

In natura anche l'orzo presenta *genome editing*

Publicato su “The Plant Journal” un lavoro che dimostra la grande plasticità del genoma dell’orzo: non solo le mutazioni ma anche la presenza/assenza di larghi tratti di dna spiega la diversità genetica in orzo

Quanti geni possiede una pianta coltivata? La domanda dovrebbe essere banale in un’epoca dove le tecnologie di sequenziamento hanno fatto passi da gigante e sequenziare una specie è un lavoro alla portata di molti centri di ricerca. Tuttavia, proprio l’analisi dei molteplici dati di sequenziamento disponibili sta rivelando la grande plasticità dei genomi. Il numero di geni non è un valore costante in tutte le varietà di una specie, ma sempre più spesso si osserva che varietà diverse differiscono tra loro per larghi tratti di DNA capaci di contenere svariati geni.

Nell’ambito del progetto Europeo WHEALBI, un lavoro coordinato da Agostino Fricano, ricercatore del CREA centro di ricerca Genomica e Bioinformatica e svolto in collaborazione con l’Università degli Studi di Milano, il PTP Science Park, un istituto scozzese (James Hutton Institute) ed uno tedesco (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research), ha analizzato i dati di sequenziamento parziale di circa 400 tra popolazioni locali, varietà antiche e moderne di orzo dimostrando come le diverse varietà differiscano tra loro per la presenza o assenza di larghi tratti di DNA.

Il lavoro ha comportato il sequenziamento della parte espressa (i geni) di tutte le varietà ed il loro confronto con una varietà di riferimento per la quale è disponibile la sequenza dell’intero genoma. I risultati pubblicati sulla rivista scientifica *The Plant Journal*, hanno evidenziato circa 15.000 tratti di DNA presenti solo in alcune delle varietà analizzate ed assenti in altre, oppure presenti in una copia in alcune varietà ed in più copie in altre (un fenomeno noto come *copy number variation-CNV*). Questi dati dimostrano l’incredibile plasticità del genoma delle piante coltivate in generale e dell’orzo in particolare ed evidenziano come la diversità genetica all’interno di una specie non è solo frutto di mutazioni nei singoli geni ma anche di frequenti eventi di delezione o duplicazione.

“Fino a pochi anni fa si pensava che la diversità genetica e quindi le differenze tra le varietà di una specie, fossero dovute principalmente a variazioni tra singole basi del DNA (i polimorfismi a singolo nucleotide o SNP), spiega Agostino Fricano. Le tecnologie di sequenziamento massivo applicate alle specie coltivate ci hanno permesso rilevare l’ampia diffusione della presenza/assenza di larghi tratti di DNA e di dimostrare che geni con specifiche funzioni sono più inclini a possedere variazioni del numero di copie.”

“Le analisi delle sequenze di ampie collezioni di germoplasma ci stanno insegnando molto sulla storia delle piante coltivate” commenta Laura Rossini del Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali della Statale di Milano, che ha coordinato il lavoro di sequenziamento in collaborazione con il PTP *“Per esempio la variazione delle copie di particolari geni può permettere alla pianta di adattarsi a differenti condizioni ambientali”.*

“In un’epoca dove l’inserimento di un singolo gene in una varietà crea problemi di public acceptance sapere che le popolazioni naturali o le varietà che già coltiviamo differiscono per presenza/assenza di larghi tratti di DNA è un perfetto esempio di come la natura sia molto più

flessibile di quanto comunemente si creda”, afferma Luigi Cattivelli, direttore del Centro di ricerca per la genomica e Bioinformatica

MILANO // PTP

Il lavoro dal titolo "*Segmental duplications are hot spots of copy number variants affecting barley gene content*" è disponibile a questo link: