



Selezione vegetale – dall’incrocio classico all’editing genomico

Parassiti, cambiamenti climatici e risorse limitate rendono necessaria la selezione di nuove varietà di piante per produrre alimenti di elevata qualità nel massimo rispetto dell’ambiente. A prescindere dalla specie coltivata, alla base della selezione vegetale c’è la diversità genetica, che può essere di origine naturale, o creata dall’uomo tramite diversi metodi. Le piante selezionate vengono descritte in modo dettagliato, esaminate per diversi anni e iscritte nel catalogo delle varietà dopo aver ottenuto un’autorizzazione ufficiale. Negli ultimi decenni la gamma dei metodi utilizzati nella selezione vegetale ha conosciuto un costante ampliamento: tramite la selezione per mutazione è possibile ampliare la diversità genetica, mentre l’ingegneria genetica consente l’introduzione di geni provenienti da specie diverse. Da poco inoltre, grazie all’editing genomico, è possibile ottenere modificazioni mirate in un determinato punto del genoma delle piante coltivate.

La selezione vegetale contribuisce a garantire e a migliorare a lungo termine il rendimento e la qualità dei prodotti coltivati.¹ Il suo scopo consiste nel creare piante che riuniscano resistenza alle malattie e ai parassiti, qualità elevata e rendimento stabile. A questo si aggiungono oggi altre grandi sfide, come la disponibilità sempre più limitata delle risorse naturali e i cambiamenti climatici.² Ecco perché la ricerca mira, per esempio, alla creazione di varietà vegetali in grado di tollerare meglio la siccità, il calore o la carenza di sostanze nutritive. Insieme al commercio mondiale, i cambiamenti climatici possono anche contribuire alla diffusione di nuove malattie e parassiti delle piante, che in questo modo possono insediarsi in luoghi in cui, fino ad ora, non avevano ancora fatto la loro comparsa. La selezione di resistenze agli agenti patogeni e ai parassiti costituisce quindi un altro importante obiettivo, al fine di ridurre l’utilizzo di pesticidi.

Anche l’utilizzo efficiente delle sostanze nutritive e dell’acqua rimane una priorità della selezione vegetale; per esempio, per ridurre il fabbisogno di concimi minerali.^{3,4} Infine, la selezione vegetale tiene conto anche delle esigenze dei consumatori e del mercato.

A prescindere dalla specie coltivata e dagli obiettivi della selezione, quest’ultima funziona sempre secondo il medesimo principio. Se è necessario modificare una proprietà specifica, viene anzitutto individuata o creata la corrispondente diversità genetica. Successivamente, le piante con le caratteristiche desiderate vengono costantemente ottimizzate in modo da poter essere ammesse come nuove varietà dopo aver superato un controllo indipendente.⁵

Materiale genetico

- Pianta selvatica ●
- Varietà coltivata ●
- Altro organismo ●

Modificazione

- Desiderata ●
- Indesiderata ●

1 Ampliamento della varietà genetica

Il fondamento di ogni selezione è costituito dalla diversità genetica. Già agli albori dell'agricoltura gli uomini hanno selezionato le piante con le proprietà desiderate all'interno delle varietà esistenti e le hanno moltiplicate in modo mirato. Nella selezione vegetale moderna, la prima fase del processo prevede l'ampliamento della diversità genetica. È possibile combinare varianti genetiche esistenti, per es. tramite incroci con altre piante, coltivate o selvatiche, della stessa specie oppure di specie imparentate. Inoltre, le mutazioni contribuiscono all'ampliamento della varietà genetica. Esse avvengono spontaneamente o sono causate da fattori ambientali (sole, stress), ma possono anche venire indotte in numero considerevole nel processo di selezione. Spesso le mutazioni non portano nessun vantaggio ma, talvolta, hanno come conseguenza nuove e preziose proprietà. L'ingegneria genetica classica consente di integrare le caratteristiche desiderate nelle linee di selezione, sia all'interno di una specie (cisgenesi) sia tra specie diverse (transgenesi). Infine, per modificare in modo mirato le basi genetiche di una linea, può essere utilizzato l'editing genomico, recentemente sviluppato.

