H A B I T A T

FONDAZIONE Cariverona

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI UDINE
hic sunt futura

RISULTATI DEL SEQUENZIAMENTO DEL DNA NELLE CINQUE VARIETÀ DI FAGIOLO DI LAMON

Emanuele De Paoli
Docente di Genetica Agraria

Dipartimento di Scienze Agroalimentari, Ambientali e Animali (DI4A)

Spagnolit
(e Spagnolit Nano)

Spagnol

Calonega

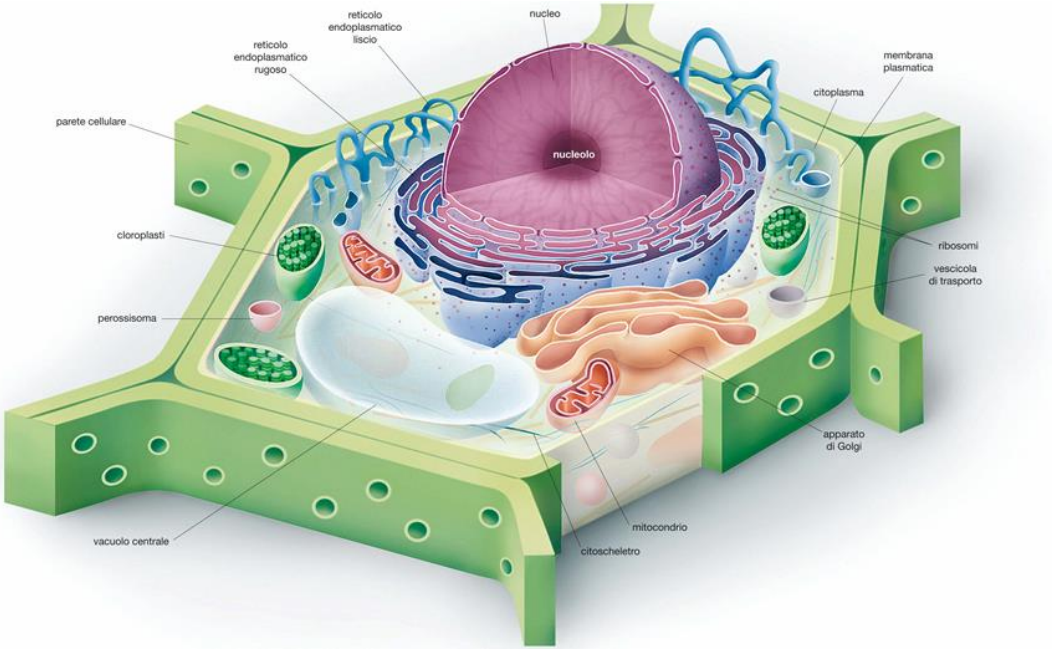
Canalino

Possiamo favorire

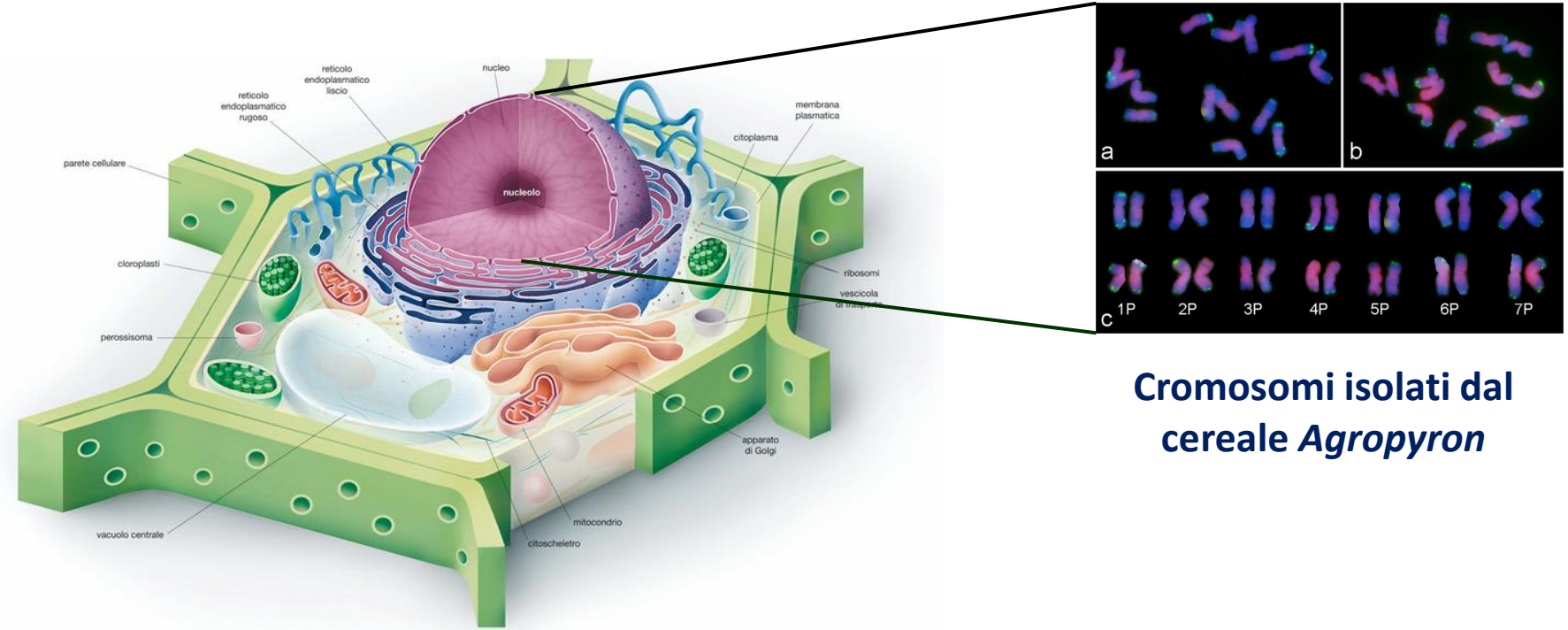
- l’identificazione
- la protezione
- la promozione
- il futuro

del fagiolo di Lamon mediante le tecnologie del DNA?

