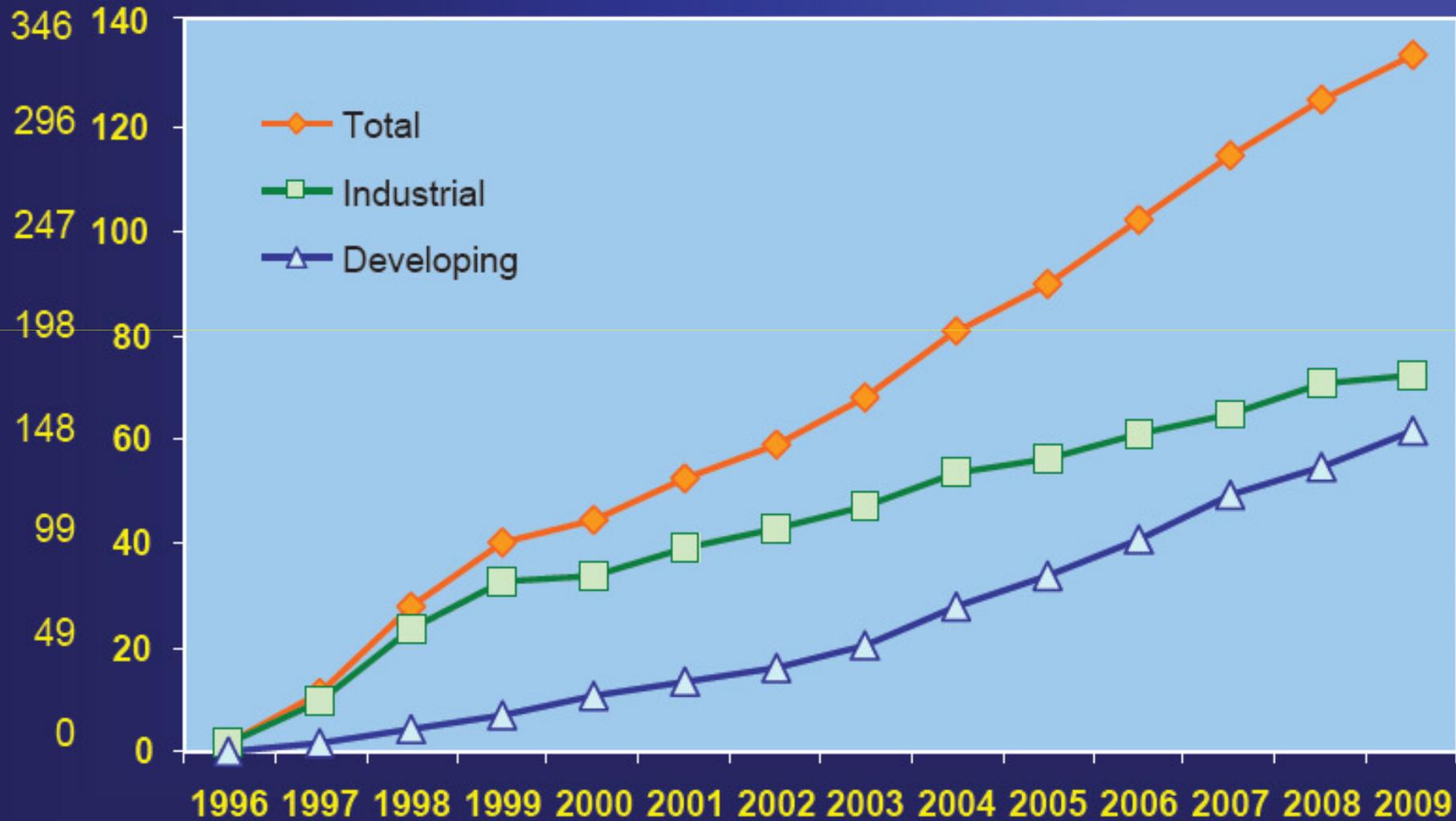


**Metodi molecolari non invasivi di
miglioramento genetico**

Global Area of Biotech Crops, 1996 to 2009: Industrial and Developing Countries (M Has, M Acres)



