



Società Italiana di Genetica Agraria

**Valorizzazione e salvaguardia delle Risorse Genetiche Vegetali
d'interesse Agrario e Alimentare (RGVAA)**

Documento redatto a seguito del workshop:

“Coordinamento delle politiche di conservazione e utilizzo delle
risorse genetiche vegetali per attività di ricerca e per il
miglioramento genetico”

Piacenza, 6 settembre 2022

Portici, 11 dicembre 2023

Sommario

Scopo e sintesi del documento.....	3
Introduzione: contesto e definizioni.	6
2. Politiche di conservazione <i>ex situ</i> e <i>in situ</i> in Italia: aspetti salienti e criticità.....	7
2.1 Il patrimonio italiano di RGVAAs e il relativo sistema di gestione.	7
2.2 Proposte per una strategia integrata per la conservazione delle RGVAAs.....	8
3. Caratterizzazione delle RGVAAs in Italia – aspetti salienti e criticità.....	9
3.1 Caratterizzare con marcatori semplici, economici e condivisi.	9
3.2. Il sequenziamento dei genomi e le informazioni delle sequenze digitali (DSI).	9
3.3. Utilizzazione delle DSI nella genetica agraria.	10
3.4. Gli attori della gestione delle DSI.	10
3.5. Proposte per una strategia integrata.	10
4. Sistema di accesso, scambio e uso delle RGVAAs.....	11
4.1 Normative per l’accesso, scambio e uso delle RGVAAs (risorse materiali).....	11
4.2 Accesso, scambio e uso delle DSI (risorse immateriali).....	11
4.3 Proposte della comunità scientifica per una strategia integrata di <i>Open Access</i> e <i>Benefit-Sharing</i>	12
5. Riferimenti bibliografici e letture utili.	13
Appendice 1.....	14
Appendice 2.....	15
Appendice 3.....	16
Appendice 4.....	17

Scopo e sintesi del documento

La Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA) ha inteso stilare un documento che presenti il punto di vista della Società riguardo l'attuale sistema di valorizzazione e salvaguardia delle Risorse Genetiche Vegetali d'interesse Agrario e Alimentare (RGVAA), focalizzandosi sul contesto italiano. A tal fine, in occasione del 65° Congresso Annuale della Società (Piacenza, 6 settembre 2022), è stato organizzato un Workshop sul "Coordinamento delle politiche di conservazione e utilizzo delle risorse genetiche vegetali per attività di ricerca e per il miglioramento genetico". Nel corso del dibattito sono intervenuti numerosi esperti del settore che hanno evidenziato le potenzialità del settore, ma anche molteplici criticità dell'attuale sistema di conservazione e valorizzazione delle RGVAA e proposte di miglioramento dello stesso. Il dibattito si è focalizzato, in particolare:

- sulle politiche di conservazione *ex situ* e di promozione *on farm*
- sull'impiego delle RGVAA nella ricerca
- sull'uso dei dati digitali (ad es. *Digital Sequence Information*), guardando al panorama italiano ed estero ed a sinergie e obiettivi condivisi tra il mondo della ricerca pubblica e l'applicazione nel settore delle imprese private.

Questo documento sintetizza quanto emerso dal Workshop e costituisce anche una raccolta di informazioni aggiornabili nel tempo. Il Consiglio Direttivo della SIGA (2021-2023) e gli esperti che hanno partecipato al Workshop e alla stesura, coordinati dal Socio Donato Giannino, auspicano che questo documento possa costituire uno strumento utile per sviluppare position papers da sottoporre alle Sedi Istituzionali competenti o testi divulgativi con l'obiettivo di stimolare un dibattito costruttivo volto alla pianificazione di strategie più efficaci per la gestione delle RGVAA, intese come bene collettivo nazionale.

Il documento è articolato in 5 sezioni, e dalla 2 alla 4 approfondisce i rapporti fra tre fasi cruciali relative alle RGVAA - la catalogazione e conservazione, la caratterizzazione, l'accesso/scambio/uso delle risorse - e il sistema ricerca, le politiche di conservazione, e le normative di applicazione e sfruttamento delle risorse fisiche e immateriali.

1) Introduzione: contesto e definizioni

Vengono fornite informazioni su RGVAA e agro-biodiversità.

2) Politiche di conservazione *ex situ* e promozione *in situ* (*on farm*)

Vengono trattati gli effetti delle attuali politiche di conservazione nel favorire, o sfavorire, l'identificazione del germoplasma patrimonio italiano, la conservazione razionale ed efficace delle RGVAA e il libero accesso alle stesse.

Emerge la necessità di:

- censire il numero dei registri, delle specie collezionate, di ridurre la ridondanza delle accessioni,
- condividere/standardizzare protocolli per la conservazione/catalogazione,
- operare scelte sulle specie strategiche,
- garantire fondi costanti per la conservazione,
- generare portali coordinati, di semplice fruibilità.

3) Attività di caratterizzazione delle RGVAA

Le attività di ricerca vanno dalla fenotipizzazione multilivello (fenomica, trascrittomica, proteomica, metabolomica) alla caratterizzazione della variazione di sequenza del genoma (genotipizzazione e

sequenziamenti/genomica). Questa caratterizzazione, oltre ad essere necessaria all'impiego di una risorsa genetica, ne comporta un importante aumento di valore.

Dalla discussione emerge che:

- i programmi di ricerca hanno generato megadati (dalla singola cultivar ai pangenomi);
- i programmi di ricerca hanno generato databases utili a livello locale e globale;
- è necessario coordinare i database/portali dei diversi enti e progetti.
- è necessario coordinare gli Enti di ricerca in merito alla caratterizzazione "omica", ai fini di un uso efficace nel miglioramento genetico (MG) e di una conservazione razionalizzata.

4) Accesso, scambio e uso delle RGVAAs fisiche e dei dati digitali associati

Sono stati discussi le applicazioni e l'impiego delle RGVAAs fisiche e dei dati digitali (in particolare DSI) nel MG e le politiche di redistribuzione dei benefit generati.

Vengono trattati i seguenti aspetti:

- l'impatto delle regole del Protocollo di Nagoya e dell'*International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture* (IT-PGRFA) per l'accesso alle risorse genetiche e in particolare alle RGVAAs;
- l'opportunità dell'opzione *Open Access* (OA) per tutti i dati immateriali;
- l'opportunità di un ripensamento dell'*Access Benefit Sharing* (ABS).