LA CELLULA VEGETALE

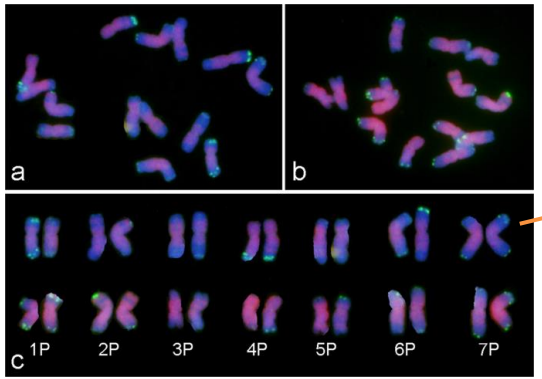


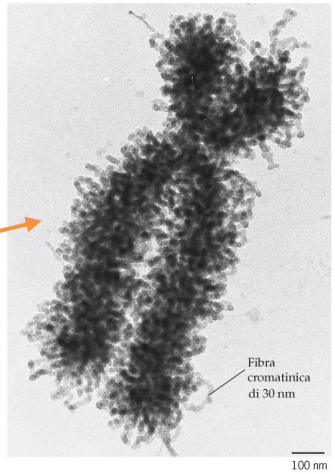
I CROMOSOMI

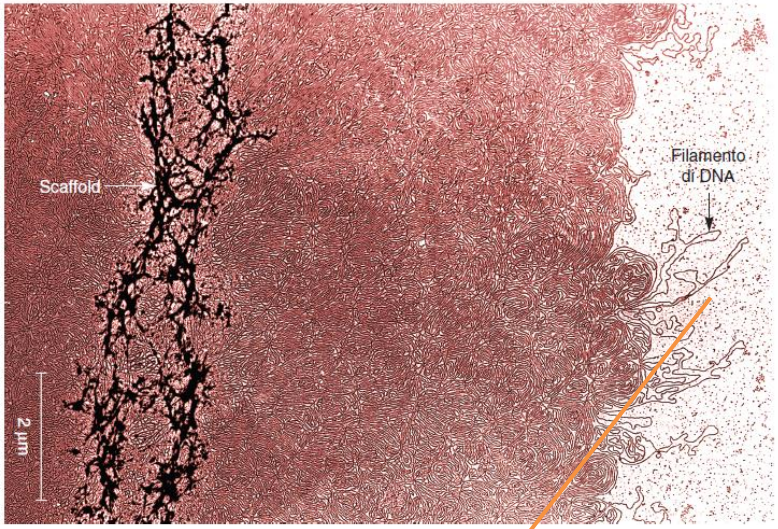


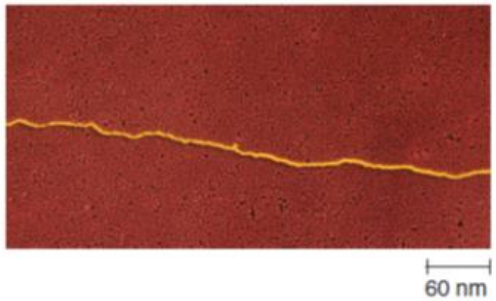
Cromosomi isolati dal cereale *Agropyron*

I CROMOSOMI SONO FATTI DI DNA







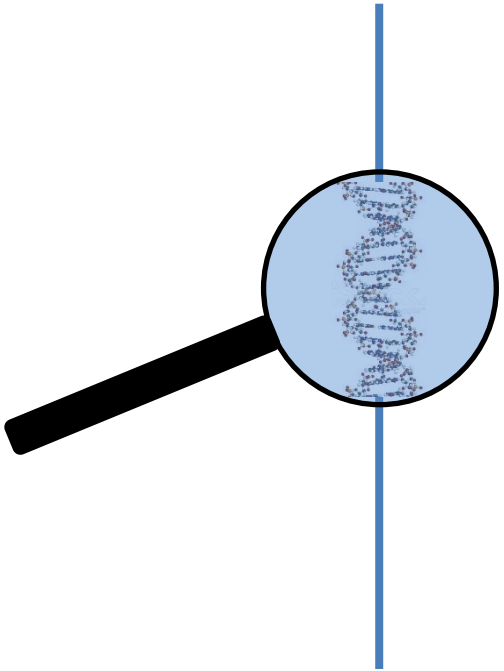


ESEMPIO DI DNA ESTRATTO DALLE CELLULE

Immagini tratte da youtube (utente: NileRed)

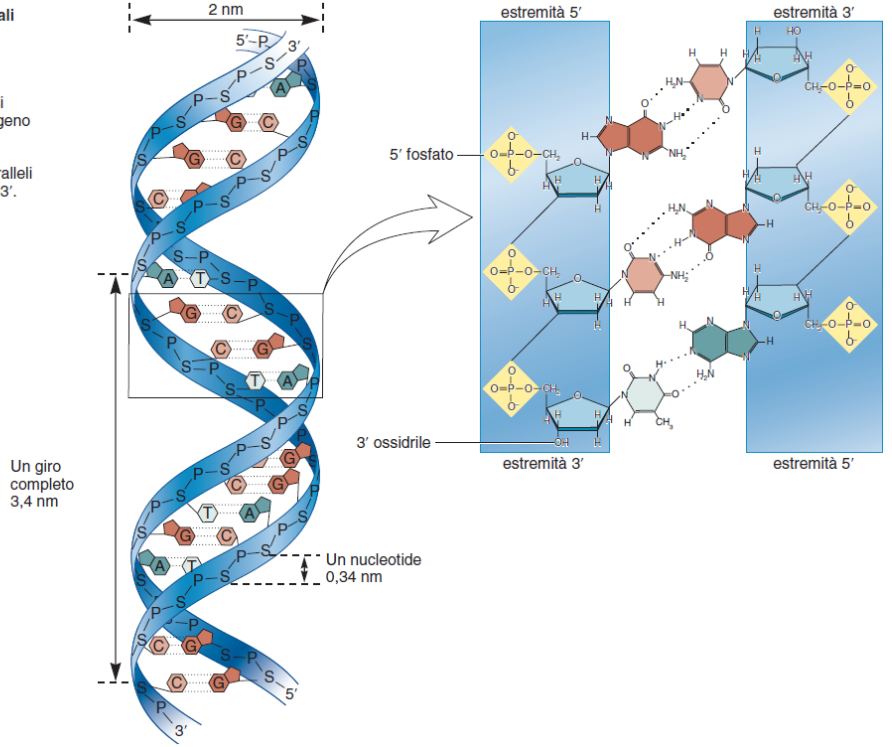
DNA estratto in laboratorio

LA DOPPIA ELICA DEL DNA

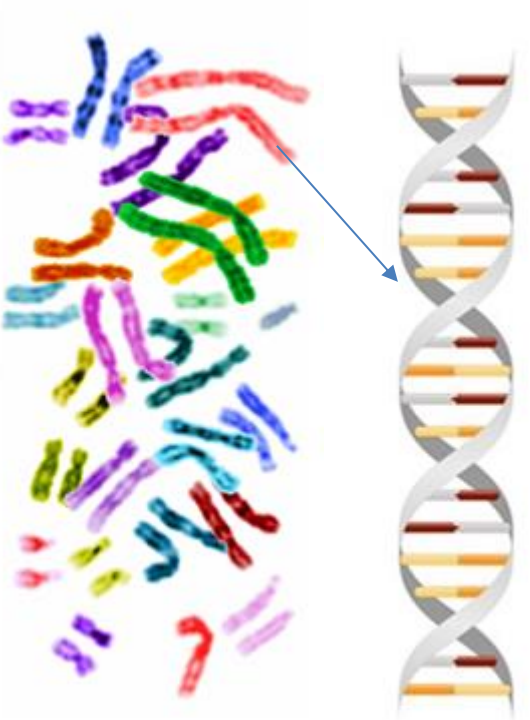


Caratteristiche fondamentali

- I due filamenti formano una doppia elica destrorsa.
- Nei filamenti opposti le basi sono legate da legami idrogeno secondo la regola AT/GC.
- I due filamenti sono antiparalleli rispetto all'orientamento 5′-3′.
- Ci sono circa 10 nucleotidi per giro completo del filamento (360°)



