

GENOMICA E METAGENOMICA PER UNA NUOVA AGRICOLTURA

LO STUDIO DEI GENOMI STA CAMBIANDO LE SCIENZE AGRARIE, PERMETTENDO DI IDENTIFICARE LA VARIABILITÀ NATURALE UTILE PER I SISTEMI PRODUTTIVI. LA METAGENOMICA CONSENTE UN MONITORAGGIO AMBIENTALE BASATO SULL'ANALISI DEL DNA, DANDOCI LA POSSIBILITÀ DI DESCRIVERE IN MODO NUOVO LA BIODIVERSITÀ AGRARIA.

La genomica si occupa dello studio dei genomi di tutti gli organismi viventi, sia per decifrarne la struttura, che per definirne la funzione. Quindi, in parole semplici, studia il Dna (costituito da quattro mattoncini, cioè i quattro nucleotidi indicati con le lettere A, C, G e T) che è alla base della biologia. L'ordine in cui sono posizionati i nucleotidi nel Dna determina la struttura e la funzione dei genomi. Il sequenziamento è la tecnica che permette di determinare l'ordine di posizionamento di questi nucleotidi nel Dna. I genomi sono complessi perché sono costituiti da milioni o da miliardi di nucleotidi. Questi numeri possono far intuire che studiare i genomi non è proprio semplice. L'esplosione della genomica si è avuta con l'avvento delle nuove tecnologie di sequenziamento del Dna, le cosiddette tecnologie di *next generation sequencing* (Ngs). Queste permettono di sequenziare milioni o miliardi di frammenti di Dna a una velocità incredibile con costi estremamente contenuti. La genomica fa uso anche di altri strumenti che permettono, ad esempio, di analizzare le differenze nel Dna di soggetti diversi entro la stessa specie: sono gli strumenti di *high throughput genotyping* che determinano il genotipo in migliaia di posizioni polimorfiche. I dati genomici sono dei *big data* e per analizzarli è necessario usare approcci computazionali specifici, che trovano nella bioinformatica la disciplina che unisce l'informatica alla biologia.

La genomica in agricoltura

La genomica ha cambiato il volto della medicina con il sequenziamento del genoma umano e sta cambiando l'agricoltura con il sequenziamento del genoma delle principali specie di interesse agrario, comprendendo in questo ambito non solo le specie animali e vegetali che determinano le produzioni,



ma anche le specie che caratterizzano gli ambienti agrari, forestali e zootecnici nella loro biodiversità.

Come e perché la genomica sta rivoluzionando le scienze agrarie? La genomica permette, ad esempio, di descrivere in modo preciso la diversità entro specie e permette di identificare la variabilità naturale utile per i diversi sistemi produttivi. Le diverse varietà vegetali o razze animali si differenziano tra loro per specifiche differenze a livello dei rispettivi genomi (quindi nell'ordine dei loro nucleotidi) che ne determinano le diversità nelle caratteristiche agronomiche.

All'interno di una stessa popolazione segregano varianti (cioè sono presenti individui con mutazioni naturali) che possono risultare particolarmente utili nei contesti produttivi: possono conferire la resistenza o la tolleranza a malattie o parassiti che, in soggetti non resistenti, porterebbero a perdite delle produzioni. Quindi, l'introduzione di queste varianti attraverso incroci nelle varietà coltivate o nelle linee allevate permette di ridurre l'utilizzo di fitofarmaci sulle colture o l'utilizzo di antibiotici negli allevamenti.

La selezione genomica rappresenta la nuova frontiera del miglioramento genetico negli animali di interesse zootecnico e sta entrando anche come nuova strategia nel settore del miglioramento genetico di alcune specie vegetali. Analizzando il genoma dei tori, ad esempio, è possibile prevedere il loro valore genetico anche per caratteri che non si esprimono in quegli animali (come ad esempio la produzione di latte) e quindi poter prevederne l'utilizzo bypassando la lunga valutazione genetica dei classici *progeny-test*. Il vantaggio è evidente, in quanto si riescono ad ottenere valutazioni attendibili dei torelli ancora prima che possano essere utilizzabili come riproduttori. I vantaggi che la selezione genomica apporta sono evidenti anche nei suini (Samorè e Fontanesi, 2016). Un altro aspetto della sostenibilità delle produzioni riguarda la possibilità di difenderle da eventuali frodi commerciali. L'analisi del genoma di piante e animali permette di identificare polimorfismi del Dna utilizzabili per l'autenticazione e per la tracciabilità a diversi livelli delle produzioni (Fontanesi, 2017).

Metagenomica, nuove prospettive per l'analisi del Dna ambientale

Se la genomica studia e analizza i genomi uno alla volta, la metagenomica può considerarsi come una evoluzione della genomica: la metagenomica cerca di descrivere la biologia in modo aggregato, trascendendo dall'organismo nella sua individualità, ma catturando informazioni sulle comunità biologiche presenti nei contesti analizzati partendo dal Dna che si riesce a estrarre da matrici ambientali diverse (ad esempio un terreno, l'acqua campionata in una pozzanghera, la superficie di una foglia, il contenuto intestinale di un insetto ecc.).

La metagenomica ha bisogno della genomica, perché deve poter attribuire le sequenze di Dna che sono ottenute con le tecnologie Ngs ai corrispondenti organismi e alle parti specifiche del loro genoma. La metagenomica può essere applicata a diversi contesti attraverso l'analisi di una singola e specifica regione del Dna identificabile in tutte le specie che si vogliono caratterizzare (ad esempio un frammento target).