5) Riferimenti bibliografici e documenti utili

Appendici

Ringraziamenti

La Società Italiana di Genetica Agraria ringrazia Donato Giannino per il coordinamento del lavoro che ha portato a sviluppare questo documento.

Ringrazia inoltre Teodoro Cardi, Mara Ercolano, Edgardo Filippone, Andrea Mazzucato, Elisabetta Mazzucotelli, Daniele Rosellinie Ignazio Verde per i loro contributi.

Questo documento è dedicato alla memoria di Marina Tucci.

Introduzione: contesto e definizioni.

Oggi l'alimentazione mondiale è basata su un centinaio di specie vegetali su un totale stimato di 350.000; in concreto, circa 100 specie soddisfano il 90% del fabbisogno umano di alimenti e soltanto poche (tra esse frumento, mais, riso, orzo, soia e patata, ampiamente coltivate anche in Italia) forniscono circa il 60% delle calorie.

Secondo stime FAO, la **diversità genetica** si è ridotta del 75% a seguito di processi millenari di domesticazione e selezione, che dalle forme originarie hanno prodotto le attuali varietà coltivate, a vantaggio di un incremento esponenziale della produzione. Tuttavia, la diffusione di un genotipo migliore dei precedenti ne comporta inevitabilmente l'abbandono, con il rischio di perdere il loro patrimonio genetico (erosione genetica). D'altro canto, il miglioramento genetico, necessario per fronteggiare le attuali sfide dell'incremento della popolazione mondiale e delle conseguenze dei cambiamenti climatici e altre esigenze oggi non prevedibili, è possibile solo realizzando nuove combinazioni di geni. La selezione di nuove varietà, quindi, è e sarà anche in futuro dipendente dalla possibilità di attingere geni e caratteri utili da specie selvatiche o varietà ormai in disuso e/o di generare nuova diversità a partire da quella esistente. Ad esempio, l'analisi (*screening*) di RGVA ha consentito di identificare in specie selvatiche geni che conferiscono resistenza a nuove malattie, per poi trasferirli alle specie coltivate sessualmente compatibili mediante programmi di incrocio. Tra i più recenti successi, le specie selvatiche affini al pomodoro hanno fornito i geni di resistenza contro un virus molto aggressivo, il *Tomato Brown Rugose Fruit Virus*, geni che sono stati rapidamente trasferiti a varietà commerciali.

L'**agro-biodiversità (AB)**, secondo la definizione della FAO (<https://www.fao.org/3/y5609e/y5609e01.htm>) è il risultato dei processi di selezione naturale e della selezione dell'uomo nel corso dei millenni e include tutti gli organismi utili all'agricoltura ed è un sottoinsieme della biodiversità. **Limitatamente alle piante coltivate**, l'AB si definisce **Risorse Genetiche Vegetali d'interesse Agrario e Alimentare (RGVA)**: queste includono le specie/forme coltivate, i corrispondenti progenitori selvatici e le specie affini.

La crisi climatica e la crescita della popolazione mondiale pongono sfide epocali ai sistemi produttivi che hanno bisogno di adeguarsi tempestivamente, in un contesto di riduzione degli input, degli sprechi, dell'aumento della sostenibilità e del mantenimento degli standard produttivi. L'AB è imprescindibile per rispondere a queste sfide ed è quindi una risorsa fondamentale per l'umanità che va **conservata, catalogata, caratterizzata e condivisa, per poi rendere possibile il suo utilizzo in maniera efficace e sostenibile**.

In particolare, per il genetista agrario, la caratterizzazione genetica delle RGVA rappresenta la chiave di volta del sistema, perché se da un lato ne permette un utilizzo mirato, dall'altro ne supporta la catalogazione e quindi una conservazione razionale ed efficiente. Una caratterizzazione efficace necessita di analisi fenotipiche/morfologiche (ad es. il portamento della pianta e la resistenza agli stress) e genetiche per caratteri rilevanti sulla base delle conoscenze scientifiche più avanzate e delle recenti innovazioni tecnologiche, ad es. le scienze "omiche". Per quanto riguarda l'uso delle RGVA, esse **vanno rese accessibili agli attori della produzione del seme** (più in generale del materiale di propagazione) per la garanzia del benessere globale. Il seme e ogni altro tipo di propagulo, costituiscono il primo anello della produzione alimentare e sono il risultato di una filiera (*pre-breeding, breeding*, costituzione di nuove varietà, moltiplicazione, lavorazione del materiale di propagazione, confezionamento e distribuzione) che unisce ricerca, agricoltura e industria, includendo scienziati, tecnici selezionatori (*breeders*), imprenditori e ultimamente, anche se in maniera contenuta, i cittadini.

2. Politiche di conservazione *ex situ* e *in situ* in Italia: aspetti salienti e criticità.

Le RGVAAs sono così classificate nelle linee guida del Ministero dell'Agricoltura e Sovranità Alimentare e Forestale (MASAF):

- specie spontanee/selvatiche (*wild species*), ossia non domesticate, inclusive di specie medicinali, forestali, foraggere e dei diretti progenitori delle specie coltivate (*crop wild relatives*), presenti in natura e con elevata variabilità nelle aree geografiche che sono state centri di origine e diversificazione/domesticazione delle stesse;
- ecotipi (*ecotypes*), popolazioni spontanee adattate ad un ambiente specifico;
- varietà/popolazioni locali/antiche (*local/farmer/folk varieties* o *landraces*), selezionate nel tempo dagli agricoltori, adattate ai diversi ambienti agrari e legate al patrimonio culturale di un territorio;
- cultivar commerciali obsolete;
- varietà moderne e/o migliorate che derivano da specifici programmi di miglioramento genetico.

Non si possono trascurare, infine, le popolazioni sperimentali (popolazioni segreganti ottenute da incrocio e caratterizzate da alta variabilità) e/o stock genetici che includono mutanti di qualsiasi origine (ad es. indotti a scopo di ricerca).