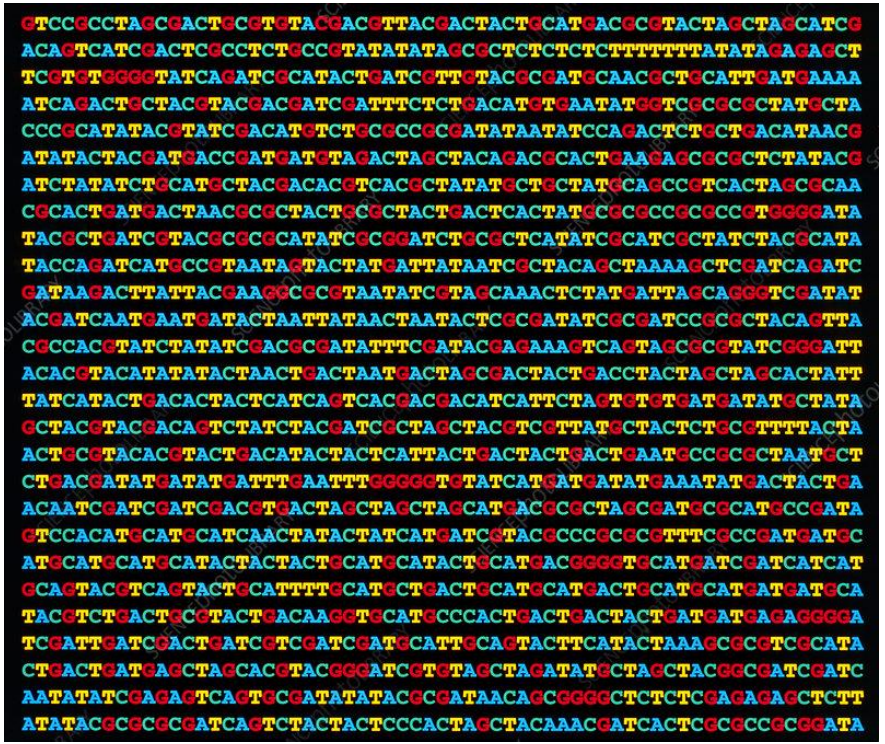
L’informazione genetica nel DNA



CROMOSOMI

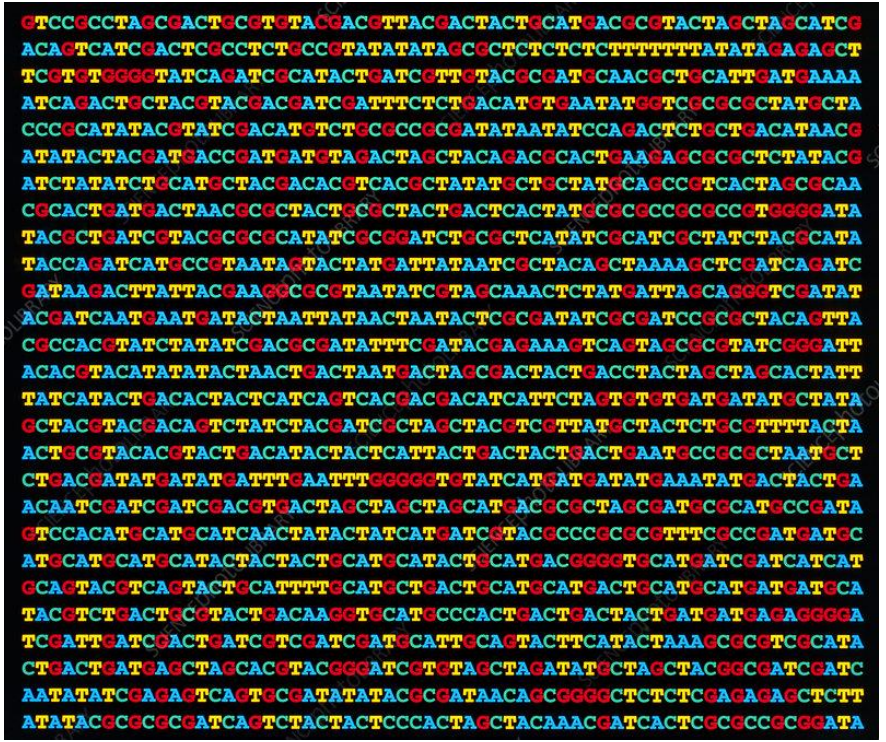
DNA

Sequenziamento del DNA

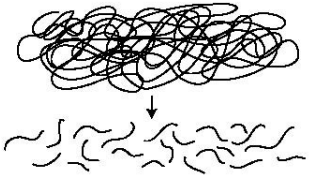


SEQUENZIAMENTO DEL DNA

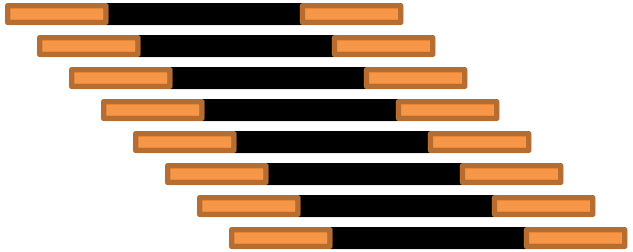
IL FAGIOLO POSSIEDE UN GENOMA (DNA) LUNGO 587.000.000 DI LETTERE



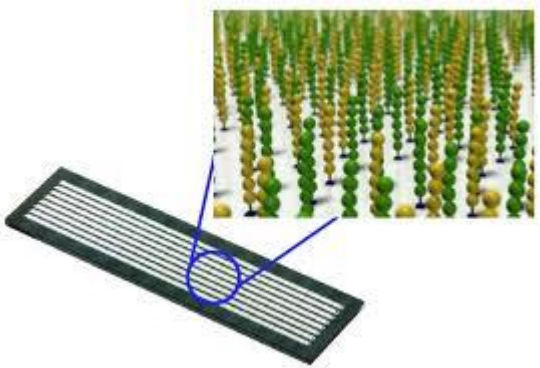
PREPARAZIONE DEL DNA PER IL SEQUENZIAMENTO