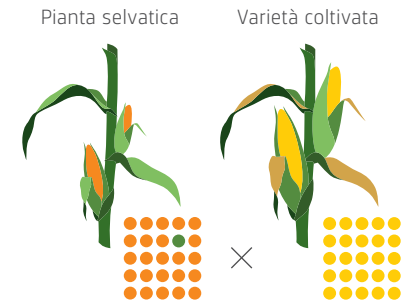
2 Selezione e ottimizzazione

Nel processo di selezione vengono incrociate le piante con la caratteristica desiderata (per es. la resistenza alle malattie). La discendenza viene descritta (fenotipizzazione), valutata e selezionata in laboratorio o in campo. Nel corso del processo, spesso sulla base di singoli marcatori genetici, o persino di migliaia di essi, si determina quali piante sono portatrici delle informazioni genetiche desiderate. Si parla allora di selezione assistita da marcatori o genomica. A seconda del metodo, la discendenza viene ottimizzata tramite un numero determinato di incroci, che consentono di fissare le caratteristiche desiderate e di eliminare quelle indesiderate. Se le nuove proprietà sono presenti nella discendenza con molteplici altre caratteristiche positive, si ottengono candidati a nuove varietà.

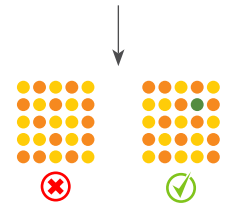
3 Controllo delle varietà e ammissione

Dopo diversi anni di selezione e numerosi controlli in pieno campo, gli esemplari prescelti vengono presentati all'Ufficio federale dell'agricoltura ai fini dell'ammissione come nuove varietà. Questi candidati varietali servono inoltre come punto di partenza per nuove selezioni. Prima dell'iscrizione al catalogo, le nuove varietà vegetali vengono testate da un organo di controllo indipendente su incarico dell'Ufficio federale dell'agricoltura. Affinché una nuova varietà selezionata possa essere riconosciuta come tale deve distinguersi da quelle esistenti ed essere geneticamente omogenea e stabile. Le varietà agricole vengono inoltre sottoposte ad un esame dell'idoneità agronomica e di utilizzazione.⁶ In Svizzera, vengono oggi ammesse alla coltivazione solo varietà ottenute dalla selezione per incrocio o mutazione. Per la coltivazione di varietà geneticamente modificate, dal 2005 è in vigore una moratoria. Attualmente, in Svizzera e nell'Unione Europea, le varietà prodotte con l'aiuto dell'editing genomico vengono considerate piante geneticamente modificate e sono quindi sottoposte alle stesse norme. Nel nostro Paese, si sta ora valutando se, per determinate forme di editing genomico, sia necessario modificare queste normative.

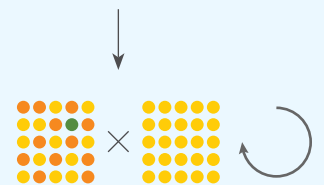
Selezione per incrocio



Una proprietà desiderata (per es. la resistenza ad una malattia) viene trasmessa da una pianta coltivata o selvatica, o da una specie strettamente imparentata, ad una varietà esistente.



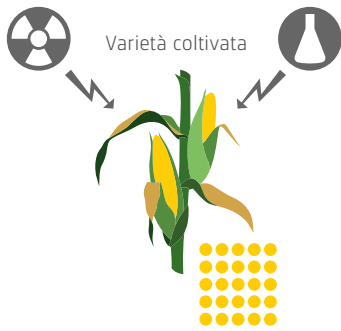
Le informazioni genetiche delle piante madri si mescolano e nella discendenza dando origine a combinazioni nuove e casuali di proprietà desiderate e indesiderate.



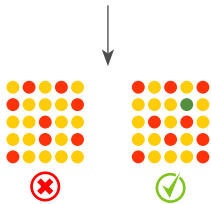
I discendenti selezionati vengono ulteriormente ottimizzati tramite diversi retro-incroci con la varietà di partenza.



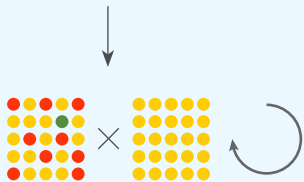
Selezione per mutazione



Sottoponendo una pianta coltivata a radiazioni o a trattamento con agenti chimici si ottengono mutazioni casuali nel suo patrimonio genetico.