Le RGVAAs sono conservate *in situ/on farm*, ossia nel loro habitat naturale, o in riserve o in campi coltivati all'interno di specifici agrosistemi, oppure *ex situ*. In questo ultimo caso, sono conservate prevalentemente nelle banche del germoplasma (sotto forma di semi e organi per la propagazione vegetativa, di espianti *in vitro* e DNA) o *in vivo* nei campi collezione o in orti botanici e aree protette (in particolare le specie arboree). Per tutte le RGVAAs, la coesistenza dei due sistemi (*in situ/ex situ*) è condizione ottimale: da una parte, la conservazione *ex situ* in pochi centri di riferimento garantisce una maggiore accessibilità, l'applicazione di protocolli di conservazione standardizzati e la possibilità di reintrodurre le RGVAAs negli ambienti originali; d'altra parte, la conservazione *in situ/on farm* comporta il continuo adattamento del germoplasma e quindi permette di conservare le dinamiche evolutive delle popolazioni.

2.1 Il patrimonio italiano di RGVAAs e il relativo sistema di gestione.

L'Italia è un centro di origine per alcune specie ortive e industriali (ad es. alcune brassicacee, carciofo, melone, bietola, ecc.) ed è particolarmente ricca di popolazioni/varietà locali tradizionali per molte specie coltivate (ad es. frumento, vite, olivo, ecc.). Inoltre, sono presenti molte "collezioni di lavoro" utilizzate a scopo di ricerca appartenenti ad enti quali CNR, CREA e Università, con una stima totale di oltre 60 mila accessioni (Cardi et al., 2018).

In Italia, l'AB è gestita da un sistema legislativo complesso, frammentato fra le diverse competenze dei ministeri (MASAF, MISE, MASE e MUR) e Regioni, talora in contesti di lenta interazione. Con riguardo alla catalogazione e conservazione delle RGVAAs, di rilevante importanza è la legge 194 del 2015 *Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità agraria e alimentare* che regola diversi aspetti individuati nel precedente "Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agricolo" (MIPAAF, 2008). Con la suddetta Legge (artt. 3, 4, 5) il Ministero dell'Agricoltura dell'epoca ha istituito l'Anagrafe, la Rete e il Portale Nazionale delle RGVAAs e le modalità/linee guida per la loro conservazione. Diverse Regioni, inoltre, in questi anni si sono dotate di leggi e regolamenti per la salvaguardia delle "proprie" RGVAAs, attraverso l'istituzione di registri volontari, reti di conservazione e banche regionali.

Circa l'Anagrafe Nazionale (AN), per ogni RGVAAs da iscrivere bisogna seguire un'istruttoria che prevede valutazioni da parte della Regione di interesse e dal MASAF. Di fatto, una Regione con

legge propria ha il repertorio regionale, l'AN e la sezione del catalogo sementiero dedicata alle varietà da conservazione dove iscrivere le proprie risorse. Ad oggi, l'AN include gli elenchi di solo 8 Regioni (Toscana, Umbria, Marche, Emilia-Romagna, Lazio, Campania, Basilicata e Puglia), contando 3.376 voci, di cui 80% arboree e 20% erbacee, con enorme sottostima della situazione reale per le erbacee (456 contro le oltre 1.600 rilevate da recente studio (Giupponi et al., 2021, <https://www.mdpi.com/1424-2818/13/2/70>).

La Rete Nazionale è costituita dai conservatori delle RGVAAs, che possono essere sia centri di conservazione *ex situ*, sia agricoltori "custodi" che praticano la conservazione *in situ/on farm*; anche in questo caso, la procedura di iscrizione richiede un iter complesso con requisiti specifici e assunzione di vari impegni. Queste figure **fanno fatica a condividere un protocollo di conservazione "standardizzato e partecipato"** e a beneficiare della possibilità di far circolare le RGVAAs tra gli iscritti alla Rete come "una modica quantità di materiale di riproduzione senza scopo di lucro e nell'ambito locale di riferimento della risorsa genetica". Tale quantità, riferita ad ogni singola specie, è intesa come quella "necessaria a mantenere l'interesse per le varietà locali a rischio di estinzione o di erosione genetica iscritte nell'Anagrafe nazionale e far conoscere e valorizzare le caratteristiche culturali di quest'ultime" ed è stabilita dal decreto del Direttore Generale dello Sviluppo Rurale, previo parere di un Comitato Permanente (L. 194, art. 8.), costituito da 13 membri rappresentanti di Ministeri, Regioni e Confederazioni.

Il Portale Nazionale, infine, ha il compito di far confluire le informazioni delle singole banche dati. Si discute da tempo se a tale scopo si possa adattare la piattaforma "plantResA" (<http://plantares.politicheagricole.it/pages/project.php>) del progetto RGV, finanziato dal MASAF, attivo da oltre 18 anni, volto a implementare in Italia il Trattato Internazionale FAO (IT-PGRFA) o di generare una nuova piattaforma, più adeguata ad una rete ampia, che si possa interfacciare con il quadro europeo.

L'Italia è custode di RGVAAs, ma bisogna prendere atto che, ad oggi, si ha ancora una **limitata conoscenza sulla consistenza, la diversità e l'inevitabile ridondanza delle RGVAAs**. L'AB di molte regioni deve essere ancora caratterizzata e molte sono le varietà locali tradizionali non censite, ma coltivate in Italia da aziende agricole o agricoltori hobbisti. Per quanto riguarda la conservazione *ex situ*, la prima e unica banca di germoplasma nazionale è stata realizzata a Bari nel 1970 (<https://www.ibbr.cnr.it//mgd/>) seguita da molti altri centri di conservazione, banche e collezioni di germoplasma, in continua proliferazione, distribuite tra CNR, CREA, Università e Regioni (**Appendice 1**). Rispetto al grande patrimonio presente in Italia, **le definizioni della L. 194 sulle RGVAAs fanno riferimento principalmente a quelle "locali"** (o autoctone, perché originarie di uno specifico territorio, o alloctone non invasive introdotte da lungo tempo, naturalizzate e integrate tradizionalmente nell'agricoltura di un territorio di riferimento) **e a quelle "da conservazione"**, in quanto originarie di uno specifico territorio, ma scomparse e conservate in orti botanici, allevamenti, centri di conservazione e di ricerca in altre regioni o Paesi, e quindi a rischio di estinzione. Pertanto, sono escluse dalla Legge, ma anche dai finanziamenti per la conservazione, le altre fonti di variabilità quali specie selvatiche, cultivar obsolete, stock genetici, mutanti.