MISCELA DI FRAMMENTI
DI DNA DALLA PIANTA

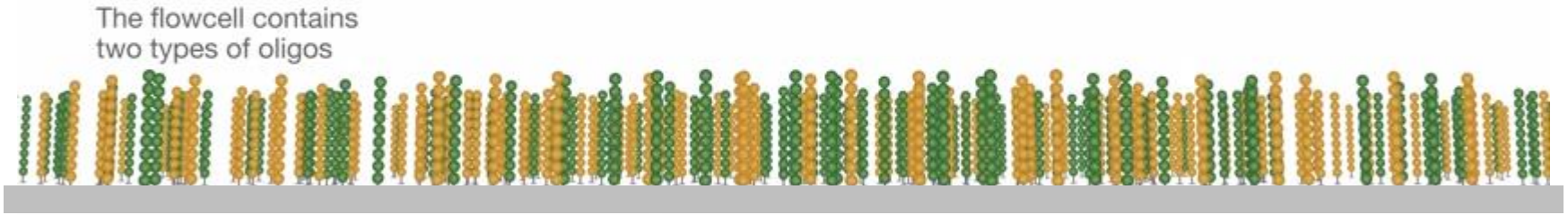


LIBRERIA DI FRAMMENTI



cBOT

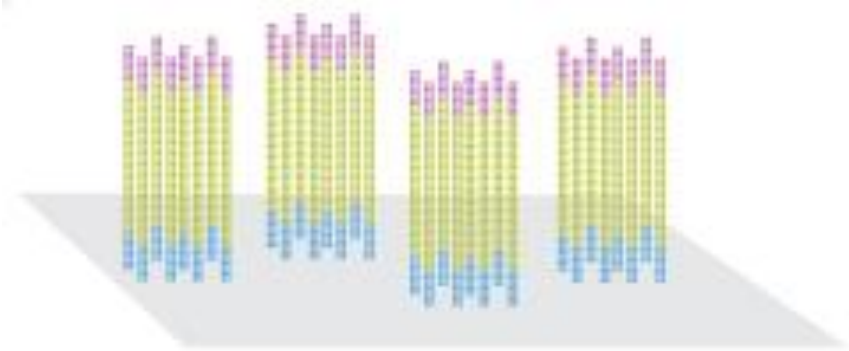
ADATTATORE A MONTE **INSERTO DI DNA** **ADATTATORE A VALLE**

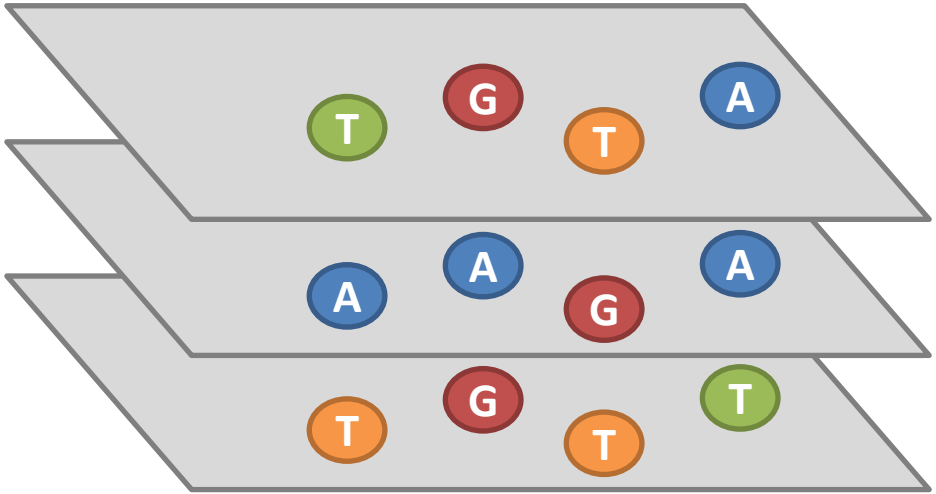


OLIGONUCLEOTIDI COMPLEMENTARI AGLI ADATTATORI A MONTE

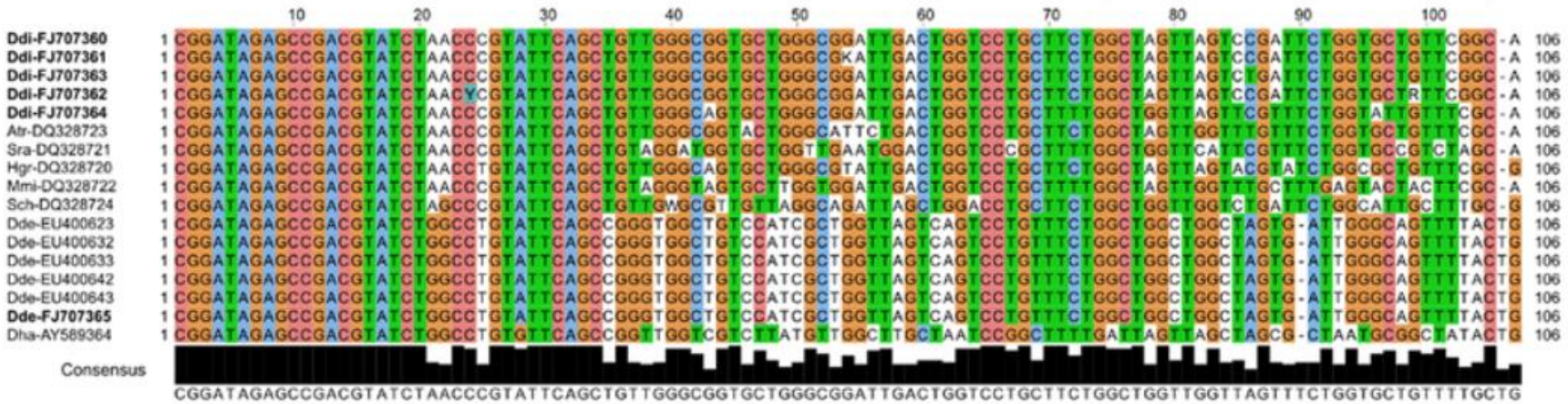
OLIGONUCLEOTIDI COMPLEMENTARI AGLI ADATTATORI A VALLE

SEQUENZIAMENTO
(LETTURA DELLE BASI-LETTERE DEL DNA)





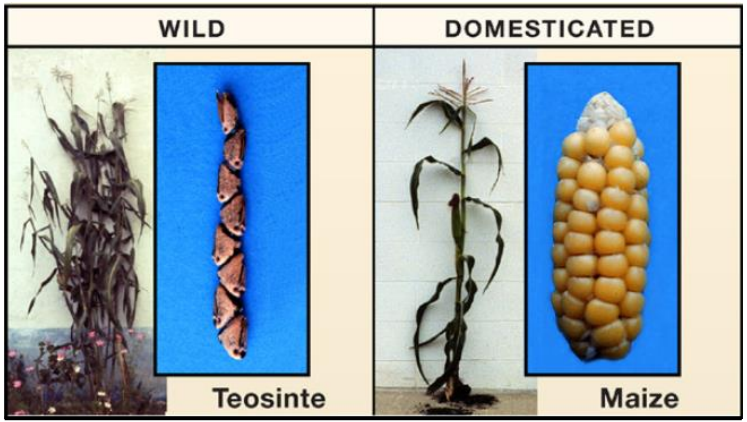
SEQUENZE DEL DNA A CONFRONTO



POLIMORFISMI DI SEQUENZA CHE RENDONO UNICI GLI INDIVIDUI

UNA DISCENDENZA INSOSPETTABILE

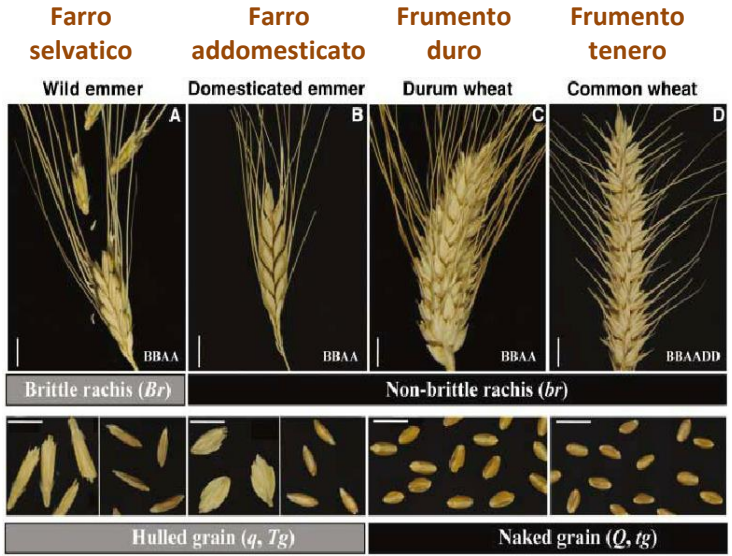
Teosinte
Progenitore del mais, interfertile



