

La scienza e le biotecnologie vegetali saranno pronte per assicurare alimenti alla popolazione mondiale del 2050?

DOI 10.12910/EAI2015-025

A.M. Stanca

Introduzione

In cinque grandi centri di origine, 12.000 anni or sono, intorno a orzo, frumento, mais, riso, la specie umana inventa la più importante attività che ci ha accompagnato nella nostra storia evolutiva e ci accompagnerà all'infinito: l'agricoltura. Cosa era successo in quel preciso momento? C'è stato un passaggio di era, dal tardo paleolitico (uomo cacciatore-raccoglitore) al neolitico, durante il quale l'uomo/donna mette a punto la tecnologia per coltivare piante che già usava nella sua dieta, perché presenti nell'ambiente circostante, si nutre dei loro prodotti ed evita così di esercitare esclusivamente l'attività pericolosa della caccia.

È interessante che questa innovazione si sia sviluppata indipendentemente nei diversi centri di origine e probabilmente determinata da un unico evento: si stava concludendo l'ultima glaciazione. Mano a mano che i ghiacciai si ritiravano, nuove specie erbacee e arboree si svilupparono e le abitudini alimentari cambiarono radicalmente. Le graminacee progenitori di orzo, frumento, mais e riso diventarono le più frequenti nella flora spontanea e vennero usate dal cacciatore-raccoglitore tal quali prima e coltivate poi. La disponibilità di cibo e di nuove terre a seguito del ritiro di ghiacciai favorirono l'espansione della popolazione umana, che raggiunse circa 5.000.000 di persone su tutto il pianeta (Cavalli Sforza 2005).

Per praticare l'agricoltura l'uomo addomestica la specie che più gli assicura il maggior rendimento, e da quel momento la protegge dalla competizione con le altre specie: la sottrae quindi alla selezione naturale e dà avvio alla Rivoluzione Neolitica. Tutto ciò si realizza nella Mezzaluna Fertile, regione nella quale la civiltà compie i primi passi intorno a frumento e orzo e in cui nello stesso tempo vengono applicate tutte le tecnologie innovative via via sviluppate.

Nella aree circostanti la Rivoluzione Neolitica non si è ancora diffusa. È stato messo in evidenza che l'assenza di progenitori selvatici di orzo e frumento in Europa ha fatto sì che l'agricoltura raggiungesse i Paesi scandinavi con un ritardo di 4000 anni. La diffusione di questa tecnologia, partendo dalla Mezzaluna, è stata calcolata pari a 1,1 km/anno (Cavalli-Sforza 2005). Anche l'Italia non ha conosciuto un neolitico indigeno, ed è stata colonizzata seguendo due principali vie: il Mediterraneo e il Danubio, attraverso la Svizzera.

L'abbondanza di alimenti stimolò nell'uomo del neolitico la ricerca di un sistema di conservazione dei prodotti agricoli: l'uomo impara a cuocere l'argilla e a costruire i primi grandi vasi di terracotta proprio per la conservazione delle granaglie e dei liquidi. Questa tecnologia, benché nata in ritardo di qualche millennio rispetto all'agricoltura, si sviluppò molto più velocemente tra

le diverse popolazioni. Proprio in questa seconda fase si scoprono, casualmente, anche i primi prodotti trasformati: birra e pane. Questa “tranquillità” alimentare favorì ulteriormente l’incremento demografico, che a sua volta ha favorito le migrazioni verso nuove terre sino alla formazione delle prime città.

L’orzo e il frumento selvatici a quel tempo coltivati avevano la caratteristica di disperdere i semi: la spiga a maturazione si disarticolava ad ogni nodo del rachide, lasciando cadere

i singoli chicchi in posizioni diverse sul terreno, così favorendo la crescita e maturazione delle nuove piante, avvantaggiate in ecosistemi naturali nella competizione con altre specie. Se dal punto di vista evolutivo questa strategia sviluppata dalla pianta rappresentava una valvola di sicurezza per la sopravvivenza della specie, dal punto di vista della produzione di cibo costituiva un punto debole, portando alla perdita totale del raccolto per effetto di improvvise calamità naturali (vento, pioggia). Il più grande salto scientifico-tecnologico si ebbe quando tra le piante di orzo selvatico si scoprì una spiga non fragile. Fu la prima trasformazione genetica utile registrata nella storia, che certo avrà provocato scontri tra le diverse posizioni: progressisti per la “spiga non fragile”, conservatori a favore della “spiga fragile”. Vinsero i progressisti, e da quel momento cominciò ad evolversi tutta una nuova tecnologia per la raccolta, la trebbiatura e la conservazione del prodotto.

La genetica che sottende questo carattere fondamentale della domesticazione è stata recentemente chiarita. In orzo, i due geni responsabili del carattere “spiga non fragile” sono *Btr1* and *Btr2*, strettamente associati sul cromosoma 3H, mentre in frumento svolgono un ruolo maggiore *brittle rachis 2 (Br-A1)* e *brittle rachis 3 (Br-B1)*, rispettivamente posizionati sul braccio corto dei cromosomi 3A e 3B. Nell’insieme, sembra che in tutte le *Triticaceae* siano presenti questi geni come gruppo di ortologi che controllano la disarticolazione in diversi punti della spiga. Un altro esempio è il gene *sh4* di riso, che codifica per un fattore trascrizionale responsabile della formazione del tessuto di abscissione alla base del peduncolo che regge il granello sulla pannocchia di riso. Nel riso coltivato la mutazione di un singolo nucleotide, che determina la sostituzione di una Lisina con una Asparagina, è sufficiente per ridurre lo sviluppo del tessuto di abscissione in modo tale da impedire la caduta spontanea dei semi, consentendo tuttavia il distacco dei semi a seguito di sollecitazione meccanica (trebbiatura).



Figura 1
Spiga di orzo (*Hordeum spontaneum*), caratterizzato da rachide fragile che, disarticolandosi alla maturazione, consente la dispersione dei semi
Foto: R. Alberici



Figura 2
Frutti e foglie di oleastro (*Olea europaea* sbsp. *sylvestris*) e di varietà coltivate da olio (*Olea europaea* sbsp. *sativa* - varietà Cellina di Nardò)
Cortesia di A.M. Stanca et al.

Nel processo di addomesticamento una caratteristica tenuta in gran conto è stata la dimensione dei frutti. Uno degli esempi più significativi è la transizione dalla forma selvatica -oleastro- ad olivo coltivato da olio, che si caratterizza per l’incremento notevole delle dimensioni della drupa, processo verosimilmente controllato da poche mutazioni semplici (Figura 2).

Una profonda modifica dell’architettura della pianta e della morfologia della spiga del mais è stata causata dal gene *Teosinte branch1 (Tb1)* che controlla lo sviluppo delle gemme laterali, determinando nel progenitore selvatico del mais (il teosinte) lunghe ramificazioni laterali terminanti con una infiorescenza maschile e numerosi germogli basali, caratteristiche assenti nel mais coltivato. *Tb1* codifica per un fattore trascrizionale che

agisce da repressore dello sviluppo dei germogli laterali, imponendo una dominanza apicale.

Anche in specie orticole è stato molto evidente l'effetto delle mutazioni su caratteristiche fondamentali dell'architettura della pianta e qualità dei frutti. In pomodoro, significativi sono stati gli effetti di alcuni geni, tra cui *self proning*, che trasforma lo sviluppo della pianta da indeterminato (ininterrotta crescita dell'apice vegetativo) a determinato (la crescita dell'apice vegetativo viene bloccata, ottenendo piante a sviluppo contenuto) e *jointless*, che controlla il sistema di disarticolazione della bacca dal peduncolo.

