

● RUOLO CRUCIALE DEL PROGRAMMA RISORSE GENETICHE VEGETALI DELLA FAO

Risorse genetiche indispensabili per l'agricoltura di domani

di I. Verde, S. Micali,
J. Giovinnazzi, C. Fideghelli,
E. Vendramin

Le risorse genetiche agrarie sono uno strumento fondamentale per affrontare le sfide future del settore agricolo, prima fra tutte il contrasto agli effetti dei cambiamenti climatici sul sistema agroalimentare, con l'obiettivo di garantire la sicurezza alimentare e nutrizionale a una popolazione mondiale in crescita.

Biodiversità e agrobiodiversità: definizioni e differenze

La biodiversità, o diversità biologica, comprende l'insieme delle forme di vita sulla Terra ed è suddivisibile in 3 livelli: diversità degli ecosistemi (ad esempio, macchia mediterranea, foresta pluviale, tundra), diversità delle specie presenti in un determinato ecosistema, diversità genetica all'interno di una stessa specie.

Con il termine **agrobiodiversità** ci si riferisce specificamente al patrimonio di risorse genetiche destinate all'agricoltura e all'alimentazione, ossia alle specie coltivate e alle specie a queste affini, ma anche a organismi utili come quelli che compongono il microbiota del suolo e quello coinvolto nei processi di trasformazione (batteri e lieviti fermentativi), i pronubi e gli antagonisti dei parassiti. Sul pianeta, in totale, sono state censite circa 2.000.000 di specie (di cui circa 350.000 piante superiori), ma si stima che il numero reale possa variare tra gli 8 e i 10.000.000 (ourworldindata.org/how-many-species-are-there). L'uomo coltiva all'incirca solo 200 di queste specie e il 90% del fabbisogno alimentare globale è soddisfatto da appena 100 di esse, mentre circa il 60% delle calorie globali consumate dall'umanità sono fornite da solo 4 specie (riso, grano, mais e patata).

In ogni caso va tolto il che dopo la

L'agrobiodiversità è fondamentale per il futuro dell'agricoltura e della sicurezza alimentare globale. La sua conservazione e il suo utilizzo sostenibile dipendono dalla capacità di preservare e caratterizzare il patrimonio genetico delle specie agrarie, garantendo allo stesso tempo un accesso equo e regolamentato alle informazioni genetiche



parentesi perché la frase non funziona. Il processo di domesticazione e selezione ha inoltre ridotto drasticamente la diversità genetica delle colture: la FAO stima che il 75% della diversità genetica delle specie agrarie sia andata persa nel corso dei millenni.

L'importanza delle risorse genetiche in agricoltura fu evidenziata per la prima volta dal genetista russo Nikolaj Vavilov all'inizio del ventesimo secolo. Vavilov fu tra i primi a comprendere l'importanza di preservare la diversità per contrastare il fenomeno dell'erosione genetica, la perdita di varietà e specie vegetali; nei suoi viaggi raccolse numerosi genotipi di specie coltivate, gettando le basi delle moderne banche del germoplasma. Sebbene l'agrobiodiversità rappresenti una piccola frazione della biodiversità complessiva, essa costituisce una risorsa essenziale per l'umanità: è il frutto di 10.000 anni di agricoltura e

deve essere preservata, caratterizzata e resa disponibile a ricercatori e breeder per favorire lo sviluppo di nuove varietà innovative, meglio rispondenti alle nuove esigenze dell'umanità e ai rapidi cambiamenti del clima.

Il suo valore non è solamente legato all'uso diretto in coltivazione, ma è scientifico e strategico; **l'insieme dei geni custoditi all'interno dell'agrobiodiversità, comprese le specie affini a quelle coltivate, rappresenta un serbatoio di informazioni essenziali per affrontare le sfide future dell'agricoltura globale.**

Conservazione dell'agrobiodiversità

La conservazione dell'agrobiodiversità viene effettuata principalmente in tre modi:

- **Conservazione in situ:** le popolazioni vengono mantenute e preservate nel loro habitat naturale dove la diversi-

tà è maggiore e spesso riguarda i parentali selvatici delle specie agrarie, comprese le specie affini (*Crop wild relatives*, CWR). Una particolare forma di conservazione *in situ* è la coltivazione in azienda (on farm) e riguarda ecotipi particolari e varietà locali che vengono coltivati dai cosiddetti agricoltori custodi.