Nella situazione attuale è **urgente e necessario incrementare il sostegno finanziario** (art. 10) in termini di certezza/continuità per l'ammodernamento, l'ampliamento, la gestione delle attività ordinarie e la manutenzione degli impianti **dei centri di conservazione**, con il potenziamento di alcuni settori dei sistemi *ex situ* (ad es. erbari, banche del DNA, crioconservazione, conservazione *in vitro*), favorendo lo sviluppo di competenze di personale dedicato

2.2 Proposte per una strategia integrata per la conservazione delle RGVAAs.

Si ritiene necessario il rafforzamento del sistema di conservazione *ex situ* e l'integrazione con quella *in situ*, delle specie strategiche per il nostro Paese attraverso:

- costituzione di un organismo unico (autorità nazionale) con due funzioni chiave: a) responsabilità tecnico-operativa per il mantenimento *ex situ* a lungo termine delle collezioni e per il coordinamento delle attività legate alla conservazione *in-situ* ed *ex-situ*; b) rappresentanza italiana fra gli organismi internazionali;
- costituzione di una rete di strutture fisiche per la “centralizzazione” della conservazione *ex situ* e della distribuzione delle RGVAAs (alla comunità scientifica e soggetti interessati), combinate a piattaforme di pre-breeding, necessarie per accelerare l’uso dei materiali conservati da parte di ricercatori e *breeder*;
- costituzione di “comitati scientifici specifici di esperti” per il coordinamento delle azioni di moltiplicazione e caratterizzazione a livello nazionale, con integrazione coordinata nei sistemi europei con particolare attenzione ai materiali “difficili” come specie selvatiche e stock genetici, almeno per le specie o gruppi di specie più importanti;
- costituzione di strutture regionali per la distribuzione dei propaguli (semi, piantine etc.) agli agricoltori per la moltiplicazione *in situ/on farm* (in azienda) e la coltivazione delle RGVAAs tradizionali locali, secondo le vigenti norme fitosanitarie e delle direttive sull’uso delle varietà da conservazione;
- razionalizzazione e differenziazione del supporto economico, tramite finanziamenti di tipo: a) strutturale per le attività di reperimento, conservazione, moltiplicazione e distribuzione (tipiche delle banche di germoplasma), e caratterizzazione fenotipica/genotipica delle RGVAAs; b) competitivo, per attività di ricerca, che non sottraggano risorse al finanziamento di tipo (a).

3. Caratterizzazione delle RGVAAs in Italia – aspetti salienti e criticità.

3.1 Caratterizzare con marcatori semplici, economici e condivisi.

La conservazione e catalogazione delle RGVAAs è accompagnata dalla loro caratterizzazione, che avviene a diversi livelli, ad es. botanico, morfologico, agronomico, e comprende i rapporti con le tradizioni di un territorio e le denominazioni locali. I genetisti si occupano di caratterizzazioni fenotipiche – i caratteri “visibili” – e genotipiche a livello di DNA, adoperando marcatori molecolari, ossia sequenze di DNA caratteristiche distribuite nel genoma di un individuo, ottenute con tecnologie di varia complessità. La caratterizzazione genotipica (genotipizzazione) permette di identificare e distinguere in modo univoco ogni accessione nei cataloghi delle RGVAAs e quindi il riconoscimento delle ridondanze, cioè accessioni con nome diverso ma geneticamente equivalenti e il conseguente sviluppo di idonee strategie per il mantenimento e la conservazione del germoplasma. Dall’esperienza maturata in diverse specie orticole, si deduce che sarebbero opportune linee guida per definire **un set minimo di marcatori di facile rilevazione (barcoding)**, che sia strettamente condiviso dai conservatori di RGVAAs.

3.2. Il sequenziamento dei genomi e le informazioni delle sequenze digitali (DSI).

Le nuove tecnologie genomiche consentono la caratterizzazione del germoplasma con una elevata risoluzione, attraverso migliaia di marcatori molecolari, fino al sequenziamento completo di uno o più individui di ciascuna specie coltivata. Da oltre 20 anni l’Italia finanzia progetti nazionali e internazionali che hanno prodotto le sequenze dell’intero genoma di piante importanti per l’alimentazione e l’agricoltura italiana (ad es. frumento, vite, olivo, pomodoro, patata, melo, pero, pesco, fragola, agrumi); alcune di queste sequenze sono state rese disponibili alla comunità scientifica, fornendo strumenti di indagine genomica ad alta processività, aperti e spesso gratuiti. A queste conoscenze genomiche è stato recentemente associato l’acronimo digital sequence

information (DSI), terminologia che designa diverse tipologie di dati, raccolti in database come informazioni digitali (sinonimo: Genetic Sequence Data). Oltre alle sequenze di DNA e RNA, le DSI possono anche includere altre categorie di informazioni digitalizzabili quali sequenze proteiche, metaboliti e caratteri fenotipici.

3.3. Utilizzazione delle DSI nella genetica agraria.

Le DSI sono un potente strumento per la conservazione e l'uso delle RGVA. L'uso di marcatori molecolari consente di stimare con precisione la diversità e le ridondanze entro e tra collezioni e di fornire indicazioni sulle azioni migliori per il mantenimento e l'utilizzo del germoplasma. L'informazione di sequenza è soprattutto un tassello tra i tanti necessari per stabilire la funzione dei geni e spiegare le differenze fenotipiche che vediamo nelle RGVA: la genotipizzazione delle collezioni con un elevato numero di marcatori molecolari, associata alla fenotipizzazione, permette l'identificazione di regioni genomiche che regolano caratteri di interesse agronomico; all'interno di queste regioni, la disponibilità di informazioni di sequenza è fondamentale per velocizzare l'identificazione degli specifici geni responsabili della variabilità dei caratteri fenotipici.

Altri esempi di uso delle DSI nel miglioramento genetico sono la selezione assistita da marcatori e la selezione genomica per caratteri agronomici importanti per la sicurezza alimentare e la nutrizione. Infine, l'applicazione di nuove tecniche di evoluzione assistita (TEA) basate sull'editing del genoma necessitano delle conoscenze di genomica strutturale e funzionale basate sulle DSI (per la progettazione degli RNA guida necessari per produrre le modifiche desiderate).