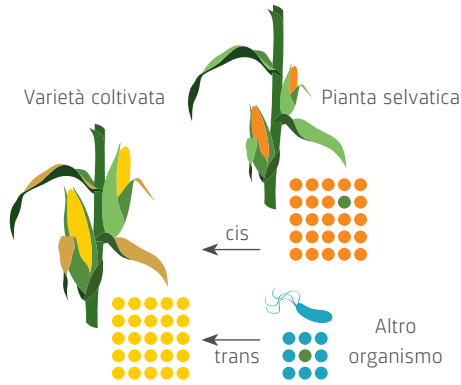
Nel genoma della pianta, questo causa, oltre alla mutazione desiderata, avvenuta in modo casuale, innumerevoli ulteriori modificazioni non desiderate.



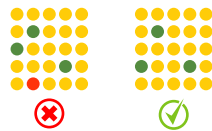
Successivamente, tramite diversi retro-incroci, le mutazioni indesiderate sono eliminatei dai discendenti selezionati, che sono ulteriormente ottimizzati.



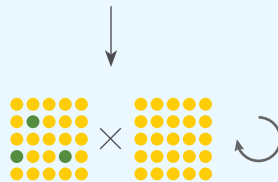
Ingegneria genetica classica



Uno o più geni vengono introdotti nella varietà coltivata tramite metodi di ingegneria genetica. Tali geni provengono da un'altra specie (transgene), o da una pianta selvatica o coltivata della stessa specie (cisgene).



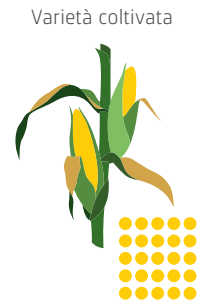
Il nuovo gene viene integrato una o più volte in un punto casuale del genoma della varietà di partenza, determinando, talvolta, anche modificazioni indesiderate.



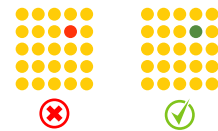
Successivamente, i discendenti selezionati vengono ottimizzati tramite ulteriori incroci.



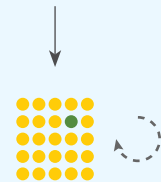
Editing genomico



Il patrimonio genetico di una varietà viene modificato con l'aiuto di un processo di editing genomico. Questo consente di modificare in modo casuale o mirato i geni selezionati, o di integrare interi geni.



Durante questa operazione le modificazioni desiderate avvengono in un punto specifico e predeterminato del genoma della pianta. Le mutazioni indesiderate sono tuttavia infrequenti.



Solo in determinati casi è necessario ottimizzare i discendenti selezionati tramite ulteriori incroci.



Editing genomico – un nuovo strumento nella selezione vegetale

L'editing genomico utilizza delle "forbici molecolari" come TALEN, nucleasi di tipo "Zinkfinger" o CRISPR/Cas. Per esempio, nel sistema CRISPR/Cas, queste si basano su proteine batteriche che esistono da milioni di anni. Le forbici molecolari possono essere utilizzate per diversi interventi nel genoma: nella forma più semplice dell'editing genomico, la riparazione imprecisa della rottura del DNA causata dalle forbici molecolari può determinare la desiderata inattivazione del gene. In un'altra forma, con l'aiuto di uno "stampo", viene riscritto specificamente il segmento di un gene, per esempio per riparare un gene difettoso. Inoltre, è possibile inserire in un determinato punto del genoma interi geni prelevati dalla stessa (cisgene) o da un'altra specie (transgene). Gli strumenti dell'editing genomico vengono continuamente perfezionati per ottenere modificazioni sempre più efficienti e specifiche. L'editing genomico si distingue da altri metodi per la sua specificità: è possibile modificare singoli geni o segmenti di geni selezionati mantenendo sostanzialmente inalterato il resto del genoma. La selezione per mutazione, invece, genera numerose modificazioni in punti casuali nel patrimonio genetico. L'editing genomico risulta più preciso anche rispetto all'ingegneria genetica classica, poiché quest'ultima causa l'integrazione dei geni in punti casuali nel genoma.