Mais
Prime tracce: 9000-7000 anni fa nell'attuale Messico

Solo **cinque regioni genomiche differenti**
Due di queste ospitano un solo gene ciascuna.
A questi **due geni** sono riconducibili
le **principali differenze** tra le due piante

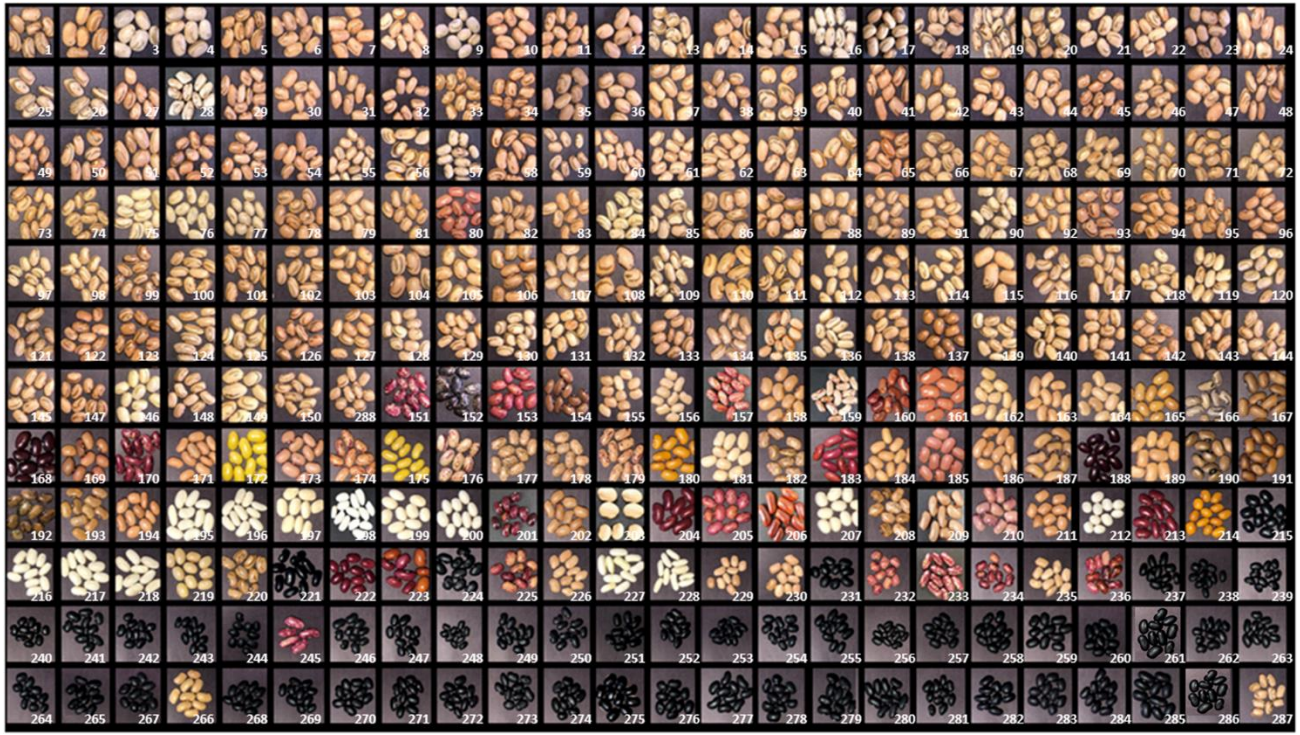
DUE IMPORTANTI MUTAZIONI A FAVORE DELLA COLTIVAZIONE DEL FRUMENTO



Rachide della spiga fragile → Rachide della spiga resistente

Seme vestito → Seme nudo

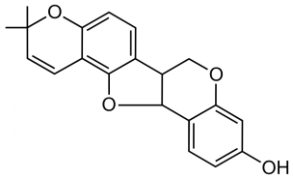
DIVERSITÀ FENOTIPICA DEL SEME DI FAGIOLO

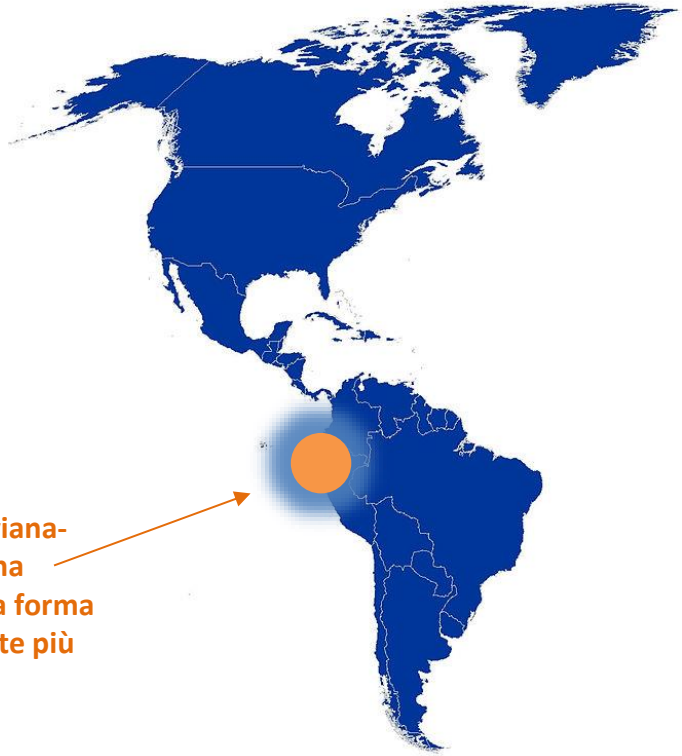


Fonte: de Carvalho Paulino et al. Genetic diversity and inter-gene pool introgression of Mesoamerican Diversity Panel in common beans (Journal of Applied Genetics, 2021)

LA FASEOLINA E LE PRIME IPOTESI (ERRATE) SULL'ORIGINE GEOGRAFICA DEL FAGIOLO

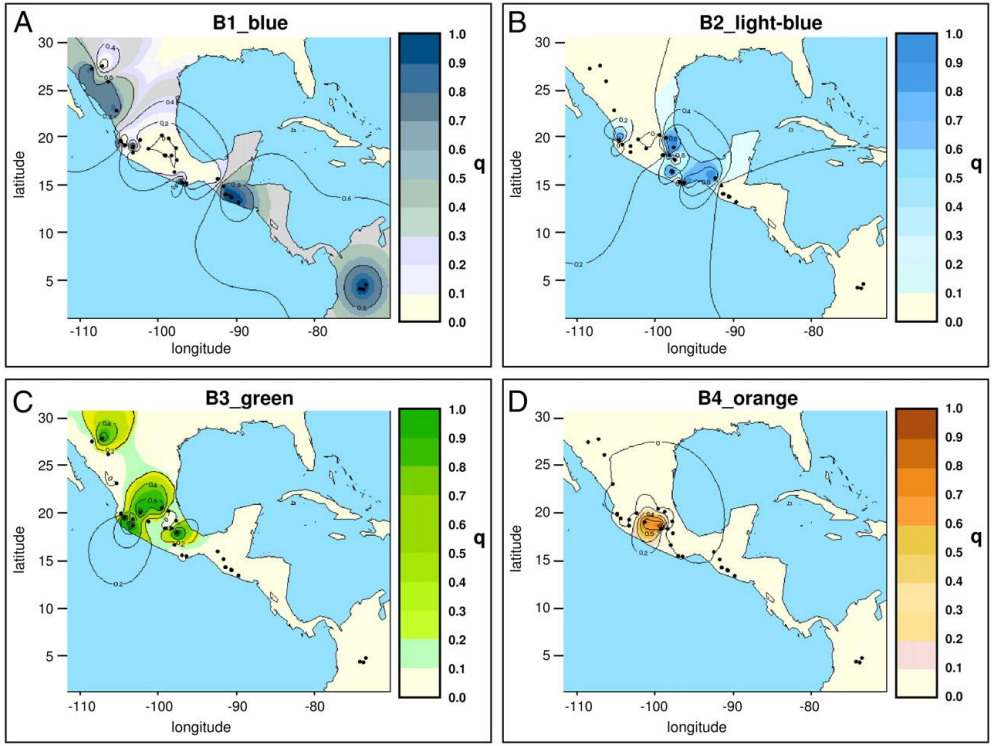
Faseolina, la principale proteina di riserva dei semi di fagiolo