La bacca di pomodoro può assumere una varietà di colorazioni, che vanno dal giallo pallido al viola intenso, sino alla più recente scoperta dei mutanti a bacca nera: responsabili di questo fenomeno sono mutazioni in geni singoli, quali yellow flesh (giallo), dark green (rosso intenso), green flesh (viola), u (uniformemente verde).

In pisello una mutazione puntiforme al gene *af* determina la trasformazione delle foglie in cirri.

La fase di addomesticamento continuò portando in coltura altre specie come pisello, lenticchia, fico, e parallelamente si cominciarono ad addomesticare gli animali come pecore, capre, bovini, suini e successivamente cavalli. Con l'addomesticamento degli animali, la dieta si diversifica completamente e si completa. I binomi cereali-leguminose, cereali-latte e cereali-carne rappresentano la migliore combinazione nutritiva. Oggi sappiamo perché: la cariossida di un cereale mediamente è composta dal 65-75% di amido, 8-20% di proteine, 3,8% di grassi. La proteina però ha un valore biologico scarso perché carente di due aminoacidi, lisina e triptofano, motivo per cui anche nella dieta moderna i cereali si complementano con altri alimenti ricchi di proteine nobili.

Queste innovazioni tecnologiche provocarono un aumento della quantità di cibo e conseguentemente la crescita della popolazione sulla Terra.

La formazione di Landraces

Dopo la fase iniziale di addomesticamento, l'interazione tra la selezione naturale e una selezione antropica empirica ha portato allo sviluppo di popolazioni adattate ai diversi ambienti di coltivazione, note come *landraces*. Si sono selezionate popolazioni con frutti e semi di dimensioni maggiori, vigore dei culmi, sincronizzazione dei tempi di germinazione e maturazione. Si è stabilito quindi un continuum tra le nuove *landraces* e i loro progenitori selvatici, che ha favorito eventi di introgressione, derivati da incrocio casuale e conservazione di caratteri favorevoli, con specie selvatiche

che imparentate, ma anche eventi di ricombinazione frequenti o sporadici. Tutte le mutazioni accumulate durante la storia evolutiva delle specie selvatiche e addomesticate rappresentano la biodiversità disponibile sul pianeta e quindi un salvadanaio di geni utili. L'importanza della conservazione e valorizzazione del germoplasma vegetale, quale fonte naturale per il mantenimento della biodiversità, è stata definita strategica per il futuro dell'umanità a partire dalla Conferenza Internazionale sulla Biodiversità tenutasi a Rio de Janeiro nel 1992. Grandiosa è stata l'opera di Teofrasto, che ha descritto il mondo vegetale in nove volumi. L'Impero Romano ha contribuito in modo determinante alla diffusione di un imponente patrimonio biologico nei territori controllati ed ha affinato una moderna tecnologia agronomica di base ed applicata, i cui effetti sono ancor oggi di riferimento; ma è stata la scoperta dell'America a determinare il più importante flusso di specie vegetali a livello planetario che, gradualmente, hanno provocato un radicale cambiamento nella dieta degli europei (mais, patata, pomodoro, fagiolo ecc.)

Il tema della biodiversità è perciò da sempre al centro delle attenzioni del mondo scientifico. Il bilancio attuale stima che circa 220.000 siano le specie vegetali rilevanti presenti sul pianeta (mono e dicotiledoni), di cui 5000 usate dall'uomo per i propri fabbisogni e 1500 addomesticate. Solo 150 vengono oggi impiegate in modo significativo, ma ciò che colpisce è che 4 sole specie forniscono il 60% delle calorie alimentari. Di queste quattro specie si dispone presso diversi laboratori di centinaia di migliaia di ecotipi, *landraces*, varietà. L'Italia contribuisce a questo patrimonio naturale con 6700 specie vegetali. La variabilità naturale e le risorse genetiche rappresentano il deposito di geni da cui attingere per raggiungere ulteriori progressi attraverso l'accumulo di alleli utili e l'eliminazione di blocchi di *linkage* in genotipi superiori. Attraverso la conservazione *in situ* (cioè negli ambienti naturali dove può essere possibile l'alloincrocio tra la specie addomesticata con le specie selvatiche), *on farm* (cioè mantenendo in coltivazione le varietà locali) e/o *ex situ* (cioè in ambienti controllati, in cui non esistono gli ancestrali) e valorizzato, in quanto fonte di caratteri utili per il miglioramento varietale (<http://www.bioversityinternational.org/>). È chiaro come la conservazione *ex situ* sia un processo statico, in cui non c'è ricombinazione genica, mentre nella conservazione *in situ* è assicurato un processo dinamico di flusso genico.

La conservazione *ex situ* (soprattutto di semi, ma anche di tuberi, polline, parti di pianta, spore ecc.) deriva dalla constatazione che la sola conservazione *in*

situ non riesce ad evitare la perdita di biodiversità, a causa delle pressioni antropiche, del degrado ambientale, dei cambiamenti climatici, della competizione con specie più invasive. È questa la forma di conservazione più diffusa: si stima infatti che, a livello mondiale, poco meno del 90% del germoplasma di specie agrarie sia conservato *ex situ*. Recentemente si sono avviate anche attività di conservazione della flora rara, minacciata, endemica e protetta. A questo proposito sono nate e cresciute banche e associazioni per la conservazione del germoplasma, insieme a collezioni particolari disponibili presso vari enti. Veramente rilevante è il numero di genotipi presenti nelle diverse collezioni a livello mondiale: si stima infatti che la cifra globale sia di circa 7,4 milioni di accessioni, comprendendo specie coltivate e specie selvatiche, affini o non affini alle coltivate.

I punti critici della conservazione di semi sono la temperatura e l'umidità. Molte specie presentano infatti semi "ortodossi", che tollerano la deumidificazione fino a livelli del 3-7% e possono essere conservati a temperature basse (tra 0 e -20 °C). Recentemente è stata attivata una nuova struttura per la conservazione "long term" a bassa temperatura nelle isole Svalbard (Norvegia) (Westengen et al. 2013). Circa l'1% delle risorse genetiche è invece conservato *in vitro*, tecnica utilizzata per specie a propagazione vegetativa o caratterizzate da semi "non ortodossi", impossibili da essiccare e conservare efficacemente a basse temperature. Ancora più rare sono le collezioni conservate a bassissime temperature (-196 °C), incluse le banche di DNA. Per le diverse specie agrarie sono conservate quindi sia "collezioni di base", che comprendono la maggior parte della variabilità genetica esistente a livello mondiale, che *Core Collections*, "collezioni di lavoro" immediatamente fruibili.

Tra le diverse collezioni di germoplasma presenti sul territorio italiano, spicca senz'altro l'olivo, specie allogama di grande interesse per gli ambienti mediterranei, caratterizzata da una variabilità genetica molto elevata legata al fatto che la specie non ha subito erosione genetica specifica, e che si tratta di una pianta longeva e resistente.

Si stima che il numero totale delle varietà di olivo coltivate nel mondo sia di circa 1300, a cui si aggiungono oltre 3000 ecotipi locali e le popolazioni di olivo selvatico presenti lungo tutta l'area subcostiera mediterranea. L'Italia ha uno straordinario patrimonio genetico di questa specie e raccoglie più del 40% dell'intero germoplasma coltivato, oltre a centinaia di varietà minori, ecotipi locali ed esemplari millenari.

Altre importanti collezioni di germoplasma sono relati-

ve alla vite, con più di 1500 vitigni, e i cereali e le leguminose da granella.

