomix4Life**, a spin-off of the University of Salerno and **NRGene**, a world leading Israeli company in sequencing and assembling genomes.

The article reports some details of the study. Recent progress in the sequencing and **editing of durum wheat genome** are summed up and benefits for the agri-food value chain are analyzed. ■

This result could be achieved through the teamwork coordinated by **Luigi Cattivelli** of the Council for agricultural research and economics (CREA), with the involvement of **Aldo Ceriotti** from



PERTEN

Il risultato è frutto di un lavoro di squadra coordinato da Luigi Cattivelli del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA), con la partecipazione di Aldo Ceriotti dell'Istituto di Biologia e Biotecnologia agraria (CNR, Milano) e di Roberto Tuberosa dell'Università di Bologna. Inoltre, hanno preso parte all'iniziativa: Luciano Milanese, Alessandra Stella e Gabriella Sonnante del Consiglio nazionale delle Ricerche (CNR), Marco Maccaferri e

Silvio Salvi (Università di Bologna), Nicola Pecchioni del CREA e altri ricercatori da tutto il mondo, tra cui Curtis Pozniak dell'Università di Saskatchewan (Canada), Assaf Distelfeld dell'Università di Tel Aviv (Israele), Nils Stein e Martin Mascher dell'IPK (Germania) e Hikmet Budak dell'Università del Montana (Usa).

Oltre alle istituzioni scientifiche, il lavoro ha coinvolto Genomix4Life, spin-off dell'Università di Salerno che ha prodotto le sequenze grezze, e NRGe-

ne, azienda israeliana leader a livello mondiale nell'assemblaggio delle sequenze dei genomi. Da parte italiana il progetto è stato finanziato dal CNR, attraverso il Progetto Bandiera Miur "InterOmics", dal CREA e dall'Università di Bologna.

Qui di seguito riportiamo i dettagli dello studio e alcuni spunti di riflessione dei ricercatori dell'équipe che ha sequenziato il genoma.

La Redazione



La competitività di qualunque filiera produttiva dipende strettamente dall'innovazione tecnologica, strumento indispensabile per migliorare la qualità dei prodotti e ridurre i costi di produzione.

Per quanto concerne la filiera agroalimentare, l'innovazione varietale è l'elemento principe per assicurare un maggior reddito all'agricoltore, offrire prodotti più salubri al consumatore e diminuire l'impatto sull'ambiente.

«LA COMPETITIVITÀ DELLA FILIERA PRODUTTIVA DIPENDE DALL'INNOVAZIONE TECNOLOGICA»

Un fattore importante per accelerare l'innovazione varietale è rappresentato dal sequenziamento dei genomi, alla base di diverse applicazioni, fra cui l'editing del genoma, una tecnologia di miglioramento genetico in-

trodotta di recente ma di grande potenzialità. Questo articolo riassume i recenti progressi nel sequenziamento e nell'editing del genoma del frumento duro e analizza i benefici che ne deriveranno per la filiera agroalimentare.

Dna e caratteristiche delle piante

Il Dna contiene le informazioni che regolano le funzioni necessarie per il ciclo vitale di ogni essere vivente. Nel caso delle piante coltivate, queste funzioni controllano anche importanti caratteri agronomici che sono oggetto di selezione, quali l'epoca di fioritura, la resistenza a malattie e a stress ambientali, la potenzialità produttiva, la qualità molitoria e gli aspetti nutrizionali. Poiché i caratte-

ri che rendono una varietà diversa dall'altra sono basati su differenze, più o meno marcate, del loro Dna, è evidente l'interesse a conoscere meglio, tramite il sequenziamento, il Dna delle piante coltivate.

Fino a pochi anni fa, le conoscenze sui genomi delle piante coltivate erano limitate e talmente frammentarie da non avere conseguenze pratiche di grande rilievo. I recenti progressi conseguiti nelle tecniche di sequenziamento e nei software bioinforma-



Le basi azotate dei nucleotidi che compongono la molecola di Dna sono: adenina, guanina, citosina e timina



tici, consentono ora di sequenziare e assemblare il genoma con costi, accuratezza e tempi inimmaginabili rispetto a poco tempo fa. Questa possibilità ha già un grande impatto in medicina, consentendo una più efficace prevenzione e cura delle malattie, ma anche in agricoltura, in relazione al miglioramento genetico di specie di grande rilevanza commerciale come riso, mais e soia.

Già oggi la selezione condotta da grandi aziende sementiere utilizza le informazioni derivanti dalla mappatura e dal sequenziamento dei geni per migliorare la performance delle nuove varietà tramite la Mas (Selezione assistita con marcatori) e, più di recente, attraverso l'editing del genoma.