Regione Peruviana-Ecuadoregna (Faseolina in una forma apparentemente più antica)

CENTROAMERICA – PUNTO DI ORIGINE DEL FAGIOLO



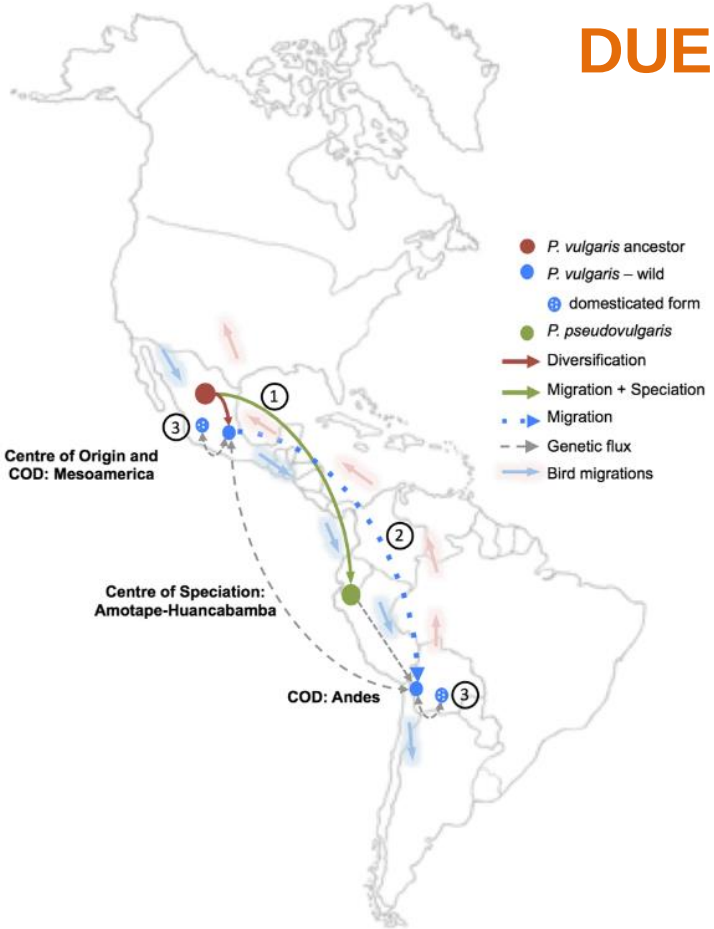
Population genetics statistics for the five gene fragments and the concatenate sequences in the different gene pools of P. vulgaris

Population	*N*	V	Pi	S	H	Hd	$\pi \times 10^{-3}$	$\theta_W \times 10^{-3}$	D
Concatenate									
All	84	137	123	14	56	0.96	9.9	8.3	—
MW	37	119	98	21	34*	0.99*	10.6*	8.7*	—
AW	43	32	22	10	18	0.86	1.0	2.3	—
PhI	4	18	0	18	4	1.00	2.7	3.0	—

Minore diversità genetica nel gruppo andino

Fonte: Bitocchi et al. Mesoamerican origin of the common bean (Phaseolus vulgaris L.) is revealed by sequence data(PNAS 2012)

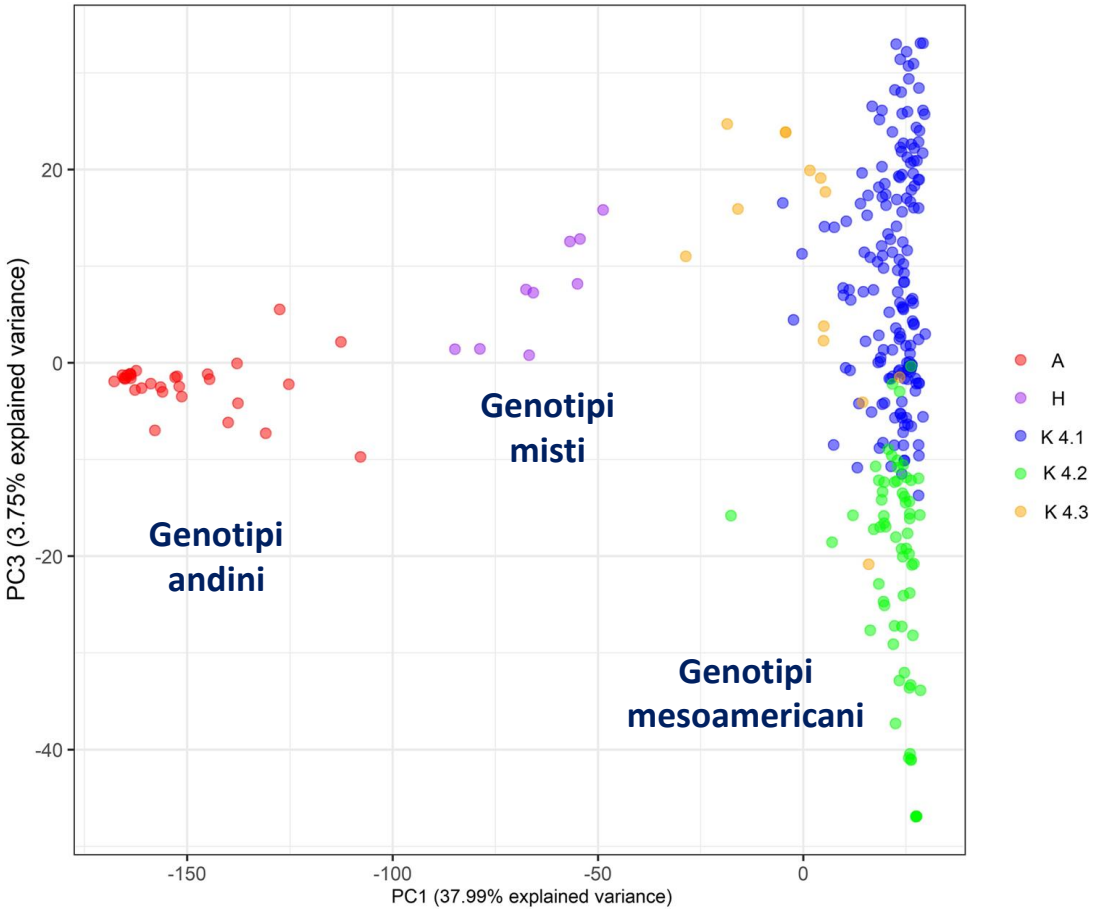
DUE CENTRI DI ADDOMESTICAMENTO DEL FAGIOLO