Grazie alla sua specificità l'editing genomico permette di introdurre singole proprietà in modo mirato, come per esempio la resistenza alle malattie, senza modificare le altre caratteristiche della varietà di partenza. In questo modo è possibile accelerare considerevolmente lo sviluppo di nuove varietà, a condizione che la base genetica della caratteristica desiderata sia nota. Questo presuppone un'approfondita conoscenza, in particolare nel caso di caratteristiche complesse basate su più geni.

Una strategia sostenibile di sviluppo agronomico deve preservare e favorire la diversità genetica delle varietà, in vista della selezione e della coltivazione, in particolare per quanto riguarda la resistenza a malattie e parassiti. L'editing genomico ha il potenziale di facilitare l'accesso al pool genico delle piante selvatiche e di renderne più efficiente l'utilizzo,⁷ per esempio al fine di reintrodurre nelle piante coltivate caratteristiche che sono andate perse nel corso dell'addomesticamento.⁸ È tuttavia importante continuare ad aumentare la diversità genetica attraverso gli incroci e la ricombinazione di interi genomi. Una diversità di piante selvatiche e coltivate rappresenta una risorsa importante, che è necessario conservare per future selezioni.

Tutti i metodi di selezione possono comportare modificazioni non intenzionali. Nella selezione per incrocio, per esempio,

numerose varianti genetiche non desiderabili provengono dalla pianta coltivata o selvatica. Nella selezione per mutazione si verificano numerose mutazioni che possono influire su svariate proprietà della varietà coltivata. Allo stesso modo, nell'ingegneria genetica classica, il posizionamento casuale di un nuovo gene nel genoma può avere conseguenze impreviste. Anche con l'editing genomico possono verificarsi modificazioni impreviste, che tuttavia risultano molto più rare rispetto alla selezione per mutazione e all'ingegneria genetica classica. Nonostante le forbici molecolari effettuino tagli molto specifici all'interno del genoma, può accadere, in rari casi, che esse siano attive anche in altri punti. La maggior parte di queste modificazioni non intenzionali, che possono essere causate da tutti i metodi, viene però eliminata attraverso ulteriori incroci, ovvero nel corso della selezione.

Una delle sfide che caratterizzano le piante ottenute mediante l'editing genomico è costituita dalla loro tracciabilità. In determinate forme di editing genomico vengono prodotte mutazioni simili a quelle naturali o a quelle ottenute mediante selezione per mutazione. Poiché per queste mutazioni non è possibile stabilire il metodo utilizzato per ottenerle, rimangono questioni aperte circa la regolamentazione da applicarsi.⁹

A livello internazionale, l'editing genomico si è rapidamente affermato nella ricerca e nello sviluppo di nuove varietà vegetali.⁴ Già nel 2018 sono state descritte circa 100 applicazioni di editing genomico con potenziale rilevanza di mercato in 28 specie vegetali coltivate.¹⁰ Anche in Svizzera l'editing genomico viene utilizzato nella ricerca nel settore della selezione vegetale. Non sono invece noti, al momento, concreti progetti per lo sviluppo di varietà ottenute tramite editing genomico in Svizzera. Ad oggi, nel nostro Paese sono ammesse alla coltivazione esclusivamente varietà ottenute tramite selezione per incrocio o mutazione. La discussione in seno alla politica e all'opinione pubblica sulla possibile futura presenza di piante ottenute tramite editing genomico e sul relativo quadro giuridico è attualmente aperta. In ogni caso, è determinante che la Svizzera continui a svolgere un ruolo di primo piano nella ricerca sul e con l'editing genomico per poter partecipare, in un mondo globalizzato, alle discussioni relative ad applicazioni, effetti e condizioni quadro di questa tecnologia e assumersi la propria responsabilità a livello internazionale.

NOTE LEGALI

EDITRICE E CONTATTO

Accademia svizzera di scienze naturali (SCNAT) • Forum di ricerca genetica Haus der Akademien • Laupenstrasse 7 • Casella postale • 3001 Berna • Svizzera +41 31 306 93 34 • geneticresearch@scnat.ch • geneticresearch.scnat.ch

REDAZIONE

Luzia Guyer • Sandro Käser • Franziska Oeschger

AUTRICI E AUTORI

Ueli Grossniklaus (Università di Zurigo) • Monika Messmer (Istituto di ricerche dell'agricoltura biologica FiBL) • Roland Peter (Agroscope) • Jörg Romeis (Agroscope) • Bruno Studer (ETH di Zurigo)