Attualmente la genomica utilizza in modo nuovo le risorse genetiche, tant'è vero che le banche del germoplasma spesso affiancano alle loro collezioni banche del DNA. Gli avanzamenti della genomica hanno aperto infatti nuove prospettive alla genotipizzazione delle diverse popolazioni, per l'identificazione di geni che controllano caratteristiche fenotipiche semplici o complesse.

La fenotipizzazione del germoplasma e di materiali genetici particolari rappresenta probabilmente una fase critica nel processo di valorizzazione e utilizzo di risorse genetiche. Grande e rinnovata attenzione viene riservata a questa attività, anche attraverso lo sviluppo di sistemi automatizzati -piattaforme- per la valutazione di diversi parametri fisiologici e morfologici in condizioni di alta standardizzazione.

Dalle Landraces a Mendel, Strampelli, Borlaug e oltre

Nella fase premendeliana l'interazione tra la selezione naturale e una selezione antropica empirica ha portato, come già detto, allo sviluppo di popolazioni adattate ai diversi ambienti di coltivazione note come *landraces*. Tuttavia queste *landraces*, dal periodo romano agli inizi del 1900, non hanno provocato significativi incrementi produttivi per unità di superficie. Con la riscoperta delle leggi di Mendel, le prime conoscenze sulla genetica dei caratteri quantitativi e la scoperta dell'eterosi, si è affermata una vera attività di miglioramento genetico, che nel giro di pochi decenni ha radicalmente modificato la capacità produttiva e le caratteristiche qualitative delle piante coltivate.

La genetica vegetale, con la riscoperta delle leggi di Mendel, ha consentito di approfondire le conoscenze sulla definizione dell'ereditarietà dei caratteri e nello stesso tempo ha permesso di sviluppare tecnologie nelle piante coltivate capaci di accumulare geni utili, originariamente dispersi nelle popolazioni, in genotipi superiori. Si avvia così un'intensa attività di miglioramento genetico che ha portato in tutte le specie coltivate allo sviluppo di nuove varietà sempre più produttive e sempre più rispondenti alle esigenze della moderna società. In generale, nell'ultimo secolo nella maggior parte dei Paesi si sono registrati per tutte le specie coltivate incrementi produttivi sorprendenti, ed in particolare per i cereali, grazie a Strampelli prima e a Borlaug dopo, i guadagni produttivi attribuibili al progresso genetico sono compresi tra 20 e 50 kg ha⁻¹ per anno (Garcia Olmedo 2000). Questi cambiamenti sono associati ad importanti modificazioni dell'architettura e della fisiologia della pianta, come evidente in orzo e frumento, in cui la riduzione dell'altezza della pianta, accompa-

gnata da una maggior efficienza nell'assorbimento e nel trasporto, si è rivelata indissolubilmente collegata all'aumento dell'Harvest Index.

Nel 1911 Nazareno Strampelli per primo introdusse il carattere bassa taglia nei frumenti usando nei suoi incroci il genotipo giapponese AKAGOMUKI, portatore del gene *Rht8* sensibile alle gibberelline. Lo sviluppo di nuovi genotipi a bassa taglia rappresenta il grande successo italiano nel mondo. Le varietà di Strampelli sono state impiegate in quasi tutti i programmi di breeding in tutto il mondo sino a pochi anni or sono. Anche Cesare Orlandi utilizzò un'altra varietà a taglia bassa – SAITAMA 27 – portatrice del gene *Rht-B1d* insensibile alle gibberelline. Successivamente un'altra varietà giapponese, Norin 10(6x), portatrice di un altro gene di bassa taglia *Rht-B1b* insensibile alle gibberelline, isolata per la prima volta nel 1932, fu introdotta nel 1946 da Orville Vogel nella Washington State University, e nel 1948 fu eseguito il primo incrocio. Norman Borlaug utilizza Norin 10 nel 1955 per gli incroci, e nel 1964 avvia il nuovo programma di miglioramento genetico presso il CIMMYT (Messico), dal quale origina e si realizza la "Rivoluzione Verde", che gli porterà nel 1970 il premio Nobel per la pace.

Va chiarito che il successo di questi nuovi genotipi a bassa taglia non derivò soltanto dall'eliminazione dei danni da allestamento, ma anche dagli effetti pleiotropici di questo gene. Il guadagno nelle rese, anche con l'uso di dosi massicce di azoto, sarebbe stato pari al 50% del potenziale produttivo, cioè si sarebbero raggiunte rese pari a 3-3,5 t/ha. In pratica la presenza di *Rht-B1b* permette alla pianta di aumentare l'apparato fotosintetico, migliorare la fertilità della spighetta, il numero di spighe per spiga, il numero di spighe/m² e la dimensione della cariosside. Tutto ciò ha portato a un aumento della produzione pari a 4-5 volte il potenziale delle varietà pre-Strampelli (fino a 10-12 t/ha). Il gene *Rht-B1b* è stato battezzato "a very lucky gene". Perché? Dal punto di vista genetico e molecolare, il gruppo di Mike Gale a Cambridge ha spiegato il fenomeno in questo modo: *Rht-B1b* è un gene nato da una mutazione a un singolo nucleotide, verificatasi a una tripletta STOP codon. Ma subito dopo questa tripletta di STOP si è assortita una tripletta di START che codifica per Metionina, quindi il gene ha continuato a essere trascritto, producendo una proteina leggermente diversa dal *wild type*. Il gene *R* (*wild type*) codifica per una proteina con tre funzioni: la più importante è quella di riconoscere la gibberellina e dirigerla verso i siti d'azione – le pareti delle cellule dell'internodo. Nel mutante, cioè *Rht-B1b*, questa funzione si perde per il segnale di STOP e START a livello molecolare, e quindi la gibberellina continua

a essere prodotta dalla pianta, ma non viene veicolata per distendere le pareti cellulari dell'internodo (piante nane) e in più va a colpire organi importanti della riproduzione, come descritto in precedenza. Risultato finale: piante nane con una superiore potenzialità produttiva, sino a oggi ancora in crescita. Nel mondo l'incremento produttivo è stato notevole e si prevedono ancora progressi sostanziali sia in ambienti fertili che in ambienti stressati. L'evidenza di questo fenomeno fu messa in luce con un semplice esperimento, somministrando una soluzione contenente gibberelline a plantule di frumento *wild type* e mutate: ci si aspettava una crescita maggiore del mutante *dwarf* e nessuna crescita del *wild type*. Il risultato fu l'opposto: la varietà a taglia alta continuò a crescere mentre il mutante restò nano, e per questo fu battezzato "insensibile".

Con il gene *Rht-B1b* fu possibile descrivere un nuovo ideotipo di pianta, basato sull'Harvest Index (HI = biomassa utile/biomassa totale). Di fatto la potenzialità di biomassa totale non è cambiata tra i genotipi non *dwarf* e *dwarf*. È solo cambiato l'HI e ciò dimostra che tutta la genetica dei *dwarf* ha migliorato la relazione *source-sink* ed ha equilibrato il rapporto assorbimento/fotosintesi e trasporto/accumulo nei siti definitivi dei fotosintati.

Ricercatori australiani hanno identificato il gene corrispondente a *Rht-B1b* in *Vitis*, dove è responsabile della trasformazione dei cirri in organi fiorali e quindi grappoli. Infatti nella vite il gene omologo a *Rht-1* determina la conversione dei viticci in infiorescenze, che si evolvono nella formazione di grappoli d'uva. Nel normale sviluppo, in presenza della forma *wild type* del gene, i viticci non possono svilupparsi in infiorescenze perché bloccati dall'azione delle gibberelline (Stanca et al. 2014).