● **Conservazione ex situ:** è la forma di conservazione più comune e consiste nelle cosiddette banche del germoplasma (*Genbank*). In genere vengono conservati organi di moltiplicazione, principalmente semi, ma anche organi di moltiplicazione agamica come tuberi, rizomi, ecc.

Per alcune categorie di piante come quelle da frutto, la conservazione viene fatta *in vivo*: infatti, in queste specie, a propagazione vegetativa e altamente eterozigoti, il seme non riproduce la pianta madre. La conservazione *in vivo* è molto dispendiosa dal punto di vista economico e per ovviare agli elevati costi sono state messe in atto modalità di conservazione *in vitro* come la crioconservazione e lo *slow growth*.

● **Conservazione dei semi duplicati:** altra particolare forma di conservazione è quella che viene attuata nello *Svalbard global seed vault* nell'Isola di Spitsbergen, in Norvegia, dove vengono conservati i **semi duplicati** delle risorse genetiche nazionali. Questa banca non scambia materiale, ma lo conserva solo come scorta da utilizzare nel caso in cui, a causa di eventi disastrosi, una o più specie possano andare perse. Infatti, recentemente il materiale conservato allo *Svalbard* è stato utilizzato per ricostruire la banca di germoplasma dell'Istituto internazionale di ricerca Icarda di Aleppo che era stata distrutta durante la guerra in Siria.

Gli aspetti importanti che i metodi di conservazione devono garantire sono il mantenimento in vita dei campioni genetici, l'accesso agli stessi da parte di ricercatori e breeder e la condivisione delle informazioni (documentazione) relative ai genotipi conservati. L'accesso e la documentazione sono massimi per le banche di germoplasma, tendono a ridursi per le accessioni conservate *in situ*, mentre sono inesistenti per lo *Svalbard* in quanto, come in precedenza detto, questo non scambia materiale.

Sicurezza. La sicurezza è molto bassa per la conservazione *in situ*, cresce per le banche di germoplasma (*ex situ*)

TABELLA 1 - Specie coltivate, loro parenti affini e accessioni conservate presso le strutture del CREA

Specie agrarie	Specie coltivate (n.)	Specie affini (n.)	Accessioni conservate (n.)
Cereali	24	33	17.006
Specie frutticole (incluse frutta secca, piccoli frutti, agrumi, olivo e vite)	70	108	11.719
Specie orticole	30	9	521
Specie industriali (inclusi legumi)	19	6	1.950
Specie ornamentali	197	0	974
Specie medicinali e aromatiche	6	0	9
Specie foraggere	70	0	7.643
Specie forestali e da legno	2	0	733
Totale	418	156	40.555

e raggiunge il massimo nel caso della *Svalbard global seed vault*.

Il programma RGV FAO

L'Italia è impegnata da anni nella salvaguardia, caratterizzazione e scambio delle risorse genetiche per l'agricoltura e l'alimentazione. Con la ratifica del Trattato internazionale FAO per le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura (ITPGRFA) nel 2004 (legge 101/2004), il nostro Paese ha avviato il programma RGV (Risorse genetiche vegetali) FAO, finanziato dal Masaf, per attuare le disposizioni dell'articolo 5 del Trattato. Il programma coinvolge il CREA, il CNR e l'associazione Rete semi rurali.

Nei 20 anni di attività del programma il CREA ha censito e conservato 418 specie coltivate per l'alimentazione umana e animale e 156 specie selvatiche affini (*Crop wild relatives*).

Attualmente sono conservate 40.555 accessioni, connesse ai network europei Eurisco, ECPGR e AEGIS (Vaccino et al., 2024) (tabella 1).

Il reperimento, la caratterizzazione, la conservazione, lo scambio e l'uso delle risorse genetiche sono i 5 pilastri su cui si basa il Trattato FAO. Senza una puntuale caratterizzazione, che può essere sia genotipica che fenotipica, viene vanificato il potenziale delle risorse genetiche.

Caratterizzazione genotipica

La caratterizzazione genotipica viene fatta utilizzando i marcatori molecolari; attualmente sono 2 le tipologie più utilizzate per le collezioni di germoplasma:

● i microsatelliti o *Simple sequence re-*

peat (SSR),

● i marcatori a singolo nucleotide (*Single nucleotide polymorphisms* -SNP).