M Acres

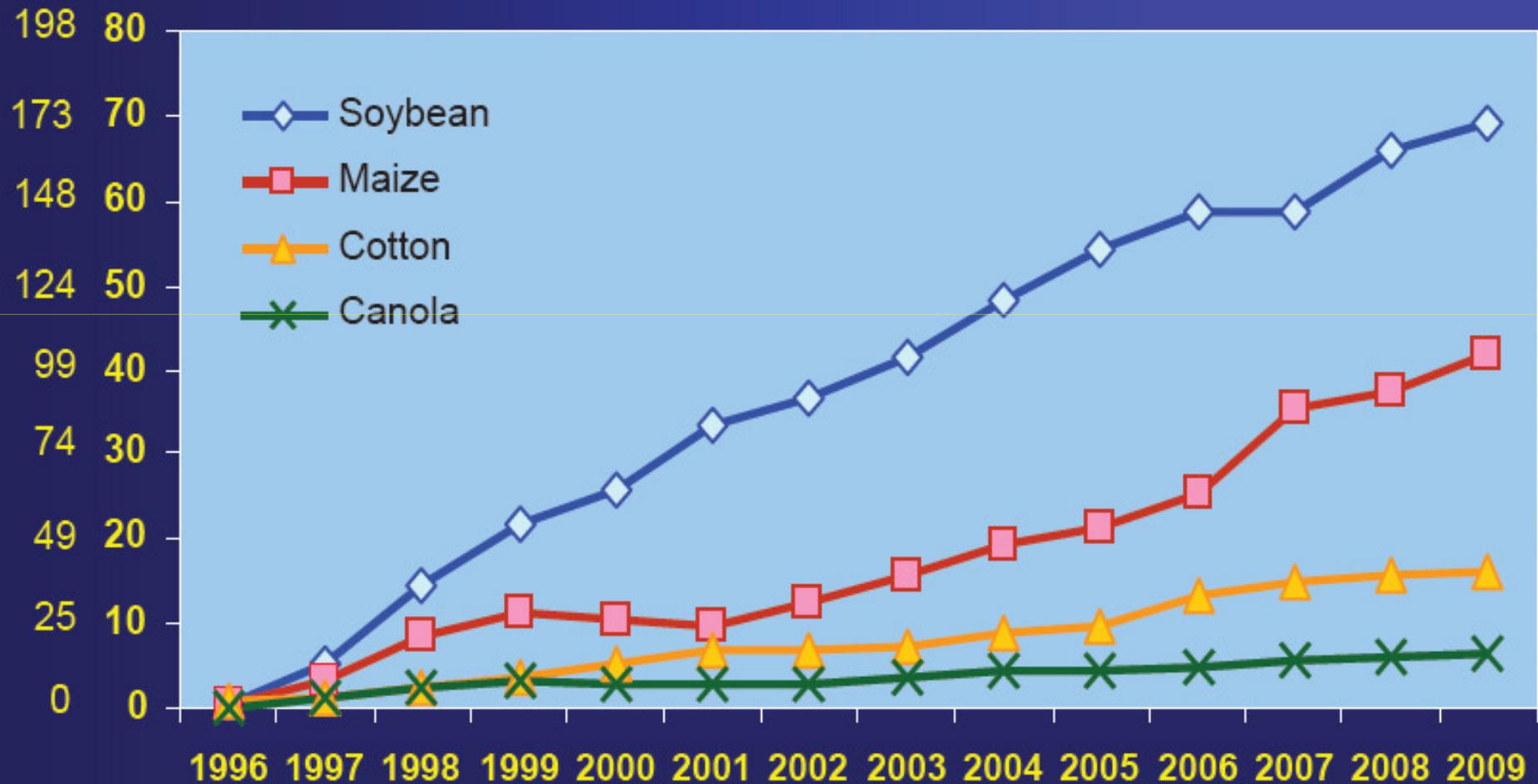


Source: Clive James, 2010

Global Area of Biotech Crops, 1996 to 2009: By Crop (Million Hectares, Million Acres)