Il modello di pianta, il cosiddetto "ideotipo", nel quale deve instaurarsi un ottimale rapporto tra sorgente di energia "fotosintesi" e siti di accumulo (frutto) è stato esportato ed applicato in altre specie vegetali. Al miglioramento genetico classico si è affiancata la mutagenesi sperimentale per l'ottenimento di nuove varietà. La mutagenesi indotta nel settore vegetale ha un ruolo di rilievo non solo per lo studio delle funzioni geniche, ma anche, soprattutto in un recente passato, per indurre variabilità genetica da cui attingere nuovi fenotipi di potenziale interesse agrario. Negli anni 1960-70 sono state rilasciate diverse varietà di specie erbacee e arboree. In Italia la varietà di frumento Castelporziano è stata ottenuta direttamente per mutagenesi di Cappelli presso i Laboratori Applicazione Agricoltura del CNEN. La mutagenesi è ancor oggi ampiamente utilizzata nel settore delle piante orna-

mentali, in cui la richiesta di novità è costante.

È stato scritto che il successo economico della genetica sia stato anche lo sfruttamento dell'eterosi, sia in campo vegetale sia animale. Questo fenomeno genetico indica la comparsa di vigore fenotipico nelle progenie ibride rispetto ai parentali omozigoti (Barcaccia et al. 2006).

L'eterosi si è dimostrata strategia di grande interesse applicativo non solo nelle piante allogame (nel mais si sono raggiunte 15 t/ha in pieno campo), ma anche nelle autogame. Particolarmente rilevante è l'esempio del pomodoro (specie autogama), in cui lo sfruttamento di questo fenomeno ha spostato le produzioni, negli ultimi 50 anni, dagli iniziali 300 q/ha agli attuali 1200 q/ha in pieno campo e 2200 q/ha in serra. L'interesse verso lo sfruttamento dell'eterosi si è spostato anche su frumento e orzo: quattro ibridi del primo e sei del secondo sono oggi in coltura in Germania (Sreenivasulu and Schnurbusch 2013). In un secolo di applicazioni scientifiche nelle piante coltivate si sono raggiunti risultati straordinari; agli esempi sopra riportati si può aggiungere la barbabietola da zucchero, che è passata negli ultimi 40 anni da una produzione di radici media di 30 t/ha ad oltre 100 t/ha con un indice zuccherino del 15%. Abbiamo raggiunto il plateau?!

Alimentare 10 miliardi di persone

Con i risultati fin qui raggiunti si può pensare di alimentare il pianeta nei prossimi 40 anni, quando la specie umana supererà i 9 miliardi di individui?

Benché la scienza e la tecnologia abbiano fornito in questi ultimi decenni risultati straordinari, e in considerazione del fatto che non possiamo più applicare la regola della messa a coltura di nuove terre, ma che dobbiamo risparmiare il terreno dalle continue razzie antropiche, nasce l'imperativo di dover chiedere all'unità di superficie l'ulteriore sforzo di ospitare, in perfetto equilibrio, nuove piante capaci di garantire il cibo per 10 miliardi di persone. Alla domanda se ciò sia possibile, la risposta è stata positiva, ma dobbiamo disegnare nuove strategie.

Gli obiettivi attuali sono rivolti a convogliare gli sforzi delle diverse discipline scientifiche verso lo sviluppo

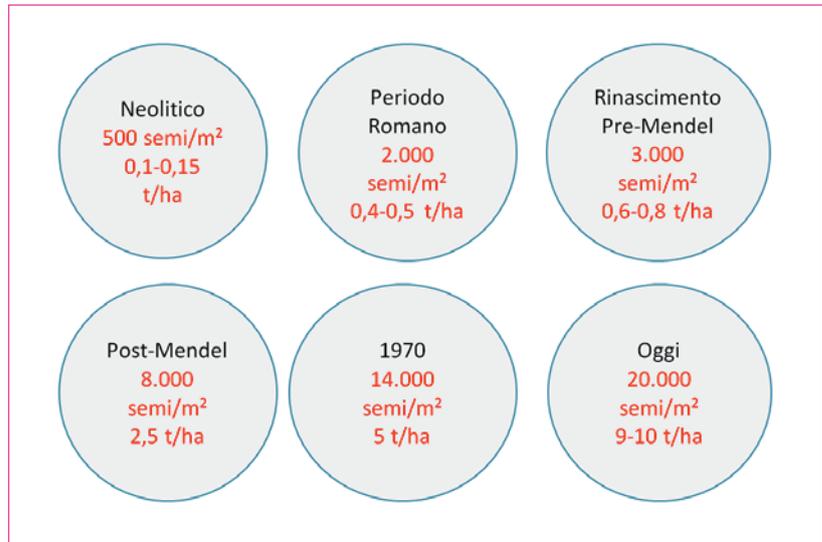


Figura 3
Evoluzione della produzione di granella e numero di cariossidi per m² raggiunti dall'orzo (*Hordeum spontaneum*) dal Neolitico a Mendel e da Mendel ai nostri giorni
Cortesia di A.M. Stanca et al.

di tecnologie mature per l'agricoltura del futuro, a garanzia di produzione di alimenti per tutti.

Se si analizza lo sviluppo e la crescita di una pianta addomesticata, si evidenzia che anche nelle migliori condizioni ambientali non si è riusciti a ridurre in modo consistente il gap esistente tra la produzione potenziale e quella effettiva raggiunta in azienda. Questo è il primo problema da affrontare.

Il secondo è quello di disegnare nei prossimi anni un nuovo modello di pianta capace di innalzare ulteriormente la potenzialità produttiva. Se consideriamo il frumento risulta evidente che le nuove varietà e le nuove tecniche agronomiche, in alcuni Paesi europei, hanno permesso di raggiungere una media nazionale superiore a 8 t/ha con una potenzialità di 12-14 t/ha, cioè sono stati ottenuti circa 20.000 semi/m² di terreno senza intensificare l'uso di prodotti di sintesi (Figura 3).

Oggi si può dire che teoricamente è possibile raggiungere 30.000 semi/m² e superare la barriera delle 15 t/ha. Potenzialmente il frumento, l'orzo e molte specie coltivate programmano molto precocemente il numero di fiori da trasformarsi in frutti per singola pianta, ma eventi sfavorevoli durante il ciclo biologico riducono drasticamente la fertilità e l'allegagione dei fiori e la dimensione dei frutti.

Partendo infatti da una situazione ottimale pari a 100 si può avere una perdita dell'80% a causa di eventi negativi ambientali. La sfida è di ottenere una nuova pianta capace di far fronte a queste cause negative durante

tutto il ciclo biologico! Nella Figura 4 vengono descritte tutte le offese che una specie vegetale riceve durante il suo ciclo biologico.

Oggi conosciamo in modo approfondito la tappa metabolica di risposta all'insulto; disponiamo della sequenza del genoma di molte specie, compresa la più complessa, il frumento; presso le banche del germoplasma sono disponibili i passaporti delle singole varietà con la descrizione fenotipico-molecolare delle loro caratteristiche peculiari; sono state designate nuove architetture di piante arboree; con l'aiuto della genomica nuove strategie di *breeding* sono state messe in opera per incorporare

più geni in un genotipo superiore (*Pyramiding*); nuove tecniche agronomiche saranno via via disponibili per appiattare sempre più la curva degli input di sintesi.