In questo caso, l'analisi delle informazioni prodotte è relativamente semplice dal punto di vista computazionale. La metagenomica può analizzare indistintamente tutto il Dna che il contesto richiede (*whole Dna sequencing*), ma in questo caso l'interpretazione bioinformatica delle informazioni di sequenza è abbastanza complicata, anche se in teoria dovrebbe permettere una migliore descrizione del contesto biologico a cui si riferisce l'analisi stessa. La metagenomica cattura le informazioni presenti nel Dna

ambientale (*environmental Dna* o eDna) indipendentemente dalla presenza o meno di organismi. Ogni ambiente infatti contiene tracce di Dna derivate dagli organismi che lo hanno visitato o che sono state riportate in quell'ambiente attraverso il vento, l'acqua o altri organismi vettori.

Il Dna ambientale mette a disposizione un'altra informazione indipendente dalla presenza o meno degli organismi da cui è stato generato. Rappresenta quindi un segno lasciato nell'ambiente e che è possibile recuperare anche a distanza di tempo, dal momento in cui questa firma a base di Dna è stata generata, aprendo incredibili prospettive per l'analisi ambientale.

Ad esempio, recenti studi ottenuti all'Università di Bologna sull'analisi del Dna ambientale che si trova nel miele hanno permesso di mettere a punto un sistema di monitoraggio basato sulla presenza del Dna derivata da insetti produttori di melata la cui traccia è raccolta dalle api e che si ritrova a sua

volta nel miele (Utzeri et al., 2018). È possibile inoltre identificare nel miele tantissime altre tracce di Dna che le api hanno raccolto durante la loro attività di impollinazione e raccolta del nettare e utilizzare questa informazione per lo sviluppo di nuovi modelli ambientali e di predizione epidemiologica (Bovo et al., 2018).

Viviamo nell'era della genomica. La genomica sta cambiando l'agricoltura negli aspetti di una rinnovata sostenibilità a servizio degli agricoltori e degli allevatori oltre che dei consumatori. Il monitoraggio ambientale basato sull'analisi del Dna sta rivoluzionando anche questo ambito, con la possibilità di descrivere in modo nuovo la biodiversità agraria.

Luca Fontanesi

Dipartimento di Scienze e tecnologie agroalimentari, Università di Bologna

BIBLIOGRAFIA

Bovo S., Ribani A., Utzeri V.J., Schiavo G., Bertolini F., Fontanesi L., 2018, "Shotgun metagenomics of honey DNA: Evaluation of a methodological approach to describe a multi-kingdom honey bee derived environmental DNA signature", *PLoS One*, 13, e0205575.

Fontanesi L., 2017, "Chapter 19: Meat Authenticity and Traceability", in *Lawrie's Meat Science*, 8th Edition, Editor: Toldrá F. - Woodhead Publishing, Elsevier, Oxford, UK, pp. 585-633.

Samorè A.B., Fontanesi L., 2016, "Genomic selection in pigs: State of the art and perspectives", *Italian Journal of Animal Science*, 15 (2), pp. 211-232.

Utzeri V.J., Schiavo G., Ribani A., Tinarelli S., Bertolini F., Bovo S., Fontanesi L., 2018, "Entomological signatures in honey: an environmental DNA metabarcoding approach can disclose information on plant-sucking insects in agricultural and forest landscapes", *Scientific Reports*, 8, 9996.

RAPPORTO EFSA

IL RAPPORTO 2016 SUI RISULTATI DEL MONITORAGGIO DEI RESIDUI DI MEDICINALI E ALTRE SOSTANZE NEGLI ALIMENTI IN UE



Secondo il *Report for 2016 on the results from the monitoring of veterinary medicinal product residues and other substances in live animals and animal products*, i dati di monitoraggio raccolti

nel 2016 per farmaci veterinari, per sostanze non autorizzate e per contaminanti in animali e alimenti di origine animale indicano alti tassi di rispetto dei limiti di residui fissati dall'Ue. La percentuale di non osservanza nei campioni mirati (quelli prelevati per rilevare un sospetto uso illecito o verificare il mancato rispetto dei livelli massimi) è stata dello 0,31%, che rientra nell'intervallo 0,25%-0,37% riferito nel corso degli otto anni precedenti.

Il tasso di non conformità per contaminanti chimici come i metalli si è rivelato superiore a quello di altri gruppi di sostanze. I tassi di non conformità per i lattoni dell'acido resorcilico (composti attivi sul sistema ormonale che possono essere artificiali o prodotti da funghi), le micotossine (tossine fungine) e gli agenti anti-tiroidei sono tutti diminuiti nel 2016. Inoltre, rispetto agli anni precedenti, sono state segnalate la massima frequenza e la minima frequenza di campioni non conformi, rispettivamente, per farmaci anti-infiammatori non steroidei e per antibatterici. Il monitoraggio di queste sostanze da parte dell'Ue aiuta a proteggere i consumatori e gli animali, garantendo un alto grado di conformità ai regolamenti Ue. I dati sono riferiti a 710.000 campioni provenienti da 27 dei 28 Stati membri dell'Ue.

Il rapporto è disponibile alla pagina www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-1358