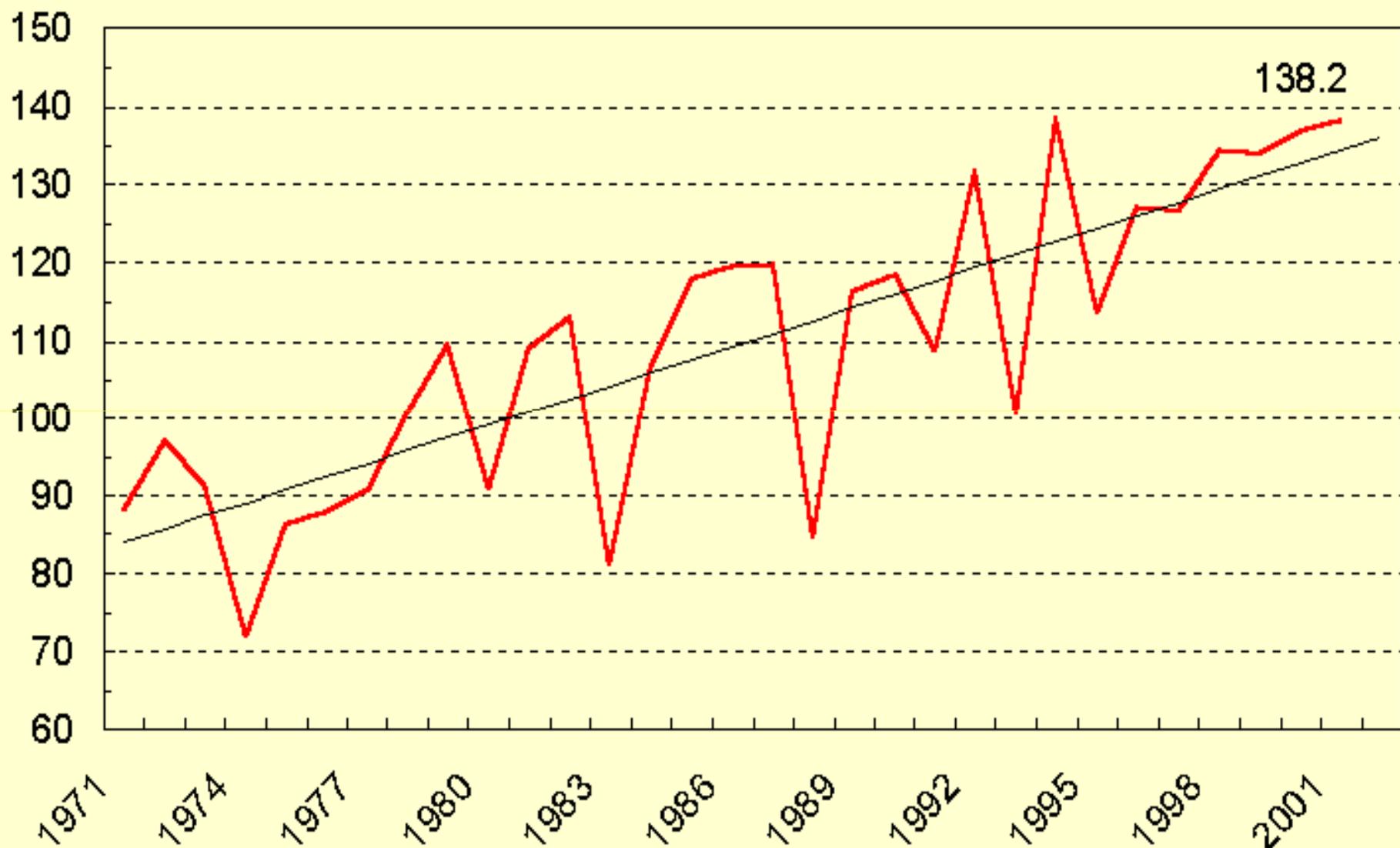
M Acres



Source: Clive James, 2010

U.S. Corn Yield

Bushels/Acre

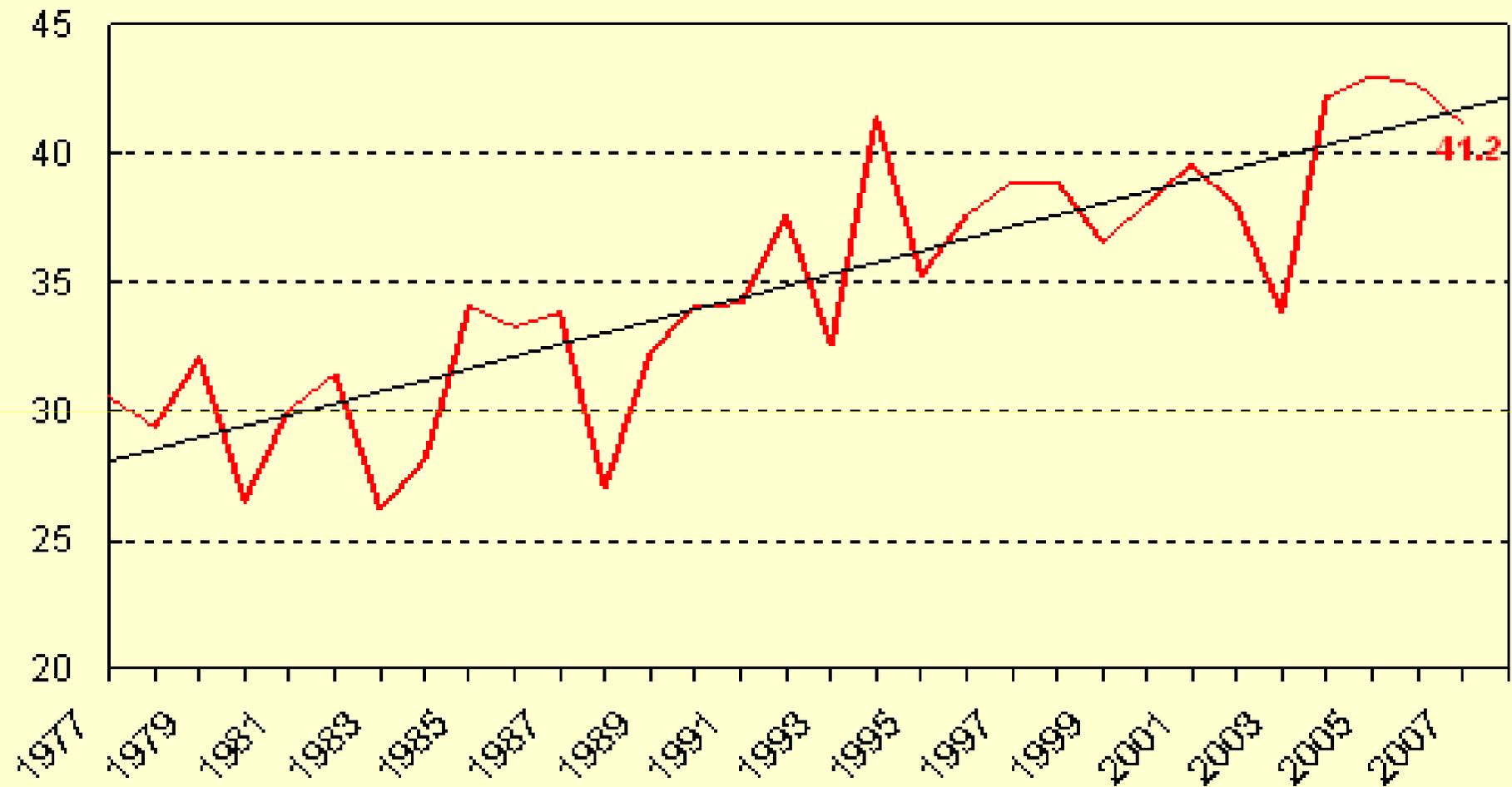


USDA-NASS

01-11-02

U.S. Soybean Yield

Bushels/Acre



US Average Corn Yield



Bushels/acre

200

150

100

50

0

1920

1930

1940

1950

1960

1970

1980

1990

2000

2010E

Revolution #2
Biotech-led step
change

Revolution #1
Introduction of corn hybridization
improved agricultural productivity