Nella Mas le piante non sono selezionate in base al fenotipo (cioè alle caratteristiche visibili o comunque misurabili), bensì sulla sequenza di frammenti del Dna (i cosiddetti marcatori) limitrofi ai geni che determinano il fenotipo.

MF TECNO

SEVEN



L'editing, invece, si basa su tecniche molecolari molto raffinate che consentono di modificare i geni in maniera mirata e precisa, in modo da variare la funzione e introdurre caratteristiche favorevoli. Per esempio, nel frumento tenero, tramite l'editing del genoma, è stata indotta una resistenza all'oidio non razza specifica. Siamo, quindi, di fronte ad una vera e propria "rivoluzione copernicana" nello studio dei genomi e nell'applicazione di queste conoscenze.

Facciamo ordine

Al momento, il passo tecnicamente più difficile e oneroso per decifrare i genomi, soprattutto se di grandi dimensioni, non è la "lettura" (sequenziamento) dei piccoli frammenti di Dna in cui viene scomposto il genoma di interesse, bensì il corretto assemblaggio dei milioni di brevi tratti di

«IL GENOMA DEL GRANO DURO CONTIENE 12 MILIARDI DI NUCLEOTIDI»

sequenza prodotti dai sequenziatori automatici. È come disporre di tutte le parole contenute in un libro e doverle ordinare tra loro. Conoscere le parole è importante, ma conoscere il loro ordine è essenziale ai fini della comprensione del significato del libro.

Alla base della rivoluzione genomica dell'ultimo decennio ci sono, quindi, due componenti fondamentali: lo sviluppo di strumentazioni estremamente potenti e automatizzate in grado di leggere il Dna in tempi e a costi ridottissimi; e l'enorme progresso nelle attività di bioinformatica per

assemblare correttamente le informazioni e fornire la visione completa del genoma di una singola varietà.

Il genoma del grano

Nonostante siano trascorsi ormai quattordici anni dal primo assemblaggio completo del genoma del riso (il primo cereale a essere sequenziato), solo recentemente è stato possibile assemblare con elevata accuratezza il genoma del frumento. Questo ritardo è dovuto alla sua enorme dimensione e complessità, circa 30 volte maggiore del genoma del riso (se consideriamo il frumento duro, mentre il tenero è addirittura 45 volte superiore). Basti pensare che il genoma del frumento duro contiene 12 miliardi di nucleotidi (le "lettere" che compongono i geni), cioè quattro volte in più di quelli che costituiscono il genoma umano.

CIMBRIA HEID

«POTREMO CREARE VARIETÀ PIÙ RESISTENTI ALLE MALATTIE»

Per sequenziare il genoma del frumento tenero, nel 2006 fu costituito un consorzio internazionale (www.wheatgenome.org) a cui ha partecipato anche l'Italia attraverso un progetto dedicato alla costruzione della mappa fisica (uno strumento preliminare al sequenziamento) del cromosoma 5A.

Per quasi un decennio, l'assemblaggio del genoma del frumento è proseguito lentamente e con costi rilevanti, nonostante l'uso delle più avanzate tecnologie disponibili. Analogamente, per sequenziare il frumento duro nel 2014 è stato costituito un consorzio nazionale, poi allargato a quattro istituzioni straniere. La svolta decisiva è avvenuta quando NRCGene, società di bioinformatica tra le maggiori al mondo nell'assemblaggio delle sequenze dei genomi, ha messo a punto nuovi software che consentono di ottenere in poche settimane un risultato di altissimo livello qualitativo, superiore a quello ottenibile con qualunque altro approccio. La collaborazione tra il consorzio internazionale per il sequenziamento del genoma del frumento duro e NRCGene, formalizzata nel marzo 2016, ha consentito di completare in un solo mese l'assemblaggio dei dati di sequenza prodotti in Italia.

Focus su Svevo

Il genoma sequenziato è quello di Svevo, la prima cultivar selezionata per elevata qualità, prodotta nel 1996 dalla Produttori Sementi Bologna e capostipite di diverse varietà di successo. Nei prossimi mesi il genoma di frumento duro sarà studiato per identificare i geni (si stima che



ASM



siano circa 80 mila) e i marcatori ad essi associati che poi consentiranno di utilizzare la Mas per accelerare il miglioramento genetico.

Tra i caratteri che potranno beneficiare delle informazioni acquisite tramite l'esatta conoscenza della sequenza del genoma, vanno segnalate la resistenza a malattie fungine (come fusariosi, ruggine del grano, ecc.) e le caratteristiche qualitative (contenuto proteico, pigmenti, composizione dell'amido...).