Un esempio molto appropriato riguarda l'architettura della pianta del melo regolata da un gene che controlla il portamento colonnare *Colomnar (Co)* mappato sul cromosoma 10. L'habitus di crescita colonnare, scoperto nel melo intorno al 1970, è caratterizzato da internodi corti, ridotta altezza e ramificazione della pianta. Questo modello ottimizza l'intercettazione della luce, permette di aumentare la densità di piante per ettaro come pure la produzione di frutti, riduce al minimo la potatura e facilita la raccolta meccanica (Wolters et al. 2013). Se a tutto ciò aggiungiamo i risultati ottenuti sulle resistenze, è evidente come anche per questa specie esistano già oggi incoraggianti prospettive.

È interessante osservare come all'aumentare della produzione di prodotti utili, la curva degli input tecnologici non segua lo stesso andamento in parallelo ma si appiattisce. Come già detto, tutti questi sforzi dovranno seguire un percorso di compatibilità ambientale. Per alcuni aspetti della destinazione d'uso della biomassa, si comincia a sperimentare la coltivazione di piante perennanti al fine di ridurre l'input dei prodotti di sintesi. Nuovamente, alla domanda quindi se la scienza e la tecnologia abbiano gli strumenti per produrre alimenti per 10 miliardi di individui nei prossimi 40 anni, la risposta non può essere che positiva, perché abbiamo già oggi, rispetto a qualche decennio fa, strumenti di conoscenza assolutamente nuovi: siamo nell'era della *Systems Biology*.

L'analisi dei genomi è stata la maggiore conquista della genetica moderna per lo studio della struttura e funzione dei singoli geni e dell'intero genoma degli esseri

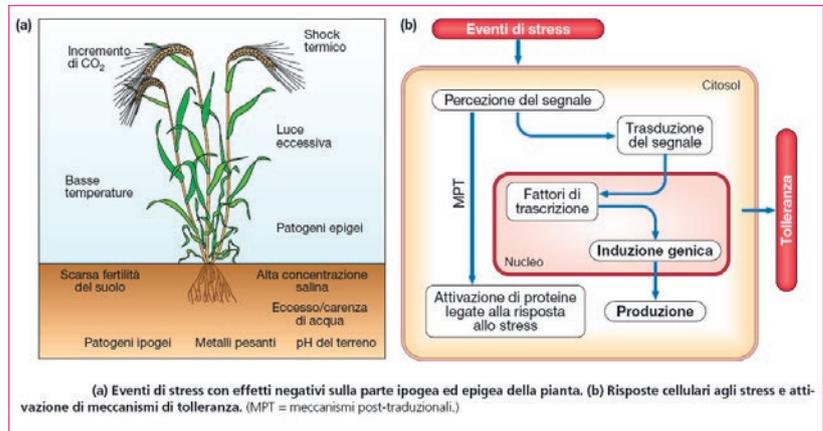


Figura 4
Eventi di stress con effetti negativi sulla parte ipogea ed epigea della pianta (a); risposte cellulari agli stress e attivazione di meccanismi di tolleranza (b)
Nota: MPT = meccanismi post-traduzionali
Cortesia di A.M. Stanca et al.

viventi, fondamentale anche per comprenderne le dinamiche evolutive e sviluppare ulteriori biotecnologie al fine di migliorare specie vegetali per caratteri utili. Sono oggi disponibili le sequenze genomiche ad alta qualità di specie modello quali *Arabidopsis* e *Brachypodium* (oltre a quelle di specie di elevato interesse agronomico quali riso, mais, vite, melo, pioppo, patata, pomodoro, orzo e frumento). I genomi del riso e del *Brachypodium* sono particolarmente importanti perché servono anche da modello per lo studio dei genomi degli altri cereali, le *Poaceae*.

Tra i genomi di maggiore complessità si annovera quello del frumento tenero (*Triticum aestivum*, $2n = 6x = 42\text{-AABBDD}$), stimato in 17 miliardi di bp, pari a cinque volte il genoma umano e a circa quaranta volte quello del riso. È caratterizzato dalla presenza di elementi ripetuti per circa l'80%. Si stima che soltanto nel cromosoma 5A siano contenuti da cinque a seimila geni (Vitulo et al. 2011).

Il primo importante incrocio avvenne tra la specie portatrice del genoma A (*Triticum urartu* AA) e quella portatrice del genoma B (*Aegilops speltoides* BB), incrocio che diede origine a *Triticum turgidum* (AABB), il grano duro tetraploide che utilizziamo per fare la pasta; successivamente, questa specie unì il proprio genoma con quello di *Aegilops tauschii* (DD). Sequenziare il genoma del frumento è un po' come completare un puzzle di migliaia di pezzi, tutti molto simili tra loro. Considerando la qualità dell'assemblaggio, i ricercatori stimano che *Triticum aestivum* possieda qualcosa come 106.000 geni codificanti per proteine, un numero elevatissimo se rapportato ai 25.000 geni umani, ma perfettamente in linea con le dimensioni considerevoli di questo genoma. Ciò che rende dav-

vero speciale il genoma di *Triticum aestivum* è il fatto che esso sia in realtà costituito da tre distinti genomi, costretti dall'evoluzione a convivere all'interno della stessa specie. Nel genoma del frumento si trovano moltissime tracce di questi esperimenti evolutivi: si contano infatti migliaia di geni che mostrano differenze rispetto alla versione originale presente nelle piante selvatiche. Generalmente si tratta di mutazioni senza effetti particolari, ma in alcuni casi l'impatto sulla funzionalità della proteina è stato rilevante. Da queste sequenze ridondanti potrebbero ad esempio originarsi i microRNA (di 20-24 nucleotidi), una categoria di molecole fondamentali per la resistenza agli stress ambientali e agli agenti patogeni (Colaiacovo 2014).

Nelle piante, sono particolarmente attivi durante lo sviluppo, ma non mancano esempi di microRNA che controllano la risposta agli stress ambientali, quali la siccità o la carenza di nutrienti nel terreno, e all'attacco di agenti patogeni. Agiscono spegnendo altri geni in modo mirato, controllando in questo modo la sintesi di nuove proteine. Ogni microRNA colpisce un particolare set di geni bersaglio, e gli effetti di questa regolazione possono amplificarsi notevolmente, perché spesso i geni target sono fattori di trascrizione, molecole che a loro volta controllano l'espressione di altri geni. Complessivamente, questi risultati suggeriscono che il frumento possiede un enorme "serbatoio" di microRNA al momento poco utilizzato, che potrebbe però essere attivato a seconda delle necessità (Mayer et al. 2014).

Altri genomi vegetali il cui sequenziamento è stato già completato o è ancora in corso comprendono il caffè, la *Medicago truncatula*, la fragola, il pesco, l'arancio, nonché specie cosiddette orfane, di minore rilevanza economica rispetto alle grandi colture, ma comunque con utili destinazioni d'uso. Parallelamente si sta procedendo al sequenziamento del genoma di diversi funghi fitopatogeni, la cui analisi apre la possibilità di meglio comprendere quali siano i meccanismi evolutivi che determinano la patogenicità.

Tra le piante da frutto più diffuse, è noto il genoma del melo (*Malus domestica*) varietà Golden Delicious, tra le più diffuse al mondo. I 17 cromosomi ($2n = 34$) contengono 742 milioni di basi e oltre 57.000 geni, tra cui spiccano i fattori di trascrizione (oltre 4.000), e i geni correlabili alle resistenze ai patogeni (circa 1.000), oltre quelli che regolano il portamento colonnare della pianta. Sono inoltre rappresentati in numero estremamente elevato i geni MADS coinvolti nello sviluppo del frutto, e i geni del metabolismo basale del pomo, quali ad esempio quelli legati alla sintesi del sorbitolo o glucitolo, lo zucchero tipico delle *Rosaceae*.