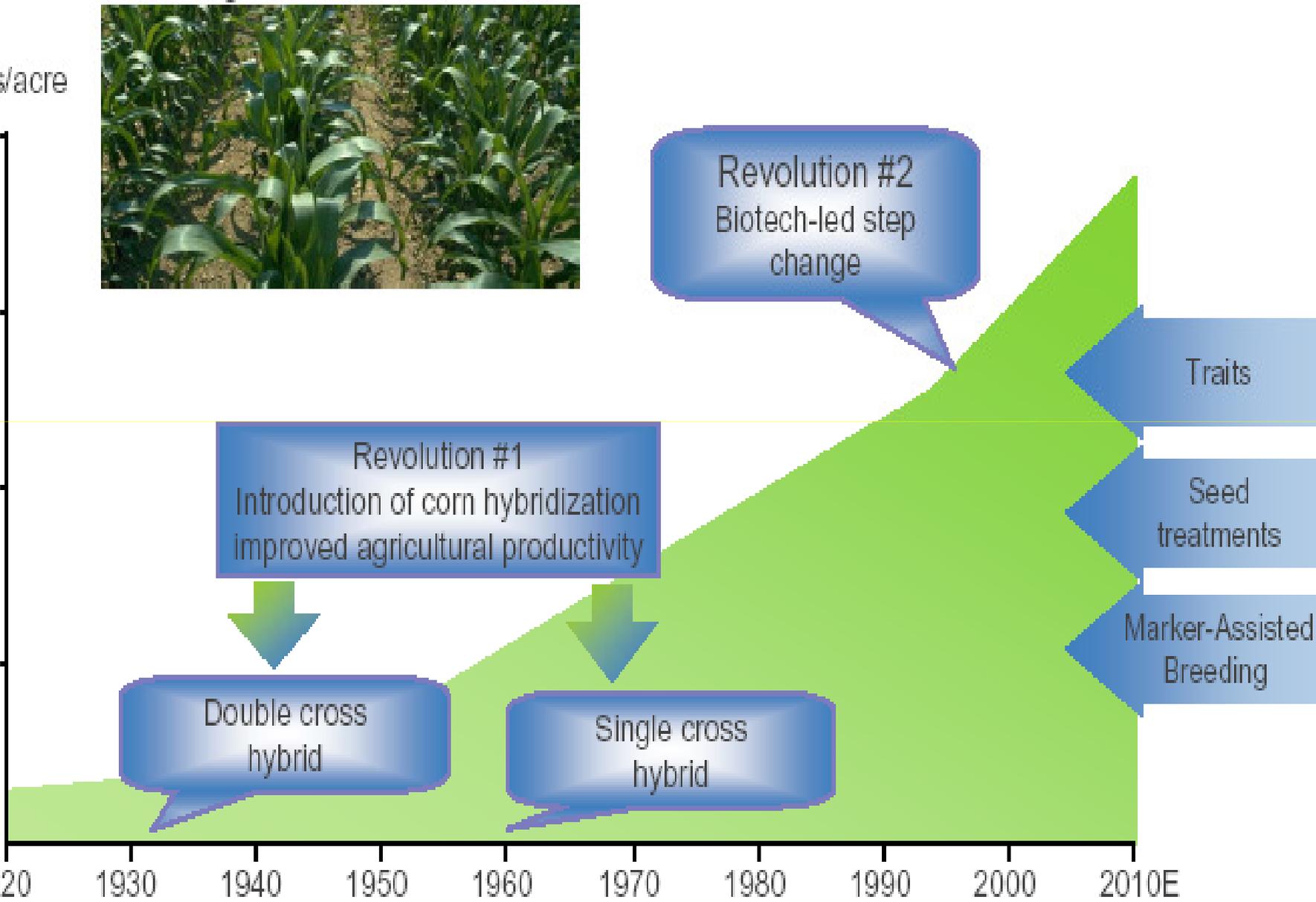
Double cross
hybrid

Single cross
hybrid

Traits

Seed
treatments

Marker-Assisted
Breeding

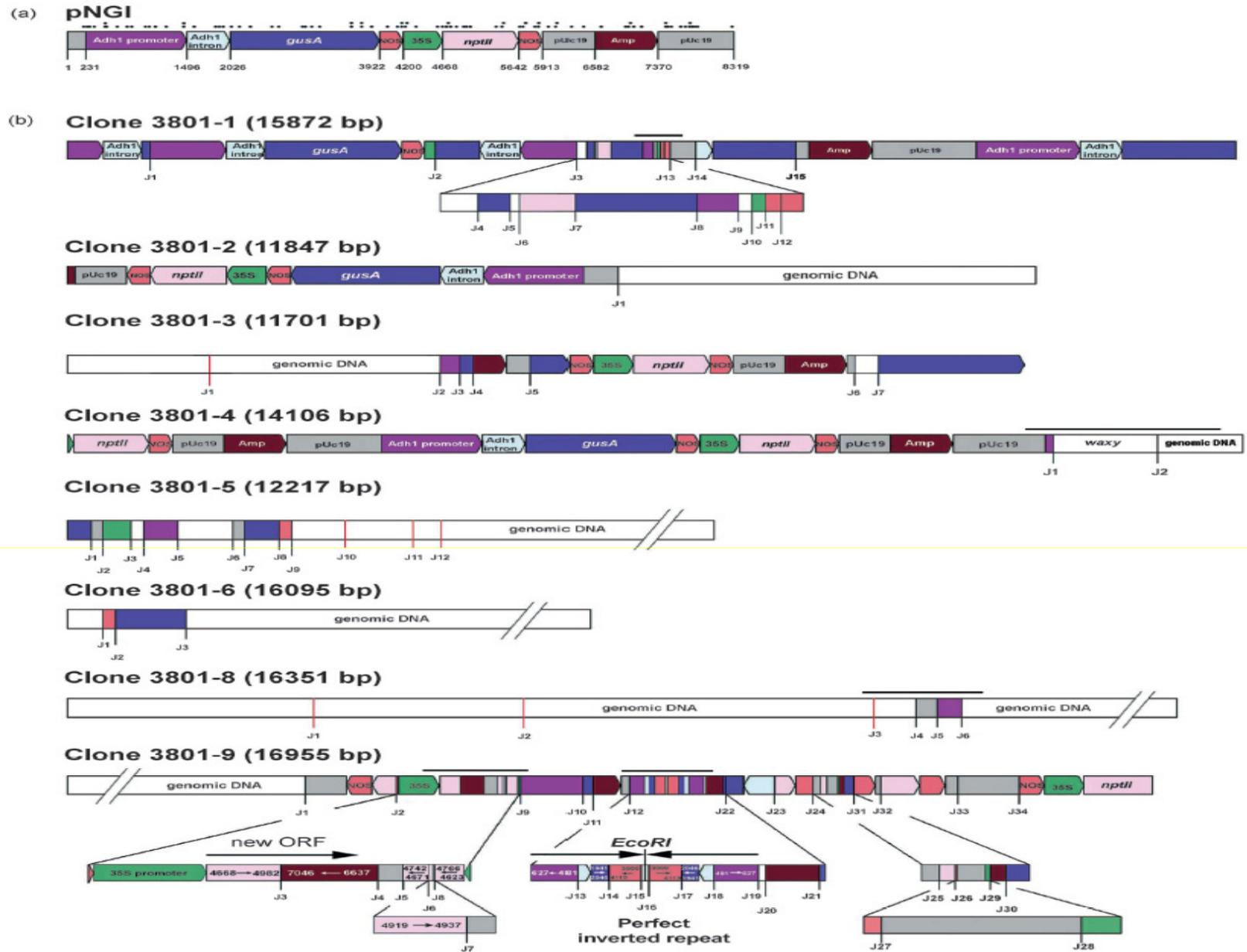


In sintesi: Le specie di piante geneticamente modificate con le tecniche della ingegneria genetica sono, dal 1987, solo quattro (soia, mais, cotone, colza) e i caratteri cambiati solo due (resistenza a insetti e a diserbanti). Durante la "rivoluzione verde" invece, in pochi anni si ottennero decine di migliaia di nuove varietà a caratteristiche migliorate. Una tecnologia che produce così poco va considerata fallimentare e si deve capire il perché del fallimento. La ragione sta nel non avere considerato la possibilità di effetti negativi inattesi sulle agricolture dei prodotti ottenuti.