Uno sguardo al futuro

Le ricadute applicative di questo progetto saranno numerose e aumenteranno la competitività della filiera della pasta, consentendo oltretutto di offrire al consumatore alimenti più salubri, per esempio

«CI POTRÀ ESSERE PIÙ GRANO ITALIANO PER L'INDUSTRIA DI TRASFORMAZIONE»

tramite la selezione di varietà più resistenti alla fusariosi e, quindi, con una granella che avrà contenuti inferiori di micotossine.

Un importante obiettivo sarà la selezione di varietà con alti livelli di fibre e di antiossidanti che producano amido a basso indice glicemico, caratteristica in grado di diminuire l'incidenza di importanti malattie croniche come il diabete e le malattie cardiovascolari.

Si potranno poi selezionare frumenti con ridotto contenuto di allergeni e di proteine associate alla celiachia. Inoltre, la disponibilità della sequen-

za consentirà di capire meglio l'evoluzione e l'origine del frumento da pasta e offrirà opportunità uniche per valorizzare al meglio la biodiversità genetica dei frumenti antichi.

Benefici per il grano italiano

Sappiamo che il frumento duro fornisce la materia prima per la produzione di pasta, di cui l'Italia è il primo produttore mondiale. Eppure, circa la metà del frumento duro utilizzato dalla nostra industria alimentare proviene dall'estero, pesando negativamente sulla bilancia dei pagamenti e vanificando la politica del "chilometro

ZANIN

«LA PASTA POTRÀ CONTENERE LIVELLI PIÙ BASSI DI MICOTOSSINE»

zero". Se poi si pensa agli effetti dannosi che i cambiamenti climatici in atto - a cui l'Italia è particolarmente esposta - avranno sulla produzione di frumento a livello nazionale, si intuisce l'importanza di acquisire, grazie alle informazioni fornite dal sequenziamento del suo genoma, una migliore conoscenza dei geni che permettono alla pianta di affrontare le avversità ambientali.

La disponibilità della sequenza del genoma del frumento duro avrà un ruolo determinante per la competitività futura dell'industria sementiera nazionale e, più in generale, della filiera agricola del made in Italy, di cui la pasta è l'emblema più conosciuto.



Progetti e Tecnologie
che lasciano il segno

Soluzioni per lo stoccaggio e la
movimentazione automatica di
cereali, farine e prodotti granulari

info@engevo.it
engevo.it

ENGEVO
ENGINEERING'S EVOLUTION

CAPITANIO



Si tratta di un'occasione unica che, per essere colta, richiederà un lavoro coordinato della ricerca pubblica e privata, con l'obiettivo di offrire all'agricoltura italiana, in tutta la sua diversità, un ventaglio di varietà adatte ai vari ambienti, ai processi di trasformazione e alle esigenze dei consumatori. Sequenziare un genoma può essere considerato un traguardo ma è, soprattutto, un punto di partenza sulla strada del progresso scientifico e tecnologico. ■

*Luigi Cattivelli,
Aldo Ceriotti,
Roberto Tuberosa*

Martina: «Siamo il Paese guida nella ricerca agroalimentare»

Sul traguardo raggiunto in merito al sequenziamento del **genoma del frumento duro**, è intervenuto anche il ministero delle Politiche agricole, alimentari e forestali.

Le conoscenze acquisite, infatti, potrebbero essere fondamentali anche nell'ambito dello studio di malattie o intolleranze connesse al consumo di grano duro come, per esempio, la **celiachia** o la **gluten sensitivity**.

«Il completamento della mappatura del genoma del frumento - ha dichiarato in proposito il ministro **Maurizio Martina** - è il raggiungimento di un traguardo che ci riempie di orgoglio. Grazie ai nostri ricercatori, l'Italia si conferma uno dei Paesi guida nello sviluppo degli studi scientifici nel settore agroalimentare. Un grande ringraziamento va allo staff dei ricercatori del **Crea**, che ha svolto un ruolo molto importante per il conseguimento di questo obiettivo. Si tratta di un punto di partenza fondamentale anche per lo sviluppo di uno dei filoni più importanti del



*Il ministro del Mipaaf,
Maurizio Martina*

nostro piano ricerca da **21 milioni di euro** sulle **biotecnologie sostenibili**, che vede il frumento tra le aree più importanti di intervento. Un piano che punta a tutelare ancora meglio i fondamentali del modello agricolo nazionale: biodiversità e sostenibilità». ■