3.4. Gli attori della gestione delle DSI.

Il ruolo centrale è dei governi e delle istituzioni pubbliche che sostengono costi alti per la manutenzione dei database pubblici (che superano il numero di 1.500) e per mantenere le informazioni accessibili gratuitamente. Anche le riviste scientifiche e gli enti erogatori dei finanziamenti per ricerche di genomica contribuiscono a mantenere le DSI ad accesso aperto. Nel primo caso, le riviste scientifiche richiedono, come prerequisito per pubblicare i risultati delle ricerche, che le DSI prodotte e/o utilizzate negli articoli siano messe a disposizione in database pubblici. Molti enti finanziatori iniziano a imporre l'obbligo di rendere pubbliche le DSI prodotte dalle ricerche. L'Appendice 2 riporta un elenco di banche dati, non esaustivo, che evidenzia la frammentarietà della conservazione delle DSI. Se un certo grado di frammentarietà è inevitabile per la continua innovazione in questo campo, la distribuzione delle DSI in molteplici e diversi archivi informatici (repository), database e piattaforme ne rende difficile la piena valorizzazione e conservazione nel tempo.

3.5. Proposte per una strategia integrata.

Nel quadro descritto, che vede la collaborazione dell'Italia nella EU e nel mondo per la caratterizzazione delle RGVA, appare necessaria la costituzione di una rete di piattaforme di database nazionale in grado di interfacciarsi con quelle esterne. Occorrerebbe costituire un'infrastruttura informatica (piattaforma/rete coordinata di piattaforme) per la gestione dei dati (accesso, condivisione, uso), aperta anche a utenti non specialistici e lo sviluppo di piattaforme di pre-breeding al fine di accelerare l'uso da parte dei ricercatori dei materiali conservati, tenendo conto anche che il settore privato e le istituzioni pubbliche che agiscono in modo privato possono generare e utilizzare le DSI per stabilirne la proprietà intellettuale (IP).

4. Sistema di accesso, scambio e uso delle RGVA.

4.1 Normative per l'accesso, scambio e uso delle RGVA (risorse materiali).

L'accesso e l'uso delle RGVA sono regolate da due normative internazionali: il Trattato Internazionale sulle RGVA (acronimo inglese: IT-PGRFA), stabilito in ambito Nazioni Unite/FAO nel 2001 e recepito in Italia con L. 101 del 6/4/2004, e il Protocollo di Nagoya del 2010 (<https://www.cbd.int/abs/>), derivato dalla Convenzione sulla biodiversità (CBD, Rio 1992), recepito con Reg. 511/2014 dall'Unione Europea, ratificato da molti Stati membri ma non ancora dall'Italia. Le normative hanno come obiettivo comune la salvaguardia della biodiversità globale e la promozione dell'uso sostenibile delle RGVA, favorendo un approccio trasparente al commercio e allo scambio internazionale di tali risorse, attraverso distinte modalità di accesso e condivisione dei benefici (*Access and Benefit Sharing, ABS*).

L'IT-PGRFA è limitato a 64 specie (molte cerealicole, ma poche orticole con esclusioni importanti per l'Italia quali il pomodoro, la cipolla, le lattughe, ecc.). Esso riconosce il "privilegio del costitutore", cioè l'accesso e l'utilizzo legale di varietà protette per lo sviluppo di nuove varietà, include un accordo multilaterale standard di trasferimento del materiale (sMTA), snello e semplice, con il pagamento di un onere come percentuale della vendita del prodotto oppure di una quota forfettaria annuale; l'onere si annulla se la risorsa è impiegata a solo scopo di ricerca e non per scopi commerciali.

Al contrario, il Protocollo di Nagoya, che si applica a tutte le forme viventi, trascura sia le esigenze della ricerca applicata alla costituzione varietale sia i "privilegi del costitutore" e richiede un iter complesso di accesso alle risorse, clausole di ripartizione dei benefici, autorizzazioni e verifiche procedurali che incorrono in controlli e sanzioni commisurate alla gravità dell'infrazione. L'IT-PGRFA ha la priorità sul protocollo di Nagoya per le specie e gli usi che disciplina. La ratifica ufficiale dell'Italia al protocollo di Nagoya non è ancora avvenuta. Essa consentirebbe di completare il quadro operativo,

Ad oggi si registra una diversa visione tra il MASAF e il Ministero per l'Ambiente e la Sicurezza Energetica (MASE) sull'inclusione delle RGVA nel Protocollo di Nagoya o nell'IT-PGRFA. Quest'ultimo trattato prevedrebbe che le RGVA possano essere scambiate con regole più snelle e multilaterali. Per i genetisti agrari sarebbe utile un coordinamento più stretto tra soggetti con competenze diversificate, con l'auspicio che le RGVA siano sotto la giurisdizione di un solo Ministero e non soggette ai disciplinari del Protocollo di Nagoya.

4.2 Accesso, scambio e uso delle DSI (risorse immateriali).

Le DSI non sono una risorsa genetica e non sostituiscono il materiale genetico. Le DSI sono trasmesse, scambiate, modificate elettronicamente, senza il possesso del materiale biologico. È da chiarire come le DSI si collochino rispetto al possesso del materiale genetico/biologico e quale sia la regolamentazione necessaria per il loro scambio. A livello internazionale è aperta una discussione sull'identità delle DSI, sull'applicabilità del protocollo di Nagoya alle DSI, in particolare per l'ABS, e su quali possano essere le implicazioni dell'uso delle DSI per gli obiettivi del Trattato, compresi gli scambi, l'accesso e la giusta ed equa ripartizione dei benefici derivanti dal loro uso. Le definizioni di "Risorse genetiche" secondo l'art. 2 della CBD e l'art. 2 del IT-PGRFA indicano che queste devono contenere "unità funzionali di ereditarietà". Le DSI non sono quindi risorse genetiche, né materiale genetico. Definire le DSI al pari di risorsa/materiale genetico e assoggettarle al Protocollo di Nagoya prospetta effetti negativi sul progresso della conoscenza e l'innovazione perché ostacolerebbe l'accesso libero e la condivisione che, come detto, sono cruciali per l'uso sostenibile delle RGVA.

In Italia, ad esempio, la gestione, la caratterizzazione e le strategie innovative di conservazione delle collezioni di germoplasma *ex situ* di PGRFA sono state realizzate grazie alla disponibilità di marcatori molecolari liberamente disponibili. Il miglioramento genetico di caratteri legati a importanti caratteristiche agronomiche come la resistenza a malattie e parassiti e la tolleranza ai cambiamenti climatici è realizzato grazie alla disponibilità gratuita di DSI.