In particolare cause di "effetti inattesi" sono:

- *L'inserimento quasi-casuale dei geni nel genoma ospite*
- *La variabilità nel numero di copie inserite*
- *La variazione somaclonale nei periodi di coltura in vitro*
- *Le modificazioni "attive" da parte della pianta dell'inserito in termini di ri-arrangiamenti del DNA e di regolazione qualitativa e quantitativa della espressione*
- *Le interazioni con la rete metabolica dell'ospite*
- *Le interazioni della PGM con l'agro-ecosistema*
- *Gli effetti del prodotto sulla salute umana ed animale*
- *Le interazioni con il sistema economico e sociale*

Le PGM potranno diventare utili solo se aumenterà la ricerca di base e si troverà il modo di eliminare gli effetti inattesi.



The original construct (a) and nine different re-arranged sequences found in a single transformed oat line

Questi dati ci dicono che ci potranno essere più PGM utili solo se si farà ricerca per ridurre i livelli di imprevedibilità della ingegneria genetica.

Un primo passo in avanti potrebbe essere il trasferimento non di nuovi geni con nuove funzioni fra organismi di specie diverse ma di alleli da una pianta ad un'altra della stessa specie o di specie affini ("cis-genetica") come si é fatto molte volte ad esempio per il trasferimento di resistenze a patogeni da una specie di *Lycopersicum* selvatica alla specie coltivata. Questo eviterebbe interazioni metaboliche negative ma non i rimaneggiamenti imprevedibili dei genomi . Oltre a questa possibilità ce ne sono di altre già in via di sperimentazione. Parleremo di tre di queste:

- a) Selezione assistita con marcatori molecolari (MAS)
- b) Selezione clonale con marcatori molecolari epigenetici
- c) Eterosi per singolo gene

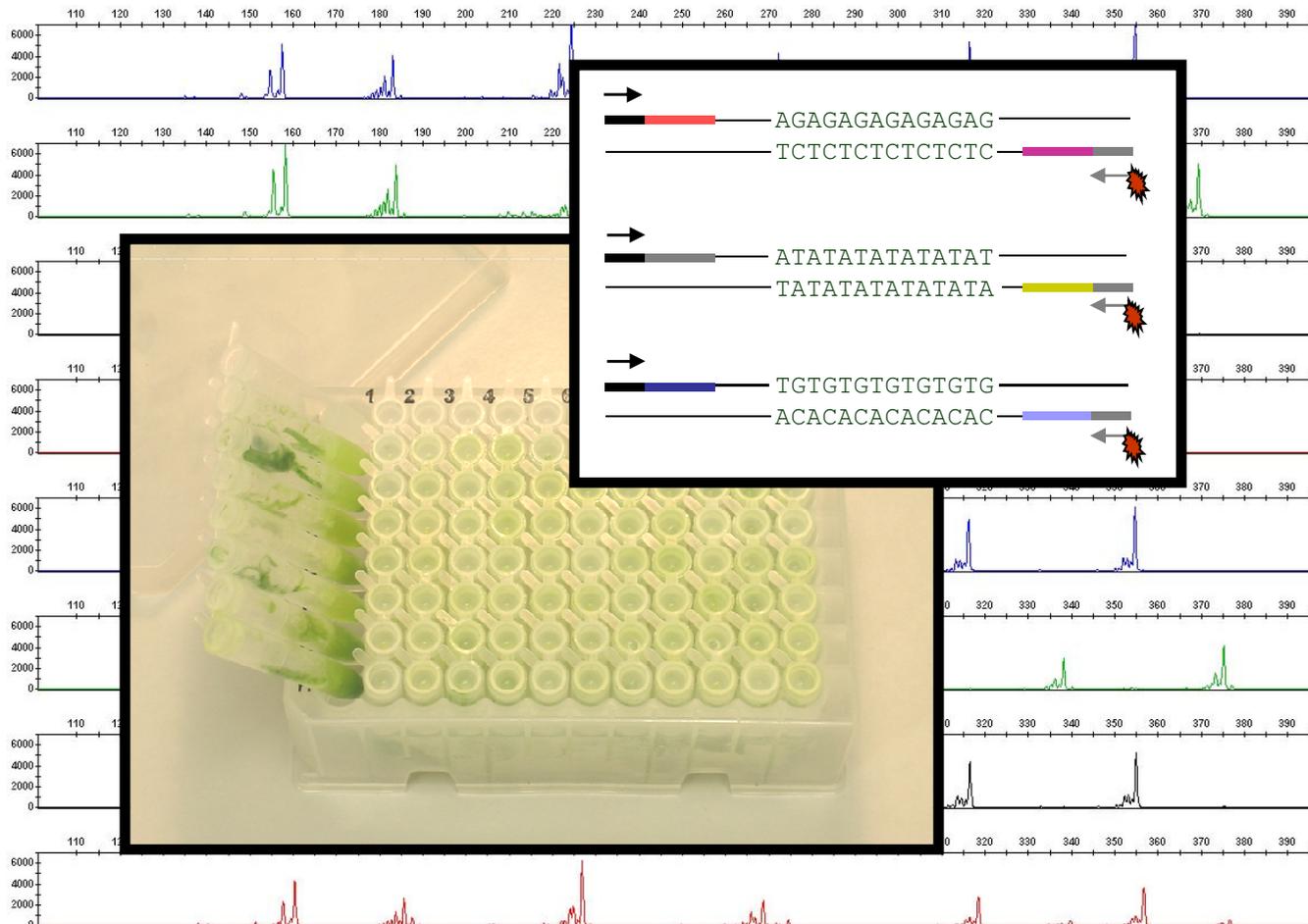
Table 1. A listing of the whole genomes available in Gramene