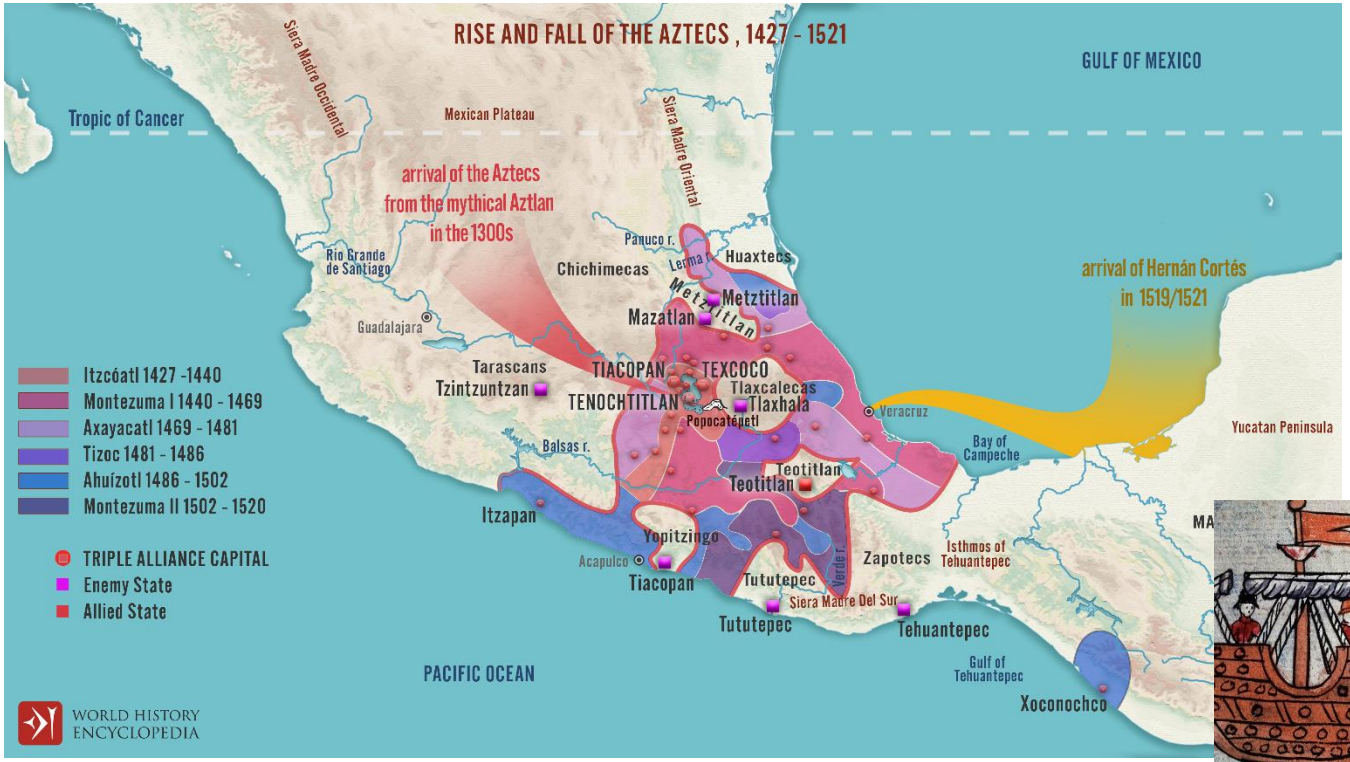
L'addomesticamento del fagiolo è avvenuto ~8000 anni fa in due contesti ecogeografici distinti e contrastanti:

Regione mesoamericana (Messico)
Regione andina (Sud America)

Fonte: Rendón-Anaya et al. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species (Genome Biology 2017)


PC3 (3.75% explained variance)
20
0
-20
-40
-150
-100
-50
0
PC1 (37.99% explained variance)
Genotipi andini
Genotipi misti
Genotipi mesoamericani
A
H
K 4.1
K 4.2
K 4.3

LA CONQUISTA DI CORTÉZ IN MESSICO (1521)



PIETRO VALERIANO

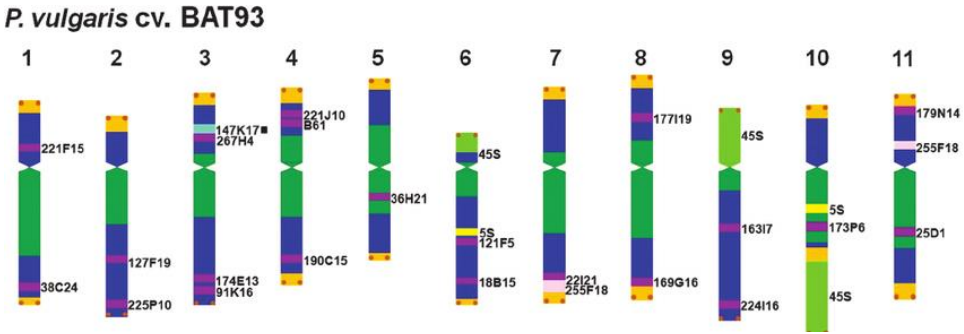
«Secondo la ricostruzione biografica scritta dal Ticozzi nel 1813, Piero Valeriano nella primavera del 1532 *aveva partendo di Roma ricevuto da Papa Clemente alcuni semi di varie specie di Smilace perché lo propagasse nel territorio Bellunese, ove giunto in Maggio del 1532, di niuna cosa fu più sollecito che di affidare alla terra questo prezioso arbusto*.»

SEQUENZIAMENTO DEL DNA

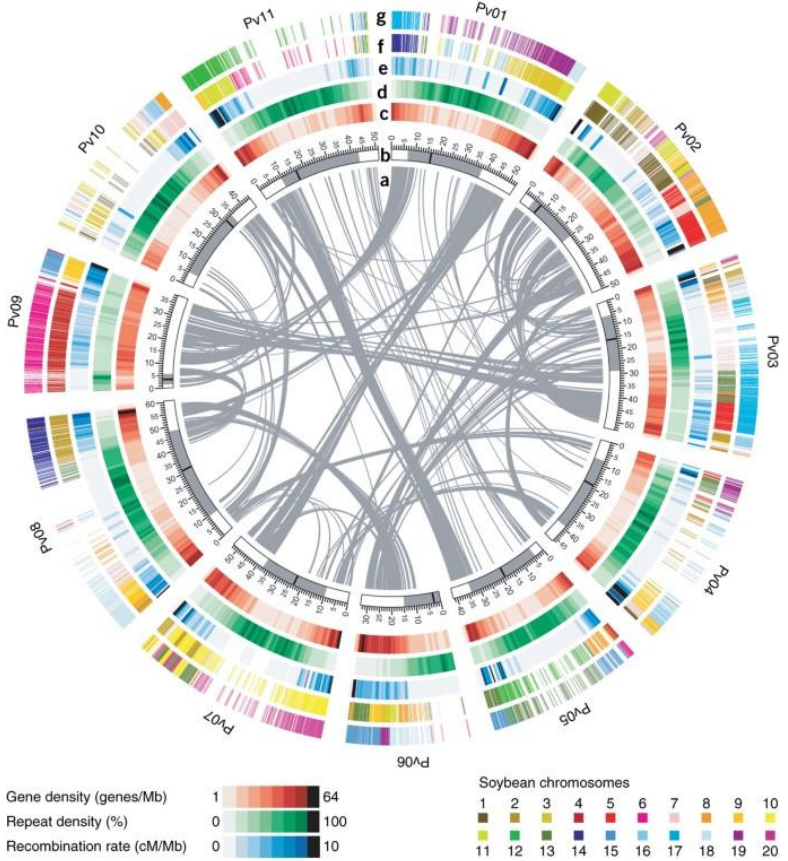
1. Calonega	COMPLETATO
2. Canalino	COMPLETATO
3. Spagnolo	COMPLETATO
4. Spagnolet	COMPLETATO
5. Spagnolet Nano	COMPLETATO