Una gestione ottimale delle DSI dovrebbe includere la promozione dei benefici forniti dalle DSI stesse, di tipo non monetario, che includono l'accesso facilitato alle risorse materiali, lo scambio di conoscenza e informazioni e l'accesso al trasferimento tecnologico che ne deriva. Nei Paesi in via di sviluppo esistono vincoli per la gestione, la generazione e l'analisi dell'informazione scientifica che, di fatto, ostacolano l'accesso, lo scambio e la condivisione dei benefici a causa di vincoli infrastrutturali (*digital divide*) e culturali (sociali, psicologici, economici). Si rendono necessarie politiche per rimuovere e limitare o mitigare questi vincoli bilanciandoli con la promozione, il rafforzamento e il sostegno ai Paesi in via di sviluppo nel generare, analizzare e gestire le DSI.

Gli scambi con i Paesi in via di sviluppo prevedono attualmente ABS. Un caso di accesso e condivisione giusta ed equa dei benefici delle informazioni genetiche, il cui beneficiario è stato un Paese in via di sviluppo, riguarda il lavoro dell'Istituto Internazionale di Agricoltura Tropicale (IITA) in Nigeria, che ha applicato la tecnologia di evoluzione assistita (TEA, editing genomico) per eliminare un endovirus (*streak virus*) dal genoma del banano. In breve, da un lato la disponibilità gratuita delle sequenze nucleotidiche (DSI) dei ceppi virali ha consentito la costruzione degli RNA guida per inattivare il virus, dall'altro la sequenza del genoma di banano è servita a controllare che non ci fossero effetti indesiderati (*off target*) rispetto alla modifica nel genoma. Tutti i dati di sequenza genetica sono stati ottenuti da laboratori localizzati in Paesi sviluppati e resi disponibili senza restrizioni al Paese in via di sviluppo, quale diretto beneficiario dell'accesso e dell'uso. Restrizioni all'uso delle DSI avrebbero ostacolato l'ottenimento dei risultati menzionati.

4.3 Proposte della comunità scientifica per una strategia integrata di *Open Access* e *Benefit-Sharing*.

Secondo la comunità scientifica, il libero accesso (*open access*, OA) è un requisito irrinunciabile tanto quanto il sostegno alla libera condivisione delle DSI. Un modello interessante è quello proposto da un gruppo di 17 scienziati (Scholz *et al.*, 2022) che prevede la condivisione multilaterale dei benefici derivanti dalle DSI, basata su OA e in grado di sostenere la ricerca scientifica e la conservazione della biodiversità (**Appendici 3 e 4**). Si rende quindi necessario abbandonare il sistema bilaterale per un nuovo sistema che tenga conto di questi obiettivi: OA, semplicità, armonizzazione, biodiversità, equità. In breve, si propone un quadro multilaterale di condivisione dei benefici della DSI in cui l'accesso alla DSI è "disaccoppiato" dalla condivisione dei benefici della DSI. Rispetto al tradizionale sistema ABS orientato al controllo, si tratta di una nuova idea di OA e ABS, necessaria per proteggere i benefici dell'OA riconoscendo che l'ABS può essere realizzato senza alterare drasticamente l'accesso da parte degli utilizzatori. Altre proposte in linea con gli stessi principi sono state avanzate e discusse (Halewood *et al.*, 2018; Sherman e Henry, 2021).

Secondo l'associazione che riunisce le principali industrie sementiere italiane (Assosementi) è auspicabile in generale lo sviluppo di politiche e meccanismi per generare benefici dedicati alle azioni di conservazione della biodiversità e per evitare una regolamentazione specifica dell'accesso/uso delle DSI, che genererebbe oneri amministrativi e di transazione per gli utenti e i fornitori, impedendo scambi e ricerche e rallentando il progresso e l'innovazione. In particolare, Assosementi ritiene utile:

- rafforzare la cooperazione tecnico-scientifica e di sviluppo delle competenze per l'uso delle RGVAAs;
- dare accesso alle RGVAAs con procedure semplici e standardizzate. Il trattato FAO, cui l'Italia aderisce dal 2004, è un sistema snello per l'accesso alle risorse e condivisione dei benefici;

- favorire l'“esenzione del costitutore” (breeders' exemption) come riconosciuta dalla International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV), che consente di accedere liberamente alle risorse, anche se tutelate, per la ricerca e la costituzione varietale;
- ampliare il numero di specie coinvolte dal Trattato FAO, rendendolo applicabile a tutte le RGVA, favorendo l'esclusione dal regime del Protocollo di Nagoya;
- favorire il libero scambio delle DSI, intese in senso largo, e sfavorire strumenti e operazioni atte a tracciare e rintracciare l'origine delle DSI come se fossero materiali vegetali e di pagamento per l'accesso alla singola DSI.

5. Riferimenti bibliografici e letture utili.

Agrobiodiversity- FAO <https://www.fao.org/3/y5609e/y5609e01.htm>

Bocci R. (2019). Il sistema agrobiodiversità in Italia. <https://rsr.bio/il-sistema-agrobiodiversita-in-italia/>

Crescenzi A. (2014). L'ABS nella Convenzione sulla biodiversità: il Protocollo di Nagoya, in Marchisio (a cura di), Scritti in memoria di Maria Rita Saulle, Napoli, 2014, pp. 399-414, ISBN 978-88-6342-652-6.

Cardi T. (2018). Opportunità per l'agricoltura dalle varietà locali e antiche. Terra e Vita n. 17. pagg. 64-67.

DSI by CBD. <https://www.cbd.int/conferences/post2020/wg2020-04/documents>

FAO key point panel

<https://www.fao.org/3/y5609e/y5609e02.htm#:~:text=%20Since%20the%201900s%2C%20some%2075,breeds%20are%20lost%20each%20month.>

FAO-NPS-Food Security <https://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/spi/soil-biodiversity/effect-of-human-activity-on-biodiversity/food-security/en/>

Giupponi et al. (2021). Diversity, doi: /doi.org/10.3390/d13020070

Halewood et al. (2018). New Phytologist, doi: 10.1111/nph.14993

Legge194 illustrata (2019). <http://germoplasma.arsia.toscana.it/Download/pubAgrob2019>

Nuova PAC (Policy Brief 6). https://www.reterurale.it/PAC_2023_27/PolicyBrief

Progetto ABC. <https://www.agrobiodiversitacampana.it>

Scholz et al. (2022), Nature Communications, doi:10.1038/s41467-022-28594-0

Sherman e Henry (2021). Molecular Plant, doi: 10.1016/j.molp.2021.03.005

Strategie UE per la biodiversità 2030.