Il genoma della vite (*Vitis vinifera*), varietà Pinot Noir, è

formato da 475 milioni di basi, tre volte più grande di quello di *Arabidopsis* e sei volte più piccolo di quello dell'uomo, e contiene 30.434 geni codificanti per proteine. Una peculiarità di questo genoma è rappresentata dalla presenza di famiglie di geni legati alle caratteristiche organolettiche del vino.

I genomi vegetali cambiano più rapidamente di quanto non facciano i genomi animali, portando così a una maggior variazione tra specie anche strettamente correlate e anche all'interno di una stessa specie. Il motivo di questa estrema plasticità è da ricercarsi nelle diverse condizioni di vita e di strategie di sopravvivenza delle piante rispetto agli animali, che sembrano dunque richiedere per le prime la presenza di genomi più "flessibili".

Un'importante caratteristica delle piante è che vaste porzioni dei loro genomi sembrano essersi duplicate, ossia interi segmenti di cromosomi con tratti di sequenze geniche quasi identiche si ritrovano in molteplici posizioni del genoma. Ciò suggerisce che, a un certo punto dell'evoluzione, questi genomi siano andati incontro a duplicazione (interamente o in parte) e che in seguito le sequenze duplicate (e quindi ovviamente sia geni che regioni regolative) siano andate in parte perdute e in parte si siano diversificate. Ci sono forti evidenze infatti che indicano come la duplicazione del genoma abbia importanti conseguenze morfologiche, ecologiche e fisiologiche, con effetti sui processi fotosintetici della pianta, sul suo sistema riproduttivo, sulla sua interazione con gli erbivori e gli impollinatori, sulla speciazione. Durante l'evoluzione, la formazione di poliploidi ha giocato probabilmente un ruolo di primo piano nella diversificazione delle angiosperme ed è stata molto rilevante anche nella genesi di importanti piante coltivate, quali il frumento, brassicacee e alcune rosacee.

Il sequenziamento del genoma della vite ha suggerito come questa pianta, considerata diploide dalla genetica classica, sia in realtà derivata dalla fusione di tre genomi. Questo arrangiamento ancestrale è condiviso da molte altre dicotiledoni e assente in riso, che è una monocotiledone. La conclusione è, quindi, che questa triplicazione non fosse presente nell'antenato comune alle mono- e dicotiledoni.

Il sequenziamento del genoma del pomodoro coltivato e del suo antenato selvatico, *Solanum pimpinellifolium*, ha evidenziato il fenomeno della poliploidizzazione. Come noto, il pomodoro appartiene alla famiglia delle *Solanaceae*, che comprende sia piante agrarie, quali patata e melanzana, che piante ornamentali e medicinali, quali la petunia, il tabacco, la belladonna e la mandragola. Una peculiarità delle *Solanaceae* è la loro diffusione in ecosistemi molto differenziati. La sequenza del genoma ha fatto nuova luce sulle basi molecolari

di questo adattamento. Si è infatti dimostrato che il genoma di pomodoro si è “triplicato” improvvisamente circa 60 milioni di anni fa, in un momento vicino alla grande estinzione di massa che ha portato alla scomparsa dei dinosauri. Successivamente, la maggior parte dei geni triplicati sono stati persi, mentre alcuni di quelli superstiti si sono specializzati e oggi controllano caratteristiche importanti della pianta, comprese quelle della bacca, come il tempo di maturazione, la consistenza e la pigmentazione rossa.

L'avvento dei marcatori molecolari ha consentito di definire la base genetica dei caratteri qualitativi e quantitativi (QTL), di stabilire le relazioni di sintenia tra i genomi, di verificare i meccanismi genetici che controllano l'eterosi in specie quali il mais. La selezione assistita con marcatori molecolari per caratteri qualitativi è una realtà ormai diffusa anche presso le grandi aziende sementiere private.

Lo sviluppo di una nuova classe di marcatori molecolari (Single Nucleotide Polymorphism - SNP) consentirà di automatizzare ed estendere più di quanto sia stato fatto finora le applicazioni basate sui marcatori molecolari, ad esempio sviluppando approcci di Whole Genome Association Mapping (Tondelli et al. 2013). Studi volti all'analisi dell'espressione genica in condizioni di stress e basati su svariate tecnologie di screening hanno permesso l'isolamento di numerosi stress-related genes, coinvolti nei processi metabolici più complessi del ciclo vitale delle piante (sviluppo e crescita, resi-

stenza al freddo, al caldo, alla siccità, alle malattie, maturazione dei frutti ecc. L'identificazione dei recettori dei segnali ambientali o ormonali, dei messaggeri secondari, dei fattori di trascrizione coinvolti nei processi cellulari complessi, nonché lo studio delle interazioni di questi elementi tra loro e con l'ambiente rappresenta la chiave per comprendere il funzionamento globale della cellula e quindi la base molecolare del fenotipo (Cattivelli 2008).

L'analisi su larga scala del trascrittoma ha infatti evidenziato che centinaia di geni sono attivati o repressi in risposta agli stress. I diversi geni individuati, oltre ad avere un ruolo diretto nella protezione delle cellule dai danni causati da stress osmotico, sono coinvolti nell'attivazione di circuiti di regolazione che controllano l'intero network della risposta. I geni coinvolti sono, quindi, generalmente divisi in due categorie: geni funzionali, che includono geni implicati nella sintesi di molecole e proteine con ruolo protettivo di processi cellulari cruciali (proteine protettive, enzimi detossificanti, osmoliti compatibili ed altri), e geni regolatori, codificanti proteine regolatrici coinvolte nella percezione e trasduzione del segnale di stress (putativi recettori, calmoduline, calcium-binding proteins, fosfolipasi, chinasi e fosfatasi, fattori di trascrizione), che modulano l'espressione dei geni appartenenti alla prima categoria. I fattori di trascrizione sono considerati ottimi targets per rendere una pianta tollerante a stress.

La vita della pianta, oltre gli stress abiotici, viene tormentata da attacchi anche massicci di parassiti vegetali ed animali. Durante la loro crescita le piante sono costantemente attaccate da patogeni che cercano di invaderle. Questi patogeni accedono all'interno dei tessuti vegetali della pianta tramite meccanismi di penetrazione attivi che forzano gli strati esterni e la parete cellulare, attuati da funghi e nematodi, o attraverso aperture naturali (stomi, idatodi, lenticelle) e ferite nel caso dei batteri, o veicolati da insetti e funghi e da operazioni meccaniche che causano ferite. I patogeni possono invadere tutti gli organi della pianta, dal seme in fase di germinazione fino alle radici, ai fusti, alle foglie e ai frutti. Per rispondere alla presenza di patogeni che cercano di invaderle, le piante non possiedono un sistema immunitario adattativo, come quello presente negli animali,