1700 milioni di sequenze di 150 paia di basi ciascuna con una media di circa 113 milioni di sequenze per varietà, corrispondenti a una copertura di sequenziamento di circa 30 genomi equivalenti per varietà

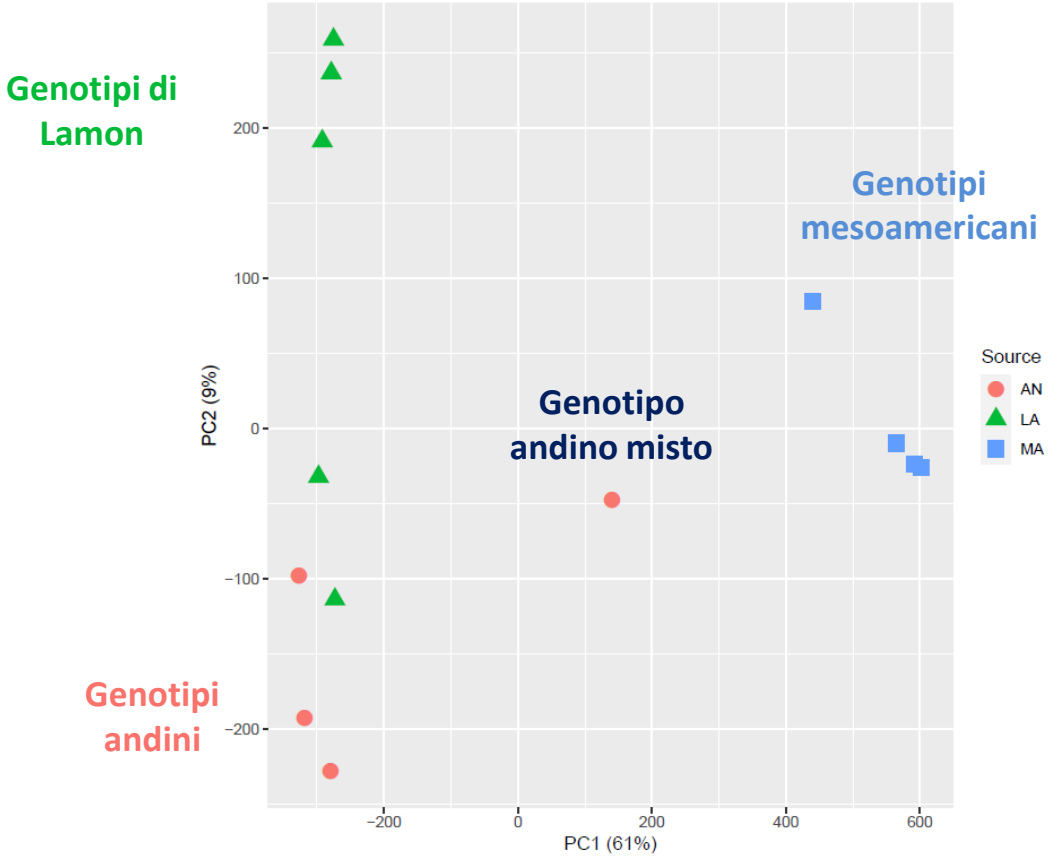
La struttura del genoma del fagiolo (*Phaseolus vulgaris*)



>500.000 polimorfismi analizzati



LA COLLOCAZIONE GENETICA DEL FAGIOLO DI LAMON



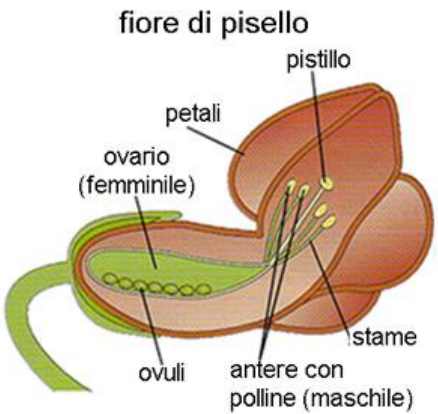
OBIETTIVI PREFISSATI E IN CORSO

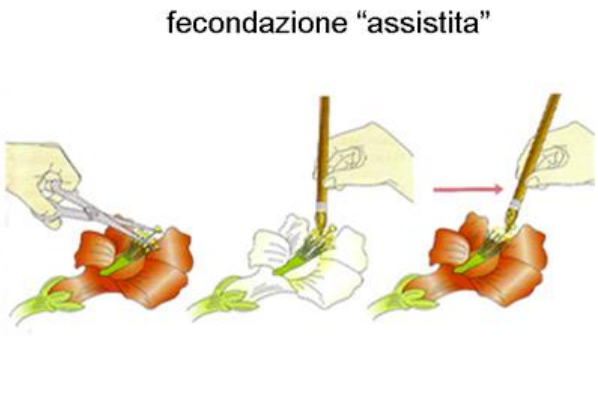
(i) caratterizzare l'identità genetica dei fagioli di Lamon.

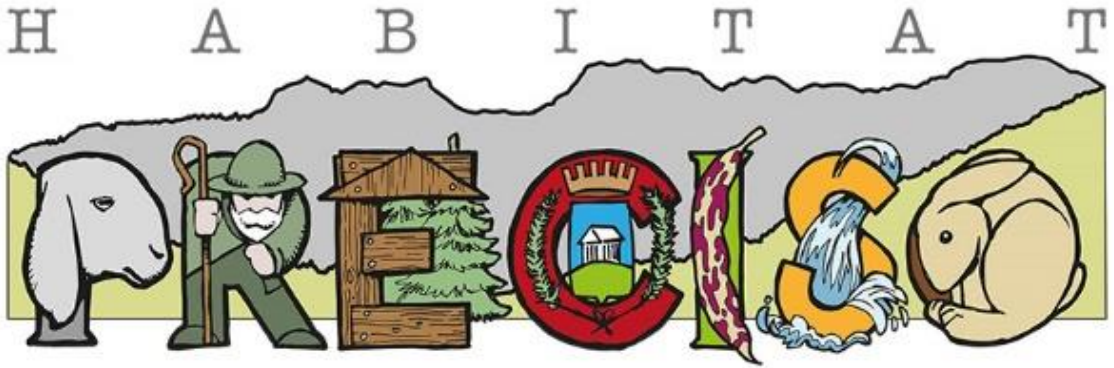
- Distinguere i fagioli di Lamon da imitazioni
- Valutare partner di incrocio adatti

(ii)valutare l'applicabilità di sistemi di incrocio ad impollinazione incrociata alle varietà di fagiolo coltivate a Lamon per la futura identificazione di geni specifici, responsabili di caratteri di interesse.

PROVE DI FECONDAZIONE INCROCIATA







NEL DNA DI LAMON