Gli SSR sono molto variabili, multiallelici, altamente informativi, ma poco automatizzabili.

Gli SNP sono invece bi allelici, quindi meno informativi degli SSR, ma sono anche i più abbondanti nei genomi e altamente automatizzabili. Esistono infatti diverse piattaforme che consentono una completa automazione, permettendo di analizzare simultaneamente milioni di SNP in un singolo esperimento.

Lo scopo della caratterizzazione genetica è duplice. In primo luogo, utilizzando piattaforme a bassa densità (10-20 SSR o 100 SNP), la caratterizzazione è uno strumento fondamentale nelle mani dei curatori per la gestione delle banche del germoplasma, consentendo di correggere eventuali omonimie, sinonimie ed errori, riducendo la ridondanza di accessioni al loro interno e tra collezioni diverse. Inoltre, utilizzando marcatori ad alta densità (>10.000 loci), la caratterizzazione molecolare consente di stimare la diversità genetica globale all'interno della specie, di valutare la struttura di popolazione e il *linkage disequilibrium*.

Quando la caratterizzazione molecolare è associata ai caratteri fenotipici è possibile individuare le regioni cromosomiche coinvolte nel controllo dei caratteri, sia di tipo mendeliano che poligenico, fino all'individuazione dei geni causali e dei marcatori ad essi associati mediante studi di associazione (*Genome wide association studies* - GWAS).

Caratterizzazione fenotipica

La caratterizzazione fenotipica con-

siste principalmente nel rilievo e nella misurazione dei caratteri che rivestono importanza dal punto di vista agronomico e includono caratteri fenologici (data di fioritura, maturazione, fabbisogno in freddo, ecc.), caratteri qualitativi delle produzioni, legati sia alle caratteristiche organolettiche che alle esigenze di commercializzazione e trasformazione industriale (ad esempio resistenza alle manipolazioni), oltre che resistenza a stress abiotici (siccità) e biotici (per esempio malattie e parassiti).

Un aspetto importante per il futuro riguarda l'adattamento ai cambiamenti climatici e la loro eventuale mitigazione.

Molti dei caratteri studiati hanno una relazione stretta con un aspetto sempre più importante per le produzioni agrarie: la sostenibilità, che deve essere declinata in tutte le sue componenti ambientale, economica e sociale.

Accanto alle misurazioni classiche, nell'ultimo decennio sono state sviluppate piattaforme ad alta processività che hanno lo scopo di analizzare globalmente il fenotipo di un individuo (fenomica). Queste piattaforme usano gli ultimi ritrovati tecnologici come droni, sensori, camere iperspettrali e termiche, GPS, robot e intelligenza artificiale. Oltre a fornire una misura precisa di un carattere, questi sistemi permettono di elaborare modelli predittivi, consentendo di ridurre tempi e sforzi per la fenotipizzazione dei caratteri studiati.

La maggior parte delle collezioni conservate nell'ambito del programma RGV FAO è stata caratterizzata dal punto di vista genetico. Negli anni l'analisi fenotipica viene condotta regolarmente nelle collezioni inserite nel programma e diverse strutture hanno o stanno implementando piattaforme di fenotipizzazione ad alta processività.

Scambio di materiale genetico

Un obiettivo fondamentale del programma è lo scambio di materiale genetico fra enti pubblici e privati: negli anni sono stati censiti circa 2.172 ingressi di nuovo materiale genetico e inviate 2.785 accessioni all'esterno.

Il finanziamento iniziale del programma RGV-FAO (circa 3 milioni di euro a triennio nel 2004) consentiva una sufficiente attività di conservazione e un positivo coordinamento nazionale; l'erosione dei fondi dovuti all'inflazione e i tagli dei fondi alla Pubblica amministrazione (del 31,3% in 21 anni) hanno gravemente compromesso le

attività, ma la sensibilizzazione sempre maggiore verso la salvaguardia e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo fa sperare nella sensibilizzazione del Masaf per il recupero di un finanziamento adeguato all'importanza dell'argomento.

Le problematiche legate allo scambio delle risorse genetiche

Lo scambio e l'uso delle risorse genetiche sono regolati dal Protocollo di Nagoya (2010), firmato nell'ambito della Convention on biological diversity (CBD). Questo Protocollo impone regole più stringenti rispetto al Trattato FAO, prevedendo accordi bilaterali tra i Paesi per l'accesso e la condivisione dei benefici. Il Trattato FAO, invece, prevede un sistema multilaterale per regolamentare l'accesso e la condivisione dei benefici.