<https://www.consilium.europa.eu/it/policies/biodiversity/#2030;%20https://www.consilium.europa.eu/it/press/press-releases/2020/10/23/council-adopts-conclusions-on-the-eu-biodiversity-strategy-for-2030/>

<https://data.consilium.europa.eu/doc/document/ST-11829-2020-INIT/en/pdf>

The Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits arising from their Utilization. <https://www.cbd.int/doc/strategic-plan/Nagoya-Protocol-on-ABS.pdf>

Verde I. (2022). La ricerca per l'agrobiodiversità: il programma RGV FAO e l'impegno del CREA | CREA futuro <https://creafuturo.crea.gov.it/4332/>

Verde I, Cattivelli L. (2019). CREA: Position on Digital Sequence Information - CBD NAGOYA CREA 18/06/2019

Appendice 1

Centri di conservazione "ex situ" e/o banche del germoplasma in Italia, siti attivi sulla rete al 2023

Regione Abruzzo

Abbruzzo-<https://www.parcomajella.it/file/bancagermoplasmadelparconazionaledellamajella.pdf>

Regione Basilicata

https://www.alsia.it/opencms/opencms/agrifoglio/agrifoglio_online/dettaglio/articolo/La-rete-dellagrobiodiversita-della-Basilicata/

Regione Calabria

https://www.crea.gov.it/en/web/olivicultura-frutticoltura-e-agrumicoltura/aziende-sperimentali/-/asset_publisher/6Qckqpy9bYsS/content/san-gregorio-reggio-calabria

Regione Campania

http://www.agricoltura.regione.campania.it/biodiversita/banca_germoplasma.html

Regione Emilia Romagna

<http://www.labecove.it/index.php?lang=it>

Regione Friuli Venezia Giulia

<https://bagav.uniud.it/>

Regione Lazio

<https://www.unitus.it/it/dipartimento/sma/musei-e-collezioni/articolo/banca-del-germoplasma-della-tuscia>

<https://www.arsial.it/biodiversita/>

Regione Liguria

<https://giardinianbury.com/centro/strutture/banca-germoplasma>

Regione Lombardia

<http://centroflora.parcobarro.it/banca-del-germoplasma.html>

Regione Marche

<https://www.crea.gov.it/en/web/orticoltura-e-florovivaismo/-/piattaforma-tecnologica-laboratorio-di-micropropagazione-e-coltura-di-tessuti-banca-di-germoplasma>

Regione Molise

<https://www.parcomajella.it/file/bancagermoplasmadelparconazionaledellamajella.pdf>

Regione Piemonte

<https://www.parcomarguareis.it/flora/centro-per-la-biodiversita-vegetale-emile-burnat/banca-del-germoplasma-vegetale>

<https://www.unisg.it/ricerca/germonte-recupero-caratterizzazione-conservazione-ex-situ-germoplasma-specie-variet%C3%A0-cerealicole-locali-piemonte/>

Regione Puglia

<https://biodiversitapuglia.it/il-progetto-biodiverso/>

Regione Sardegna

<https://www.biodiversitasardegna.it/laore/it/agrobiodiversita/banca-germoplasma/>

Regione Sicilia

<http://www.simaseed.unict.it/banche-del-germoplasma/>

Regione Toscana

http://germoplasma.regione.toscana.it/index.php?option=com_content&view=article&id=12&Itemid=127

Regione Trentino Alto Adige

<https://www2.muse.it/seedbank/progetto.html>

Regione Umbria

<https://biodiversita.umbria.parco3a.org/attivita/registro-regionale/conservazione-ex-situ/>

Regione Val d'Aosta

https://www.sfv.it/public/uploads/Revue/2017%2071/Revue%202017_02_Guglielmo_Poggio_Tutino.pdf

Regione Veneto

<https://www.venetoagricoltura.org/conservazione-antiche-variet%C3%A0-cereali/>

Appendice 2

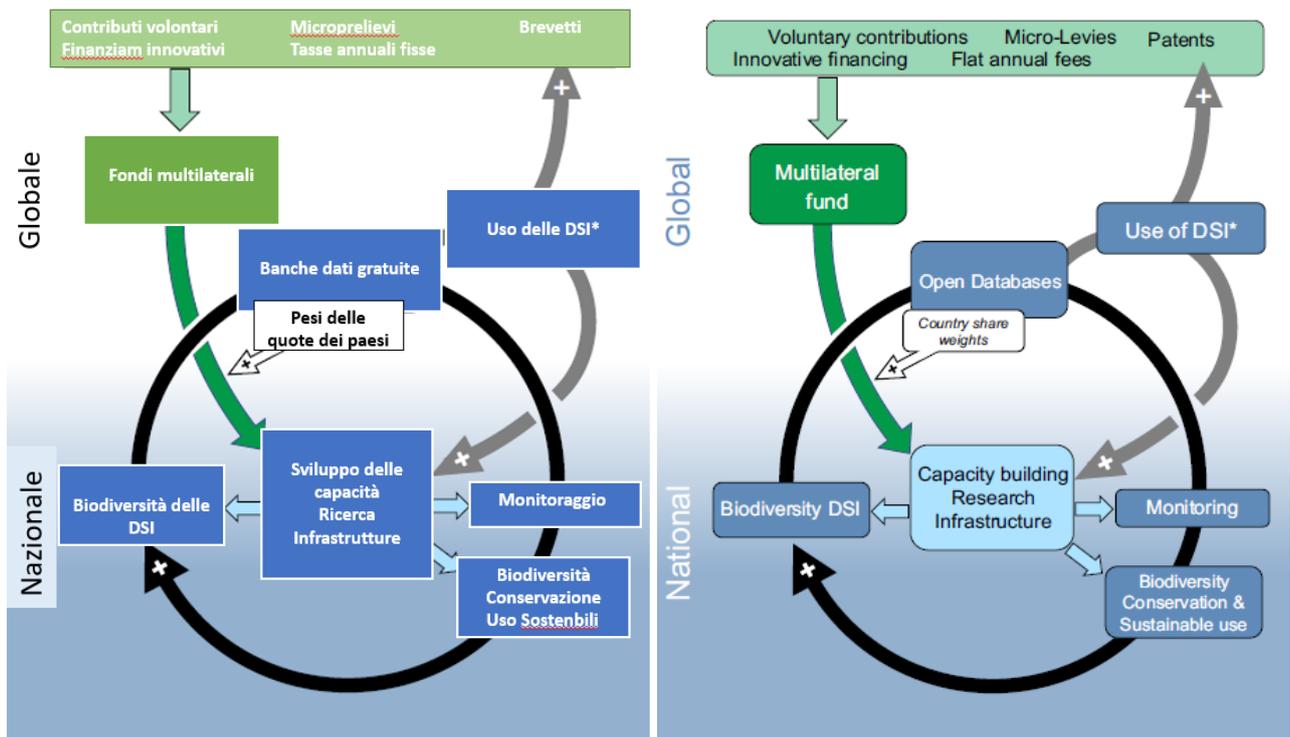
Alcune importanti banche dati:

- Il più famoso “sequence repository” è International Nucleotide Sequence Database Collaboration (<https://www.insdc.org/>), a cui accedono diversi portali che forniscono servizi bioinformatici etc., ma esistono altri repository (<https://datadryad.org/stash>; <https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa/statistics>), che aumentano con database locali nel caso dei risequenziamenti. Il risequenziamento di più individui della stessa specie, che porta alla definizione dei “pangenomi”, rende la situazione più complessa anche per la scelta di piattaforme efficienti e “semplici” per le genotipizzazioni (<https://germinateplatform.github.io/get-germinate/>), alla quale aderiscono i gruppi di ricerca sul frumento (Cattivelli, CREA)
- In EU esiste un sistema coordinato all’interno del programma europeo ECPGR (fondato nel 1980) per il deposito di sequenze genomiche presso, <https://www.genres.eu/>, che rientra in un sistema coordinato che include include AEGIS (accesso al germoplasma europeo), EURISCO (catalogo di RGVA europeo, oltre 2 milioni) ed EVA (reti-network di valutazione di specifiche colture, al momento 6)
- La nuova proposta ENEA di progetto PRO-GRACE, finanziato da Horizon Europe, mira alla pianificazione di una grande infrastruttura ESFRI (<http://www.ricercainternazionale.miur.it/era/infrastrutture-di-ricerca/esfri.aspx>) dedicata alle RGV e si muove nell’ambito del sistema MUR.(sarebbe utile spiegare come si pone rispetto alla rete EURISCO)
- In Italia, nel CREA si è parlato di ripartire e ammodernare seriamente il DB di plantResA (<http://plantares.politicheagricole.it/pages/project.php>) del progetto RGV/FAO/MiPAAF, teoricamente attivo da oltre 18 anni, volto a implementare in Italia il Trattato Internazionale FAO (ITPGRFA)
- Il recente progetto Biomemory del CNR (<https://www.biomemory.cnr.it>) confluisce nella rete DiSSCo - Distributed System of Scientific Collections (<https://www.dissco.eu/>), infrastruttura di ricerca (RI) mondiale per le collezioni di scienze naturali, che mira a creare un modello di business per un’unica collezione europea che unifica digitalmente tutti i patrimoni europei di scienze naturali sotto un accesso comune, la cura, le politiche e le pratiche che garantiscono che tutti i dati siano facilmente reperibili, accessibili, interoperabili ecc.; DiSSCo rappresenta il più grande accordo formale stipulato al mondo tra musei di storia naturale, giardini botanici e università detentrici di collezioni.

Appendice 3

Figura 1 Modello di finanziamento multilaterale per la condivisione dei benefici della DSI.
 (doi:10.1038/s41467-022-28594-0)

L'accesso aperto alle DSI nelle banche dati (riquadro blu centrale) è disaccoppiato dalla condivisione dei benefici (riquadro verde chiaro). Il fondo multilaterale (riquadro verde scuro) può raccogliere fondi da micro-prelievi, contributi volontari, finanziamenti innovativi o dalle royalties dei brevetti. I finanziamenti a livello nazionale (freccia verde scuro) sono ponderati in base alla quantità di sequenze depositate da un singolo LMIC (Low or Middle Income Country, Paese a basso medio reddito) e, insieme alla sostanziale condivisione di benefici non monetari da parte delle DSI (ad esempio, attraverso collaborazioni internazionali; freccia grigia inferiore), consentono lo sviluppo di capacità (soprattutto nell'area della genomica e della bioinformatica) e la creazione di una corrispondente infrastruttura di ricerca. Il rafforzamento delle capacità migliora il monitoraggio, la conservazione e l'uso sostenibile della biodiversità (riquadri blu scuro), creando un ciclo di feedback positivo che porta a un continuo aumento della generazione di conoscenze sulla biodiversità. Contemporaneamente, una maggiore disponibilità di DSI crea ulteriori anelli di feedback positivi per la generazione di benefici non monetari e monetari (freccie grigie). L'asterisco (*) sottolinea che l'uso della DSI, e quindi i benefici generati, dipendono in larga misura dall'uso della DSI proveniente da diverse fonti (cioè da diversi Paesi).



Appendice 4.

Sinossi attuale dell'Access Benefit Sharing e prospettive risolutive.

Access regulated	PIC	MAT	0	Status quo – Parties have not agreed on how to address ABS for DSI of GR	BS linked to DSI data	Requires tracing of country of origin	Bilateral mechanism
			1	DSI Fully integrated into approach of CBD & NP PIC and MAT (DSI= GR)			
Access not regulated	NO PIC	NO MAT	2.1	No PIC. Each country has Standard MAT (benefit-sharing is triggered by use of DSI)	BS NOT linked to DSI data	Does NOT require tracing of country of origin	Multilateral mechanism
			2.2	No PIC. Standard MAT at international level (benefit-sharing is triggered by use of DSI)			
			3.1	Payment for access to DSI No PIC. No MAT			
			3.2	Other payments and contributions (micro-levy, voluntary). No PIC. No MAT			
			4	Technical and scientific cooperation – could be complementary to other options			
			5	No PIC, No MAT. No Benefit Sharing from DSI (DSI is not considered equal to GR)			

Source: UNEP, 2021

Acronimi

DSI, Digital Sequence Information; BS, Benefit Sharing; PIC, sovereign rights over natural resources; the access is subject to the Prior Informed Consent (PIC) of the provider country; MAT, benefits are shared based on Mutually Agreed Terms
DSI, Informazione di Sequenza Digitale; BS, Condivisione dei Benefici; PIC, diritti sovrani sulle risorse naturali; l'accesso a queste è soggetto al Consenso Informato Preliminare (PIC) del Paese fornitore; MAT, i benefici sono condivisi sulla base di Accordi Reciprocamente Concordati.