<i>Oryza sativa japonica</i>	Updated to MSU version 6 released in January 2009 (33) with 160 000 SNPs from 20 <i>O. sativa</i> lines determined as part of the OryzaSNP project using SNP array technology (34)
<i>Oryza sativa indica</i>	The Beijing Genome Institute (BGI) assembly of cultivar 93-11 published in 2005 (35)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	Updated to The Arabidopsis Information Resource (TAIR) (36) version 9 released in June 2009 with the Ensembl database created by the Nottingham Arabidopsis Stock Centre (NASC) 637 522 SNPs from 20 <i>A. thaliana</i> lines determined as part of the <i>Arabidopsis</i> 2010 project using genome tiling array technology 220 000 SNPs from 363 <i>A. thaliana</i> lines determined as part of the <i>Arabidopsis</i> 2010 project using SNP array technology 2 698 797 SNPs from 17 <i>A. thaliana</i> lines determined as part of the <i>Arabidopsis</i> 1001 genomes project using re-sequencing technology
<i>Arabidopsis lyrata</i>	Added the Araly1 assembly from the Joint Genomes Institute (JGI)
<i>Brachypodium distachyon</i>	Added the Brachy 1.2 version from JGI (2010)
<i>Populus trichocarpa</i>	Added JGI version 2.0 assembly (January 2010) and JGI version 2.0 gene predictions (March 2010) (37)
<i>Sorghum bicolor</i>	Added the Sbil assembly and Sbil.4 gene set (March 2007) (38)
<i>Vitis vinifera</i>	Added the International Grape Genome Program (IGGP) and version 'IGGP 12X' (39) with 469 470 SNPs from 17 <i>V. vinifera</i> lines determined as part of the USDA project using re-sequencing technology (40)

La Biologia molecolare delle piante ha fatto enormi passi in avanti e ormai abbiamo otto genomi completi di piante e altri si stanno terminando di sequenziare (mais, pomodoro ecc.) Vanno quindi utilizzate le conoscenze e le tecniche più moderne per accelerare e migliorare il breeding.

MARKER ASSISTED SELECTION = MAS

Miglioramento genetico aiutato dall'uso di marcatori molecolari di caratteri positivi visibili immediatamente nei semi di progenie segreganti o in cloni di piante a propagazione vegetativa .



Visual phenotypic markers for the tomato genome

a classical set of genetic markers