L'Italia non ha ancora ratificato il Protocollo ed è fortemente auspicabile che il nostro Paese nella ratifica sottragga le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura (*Plant genetic resources for food and agriculture*, PGRFA) dal Protocollo di Nagoya e che queste vengano invece regolamentate secondo le regole più snelle del Trattato FAO. La mancata ratifica, dopo più di un decennio dalla firma del Protocollo, mette il nostro Paese in uno stato di debolezza, in quanto le istituzioni nazionali e i ricercatori sono tenuti a rispettare il documento per l'accesso alle risorse genetiche nei Paesi che lo hanno ratificato. Al contrario, ricercatori ed enti stranieri possono accedere alle nostre risorse genetiche senza le regole previste dal Protocollo.

Accesso equo e regolato alle informazioni genetiche

Un altro tema critico riguarda le sequenze genetiche (*Digital sequence information*, DSI). Il Protocollo di Nagoya sta portando avanti un dibattito sulla possibilità di equiparare le sequenze genetiche alle risorse materiali, imponendo regole simili per il loro accesso e utilizzo. Tuttavia, le sequenze genetiche sono attualmente depositate in database pubblici che raccolgono un numero crescente di informazioni, accessibili a tutti.

Limitare l'accesso a queste informazioni avrebbe conseguenze negative per la ricerca, l'innovazione e la sicurezza alimentare. Difatti, la libera circolazione delle informazioni genetiche

è essenziale per l'innovazione nel settore agroalimentare, per affrontare le sfide legate al cambiamento climatico e alla crescita demografica. L'implementazione di questi aspetti nell'ambito del Trattato FAO è attualmente in corso. I negoziati riguardano tre punti salienti (*hotspot*) del Sistema multilaterale (MLS) del Trattato:

- l'allargamento dell'Allegato 1 del Trattato che attualmente include solo 64 tra specie e generi, fino a includere tutte le specie per l'alimentazione e l'agricoltura;
- la definizione di un sistema di pagamenti per le aziende che sviluppano e commercializzano nuove varietà che inglobano materiale genetico inserito nel Sistema multilaterale;
- contemplare all'interno del Trattato i benefici derivanti dall'uso delle sequenze genetiche (DSI) mantenendo al contempo l'accesso libero (*open access*) a queste ultime.

Considerazioni conclusive

L'agrobiodiversità è una risorsa essenziale per il futuro dell'agricoltura e della sicurezza alimentare globale. La sua conservazione e il suo utilizzo sostenibile dipendono dalla capacità di preservare e caratterizzare il patrimonio genetico delle specie agrarie, garantendo allo stesso tempo un accesso equo e regolamentato alle informazioni genetiche. In questo contesto, il programma RGV FAO svolge un ruolo cruciale per la salvaguardia e la valorizzazione delle risorse genetiche italiane, contribuendo alla ricerca e all'innovazione nel settore agricolo.

**Ignazio Verde, Sabrina Micali
Elisa Vendramin**

*CREA - Centro di Ricerca Olivicoltura,
Frutticoltura e Agrumicoltura (CREA OFA)
Roma*

*Socio della società Italiana di Genetica Agraria
(SIGA)*

Jessica Giovinnazzi

*CREA - Centro di Ricerca Olivicoltura,
Frutticoltura e Agrumicoltura (CREA OFA)
Roma*

Carlo Fideghelli

*Accademico dei Georgofili
(già direttore dell'Istituto sperimentale
per la frutticoltura)*

*Articolo realizzato in collaborazione con
SIGA (Società Italiana di Genetica Agraria).*

L'INFORMATORE AGRARIO

www.informatoreagrario.it



Edizioni L'Informatore Agrario

Tutti i diritti riservati, a norma della Legge sul Diritto d'Autore e le sue successive modificazioni. Ogni utilizzo di quest'opera per usi diversi da quello personale e privato è tassativamente vietato. Edizioni L'Informatore Agrario S.r.l. non potrà comunque essere ritenuta responsabile per eventuali malfunzionamenti e/o danni di qualsiasi natura connessi all'uso dell'opera.