REVISIONE

Roland Kölliker (SSA, ETH di Zurigo) • Adrian Rügsegger (TA-SWISS) • Olivier Sanvido (SECO) • Roman Ulm (Università di Ginevra) • Michael Winzeler (ex Agroscope)

TRADUZIONE E CORREZIONE

CVB International (Valérie Cardona) • Greta Guarda • Sandro Rusconi

ILLUSTRAZIONI E LAYOUT

Natascha Jankovski

1ª edizione, 2020

Questo foglio informativo è stato redatto dal Forum di ricerca genetica in collaborazione con la Piattaforma Biologia e la Società Svizzera di Agronomia (SSA).

Citazione consigliata: U Grossniklaus, M Messmer, R Peter, J Romeis e B Studer (2020) Selezione vegetale - dall'incrocio classico all'editing genomico. Swiss Academies Factsheet 15 (3)

ISSN (print): 2297-1580

ISSN (online): 2297-1599

DOI: 10.5281/zenodo.4022869

Letteratura

- 1 R Braun, U Grossniklaus, D Gygax, S Kohler, P Matthias, J Romeis, O Sanvido e P Stieger (2013) Le piante geneticamente modificate ed il loro significato per un'agricoltura sostenibile in Svizzera. Accademie svizzere delle scienze.
- 2 Ufficio federale dell'agricoltura (2016) Strategia Selezione vegetale 2050. Berna.
- 3 A Walter *et al.* (2014) Die Schweizer Pflanzenzüchtung – eine räumliche, zeitliche und thematische Analyse des Umfeldes. Agrarforschung Schweiz, 5 (9), 366-373.
- 4 TA-SWISS (2019) Genome Editing: Interdisziplinäre Technikfolgenabschätzung. vdf Hochschulverlag AG, 70, Zürich.
- 5 Bundesamt für Landwirtschaft (2017) Weisung des Bundesamtes für Landwirtschaft betreffend der Aufnahme einer Sorte in die Sortenverordnung des BLW. Bern.
- 6 Ufficio federale dell'agricoltura (2008) Varietà, sementi e materiale vegetale in Svizzera. Berna.
- 7 A Zsögön *et al.* (2018) De novo domestication of wild tomato using genome editing. Nature Biotechnology, 36, 1211-1216.
- 8 M M Andersen *et al.* (2015) Feasibility of new breeding techniques for organic farming. Trends in Plant Sciences, 20:7, 426-34.
- 9 L Grohmann *et al.* (2019) Detection and identification of genome editing in plants: challenges and opportunities. Frontiers in Plant Science, 10:236.
- 10 Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, Deutsche Forschungsgemeinschaft und Union der deutschen Akademien der Wissenschaften (2019) Wege zu einer wissenschaftlich begründeten, differenzierten Regulierung genomeditierter Pflanzen in der EU / Towards a scientifically justified, differentiated regulation of genome edited plants in the EU. Halle (Saale).

Letteratura integrativa e informazioni

- J Carlin (2011) Mutations are the raw materials of evolution. Nature Education Knowledge, 3(10):10
<https://www.nature.com/scitable/knowledge/library/mutations-are-the-raw-materials-of-evolution-17395346/>
- Forschungsinstitut für biologischen Landbau (2012) Techniken der Pflanzenzüchtung
<https://shop.fibl.org/chde/mwdownloads/download/link/id/151/>
- Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Geschäftsstelle PLANT 2030 (2019) GENOMXPRESS SCHOLÆ 6: Genomeditierung bei Nutzpflanzen
<https://www.pflanzenforschung.de/de/schule-studium/genomxpress-scholae/gxp-06>
- M Messmer (2011) Dossier zur Beschreibung und Beurteilung von Züchtungsmethoden für den ökologischen Landbau
https://orgprints.org/20044/1/_Dossier_Zuechtungsmethoden_DEUTSCH_V41_.pdf
- <https://www.transgen.de>
- <https://www.pflanzenforschung.de/de/home>
- <https://www.fibl.org/de/themen/pflanzenzuechtung.html>
- <https://www.blw.admin.ch/blw/it/home/nachhaltige-produktion/pflanzliche-produktion/pflanzenzuechtung.html>