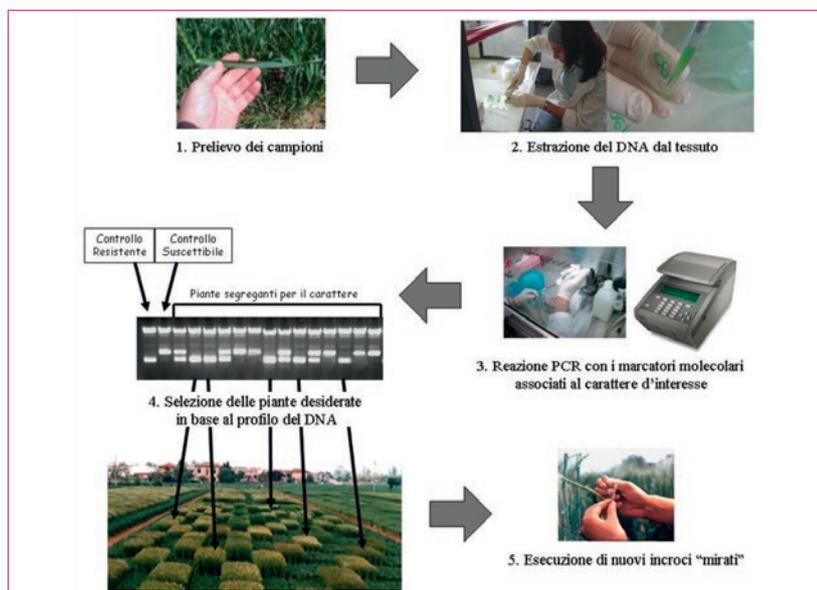


Figura 5
Flusso di lavoro in un programma di miglioramento genetico in cui la selezione per un carattere di resistenza ad una patologia viene assistita da marcatori molecolari
Cortesia di E. Francia e V. Terzi

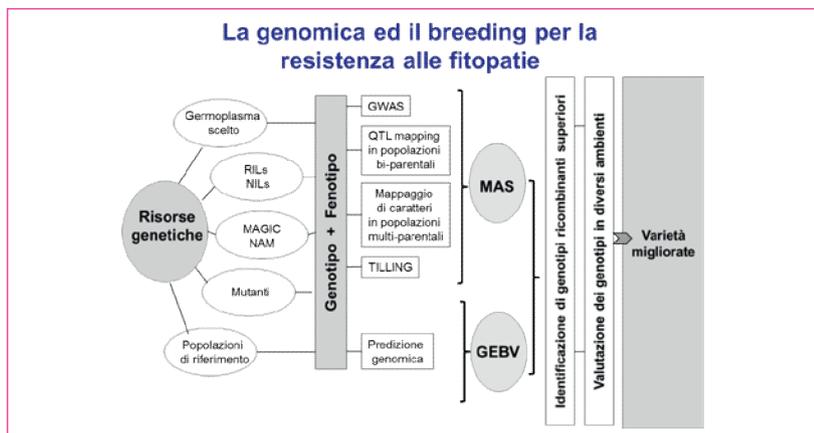


Figura 6
Partendo dalla variabilità genetica esistente in collezioni di germoplasma, mutanti e popolazioni genetiche, caratteristiche fenotipiche d'interesse possono venire associate a caratteristiche genotipiche per individuare marcatori molecolari che, attraverso MAS e GEBV, possono avere come output finale il rilascio di varietà più produttive e più resistenti agli stress biotici

Cortesia di V. Terzi

ma hanno a disposizione meccanismi di resistenza basati su un sistema immunitario innato che consente di riconoscere e rispondere all'azione di patogeni specifici. La cosiddetta "immunità" delle piante dipende da eventi dotati di autonomia cellulare: una singola cellula che subisce un tentativo di invasione è, cioè, in grado di attuare tutti i processi che portano a una risposta di resistenza. Alla base di questa serie cruciale di eventi è stato individuato un repertorio molecolare di riconoscimento molto esteso, ed è proprio grazie a quest'ultimo che gli organismi vegetali sono in grado di sopperire alla già menzionata mancanza di un sistema immunitario adattativo.

A valle dei fenomeni di riconoscimento le piante infettate possono attivare geni che determinano la sintesi di un'ampia varietà di molecole, tra cui le fitoalessine, piccole molecole ad ampio spettro antimicrobico sintetizzate dalla pianta in tempi brevissimi, e le proteine PR (*pathogenesis related*), a più lenta azione, ma dotate di molteplici funzioni. Queste e altre molecole ancora, rientrano in meccanismi di notevole complessità, quali la risposta ipersensibile e la resistenza sistemica acquisita.

Molti funghi e batteri che infettano le piante producono una grande quantità di enzimi che degradano la parete cellulare come, per esempio, le poligalatturonasi, le pectin metilesterasi, le endoglucanasi e le xilanasi. Le piante, a loro volta, hanno sviluppato una serie di risposte di difesa tra cui gli inibitori proteici di questi enzimi, come le PGIP (*polygalacturonase-inhibiting protein*), le PMEI (*pectin methylesterase inhibitor*), che inibiscono enzimi che degradano la pectina e gli inibi-

tori delle xilanasi che inibiscono enzimi che degradano le emicellulose. Il coinvolgimento di questi inibitori nella risposta di difesa della pianta è stato dimostrato attraverso la produzione di piante transgeniche sovraesprimenti questi inibitori, sottoposte ad infezione con determinati patogeni.

Quanto sin qui descritto indica che è possibile tracciare oggi strategie genotipo-molecolari per l'identificazione e l'introggressione dei geni di resistenza nel germoplasma coltivato come un valido strumento per costituire nuove varietà resistenti e conseguentemente limitare le perdite produttive imputabili ai patogeni e l'uso di fitofarmaci in agricoltura, con indubbi vantaggi in termini econo-

mici e ambientali (Figura 6).

Tuttavia, l'efficacia della resistenza della pianta è sovente limitata nel tempo perché alcuni ceppi patogeni evolvono la capacità di superarla: si tratta di geni resistenza razza-specifica che agiscono in tempo limitato. Da una parte, si sta percorrendo la strada della rincorsa verso la scoperta di nuovi alleli utili nel germoplasma anche selvatico, e dall'altra dell'introduzione della " *durable resistance*" come fonte di difesa che conferisce resistenza completa verso tutti gli isolati del patogeno o mediante introggressione di geni multipli derivanti da diversi germoplasmata attraverso il " *gene pyramiding*" e la selezione di rari ricombinanti tra geni di resistenza strettamente associati (Stanca et al. 2014).

Uno degli aspetti di particolare considerazione riguarda la genomica per la qualità e sicurezza alimentare. La qualità delle produzioni agroalimentari rappresenta un concetto particolarmente complesso, coinvolgendo le esigenze spesso differenti dei diversi attori delle filiere, quali i produttori, gli stoccatrici, i trasformatori ed infine i consumatori. Innumerevoli sono gli esempi di applicazioni biotecnologiche al miglioramento della qualità in piante agrarie, così come ampie sono le prospettive delle biotecnologie applicate alle richieste mutevoli del settore (AA.VV. 2014).

Tutto ciò però deve essere dimostrato in qualsiasi tappa della filiera e pertanto il processo necessita di disporre di strumenti inequivocabili di tracciabilità. Con il termine tracciabilità molecolare vengono indicate metodiche genomiche, proteomiche e metabolomiche capaci di dare indicazioni su diverse caratteristiche di una produzione agraria o di un prodotto agroalimenta-

re, quali sicurezza e qualità, origine geografica, valore nutrizionale, autenticità. Il fingerprinting molecolare è applicabile a tutti i livelli delle filiere di produzione agroalimentari, partendo dalla caratterizzazione della diversità genetica fino ad arrivare alla tracciabilità delle materie prime nelle fasi di trasformazione, confezionamento e distribuzione degli agro derivati. È perciò oggi possibile utilizzare tecniche di DNA profiling per verificare la presenza in un prodotto finito di specie vegetali potenzialmente allergeniche, ma anche verificare la composizione di una pasta alimentare sia in termini di specie cerealicole presenti, che in termini di varietà. A questo si aggiunge l'importanza di avere a disposizione anche approcci proteomici per la diagnostica di proteine ed enzimi responsabili di caratteristiche desiderabili o, al contrario, indesiderabili.

Alla selezione assistita con marcatori molecolari si affianca la tecnologia della trasformazione genetica. I nuovi indirizzi biotecnologici sono rivolti a produrre piante geneticamente modificate prelevando geni da piante filogeneticamente affini -Piante Cisgeniche- oppure da piante filogeneticamente lontane -Piante Transgeniche- (*Clive James, ISAAA -International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications, www.isaaa.org*). I benefici attesi dall'impiego delle Piante Geneticamente Modificate in agricoltura sono stati ampiamente discussi in pubblicazioni internazionali e nazionali nonché con interventi sul sito di società scientifiche come la Società Italiana di Genetica Agraria (www.sig.unina.it/gmo_01.html) o la Società Americana di Biologia Vegetale (<http://tinyurl.com/pfanvcq>).

Tra i benefici, sono stati segnalati: il minor consumo di pesticidi chimici, l'incremento percentuale di specifici nutrienti, la maggiore produttività e quindi un minor sfruttamento delle risorse naturali, la possibilità di utilizzare le piante come fabbriche naturali di sostanze industriali o farmaceutiche, individuando così nuovi orizzonti per la produzione agricola, la possibilità di cambiare in maniera mirata e più velocemente, rispetto al tradizionale incrocio, pochi caratteri deficitari in una varietà altrimenti buona, la possibilità di eliminare potenziali allergeni nelle colture, la possibilità di monitorare il livello d'inquinamento nel suolo e di ridurlo rimuovendo i composti inquinanti.

La conoscenza dei meccanismi che regolano l'architettura della pianta, molto spesso mediata da un controllo ormonale, sono fondamentali per i nuovi ideotipi di pianta per il futuro. In genere gli studi sono stati rivolti principalmente a fisiologia, metabolismo e genetica della parte aerea delle piante. Oggi tuttavia una maggiore attenzione viene rivolta alle radici, per migliorare l'efficienza d'uso dell'acqua (WUE), dell'azoto (NUE), del fosforo (PUE), alla resistenza al freddo (*cor genes*), alle proprietà fisico-chimiche e biologiche del suolo e al loro impatto sulla resistenza alle malattie, in modo da disegnare un moderno sistema integrato (IPM: Integrated Pest Management) per mettere i nuovi genotipi di pianta nella migliore condizione di crescita.

Sono in atto in "Open Field" i primi esperimenti di simulazione dell'incremento della CO₂ nell'atmosfera, che passerà dalle 400 ppm (parti per milione in volume) attuali a 600 ppm nel 2050 per verificare l'effetto sulla fotosintesi e qualità dei prodotti. Sulla base di tutto ciò è stata disegnata una nuova pianta di frumento tenero capace di raggiungere una potenzialità produttiva di 20 t/ha nel 2020 partendo dalle attuali 14 t/ha. Non trascurabile è anche il tema che vede il sistema produttivo agrario non più basato sul trinomio Pianta-Atmosfera-Suolo ma piuttosto sul quadrinomio Pianta-Atmosfera-Suolo-Microrganismi che vivono intorno o dentro le radici. Questa nuova visione ha stimolato la nascita di network per monitorare l'evoluzione del *metagenoma* al variare dei diversi sistemi colturali e degli ambienti, e come questo possa influenzare la vita delle specie agrarie e selvatiche. Si ipotizza già che la performance di specie di piante e di genotipi entro specie dipenderà anche dagli inoculi microbici, specifici per l'esaltazione di determinati caratteri, che interagiscono con gli elementi fisico-biochimici del suolo e con il microbioma naturale in specifiche condizioni (Schlaeppli and Bulgarelli 2015).

Le nuove sfide della moderna agricoltura per alimentare il mondo si baseranno sempre più sulla scienza e l'innovazione tecnologica, in particolare quella derivata dalle discipline "omiche", e sulla velocità con cui queste nuove tecniche raggiungeranno l'azienda agraria.

A. Michele Stanca
UNASA-UNIMORE

Bibliografia

1. AA.VV. 2014. La seconda rivoluzione verde. *Le Scienze*. pp 143
2. Barcaccia G., Lorenzetti S., Falcinelli M. 2006 Sull'eterosi nelle piante: dall'ipotesi genetica di Jones all'era genomica -UNIPG- 1-89
3. Cattivelli L.; Rizza F.; Badeck, F.; Mazzucotelli E.; Mastrangelo A.M.; Francia E.; Marè C.; Tondelli A.; Stanca A.M. 2008. Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics. *Field Crops Res.* 105: 1-2 1-14
4. Cavalli Storza L. e F. 2005. *Perché la scienza. L'avventura di un ricercatore*. Oscar Saggi Mondadori, pp 393
5. Colaiacovo M. 2014. Il genoma del grano. *Le Scienze* 554: 44-47
6. Garcia Olmedo F. 2000. *La terza rivoluzione verde*. Il Sole 24 Ore. Pp 178
7. Mayer KFX, J. Rogers, J. Doležal, C. Pozniak, K. Eversole, C. Feuillet, B. Gill, M. Colaiacovo, P. Faccioli, A.M. Stanca, L. Cattivelli, et al. 2014. A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science* 345 (6194), 1251788, 2014
8. Morcia C., Rattotti E., Stanca A.M., Tumino G., Rossi V., Ravaglia S., Germeier C., Herrmann M., Polisenka I., Terzi V. 2013. Fusarium genetic traceability: Role for mycotoxin control in small grain cereals agro-food chains. *Journal of Cereal Science*, 57: 175-182
9. Schlaeppli K., D. Bulgarelli. 2015. *The Plant Microbiome at work*. MPMI (in press)
10. Sreenivasulu N., T. Schnurbusch. 2012. A genetic playground for enhancing grain number in cereals. *Trends in Plant Science* 17(2): 91-100
11. Stanca A.M., A. Marocco, N. Pecchioni, G. Valè, M. Odoardi, P. Faccioli, L. Cattivelli, V. Terzi. -2014- Genetica Vegetale, in *GENETICA*, ed S. Pimpinelli. Casa Editrice Ambrosiana Milano p 155-221
12. Stanca A.M., A. Gianinetti, F. Rizza, V. Terzi (in Press) Barley: An Overview of a Versatile Cereal Grain with Many Food and Feed Uses. *Encyclopedia of Food Grains* – Elsevier. DOI10.1016/B978-0-12-394437-5.00021-8
13. Terzi V., G. Tumino. *Genomica a supporto della difesa* (submitted)
14. Tondelli A. et al. 2013. Structural and temporal variation in genetic diversity of European Spring two-row barley cultivars and association mapping of quantitative traits. *The Plant Genome* 6: 1-14
15. Vitulo Nicola; Hana Simková; Giorgio Valle; Alessandro Albiero; Paolo Bagnaresi; Davide Campagna; Luigi Cattivelli; Moreno Colaiacovo; Francesca Dal Pero; Jaroslav Doležal; Primetta Faccioli; Paolo Facella; Claudio Forcato; Giulio Gianese; Giovanni Giuliano; Marie Kubaláková; Antonella Lamontanara; Loredana Lopez; Gaetano Perrotta; Marco Pietrella; Antonio Michele Stanca. 2011. First survey of the wheat chromosome 5A composition through a next generation sequencing approach. *PLoS one* 6(10):e26421
16. Westengen O.T. et al. 2013. Global ex-situ crop diversity conservation and the Svalbard Global Seed Vault: assessing the current status. *PLoS one* 8(5): e64148
17. Wolters P.J. et al. 2013. Evidence for regulation of columnar habit in apple by a putative 2OG-Fe(II) oxygenase. *New Phytol.* 200: 993-999

