

Sequenziare il genoma per capire quello che mangiamo

*Luigi Cattivelli
CREA Genomics Research Centre
Fiorenzuola d'Arda, Italy*

Il consorzio internazionale per il sequenziamento del genoma del frumento duro



Luigi Cattivelli
Nicola Pecchioni



Aldo Ceriotti
Luciano Milanese
Gabriella Sonnante



University of Bologna
M. Maccaferri, S. Salvi,
Roberto Tuberosa



Nils Stein



Hikmet Budak



University of Tel Aviv
Assaf Distelfeld



Curtis Pozniak

HelmholtzZentrum münchen
German Research Center for Environmental Health

Klaus Mayer

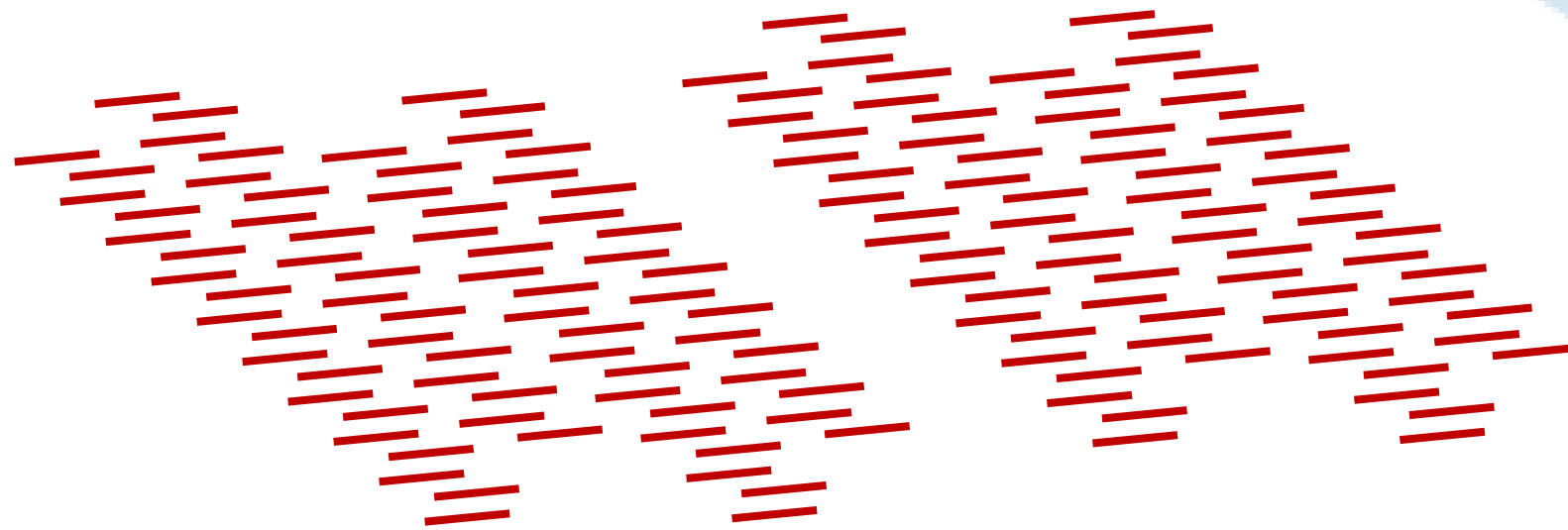
Un genoma tetraploide di 12 Gb con 80% RE

Svevo, la prima varietà di frumento duro con spiccate caratteristiche qualitative

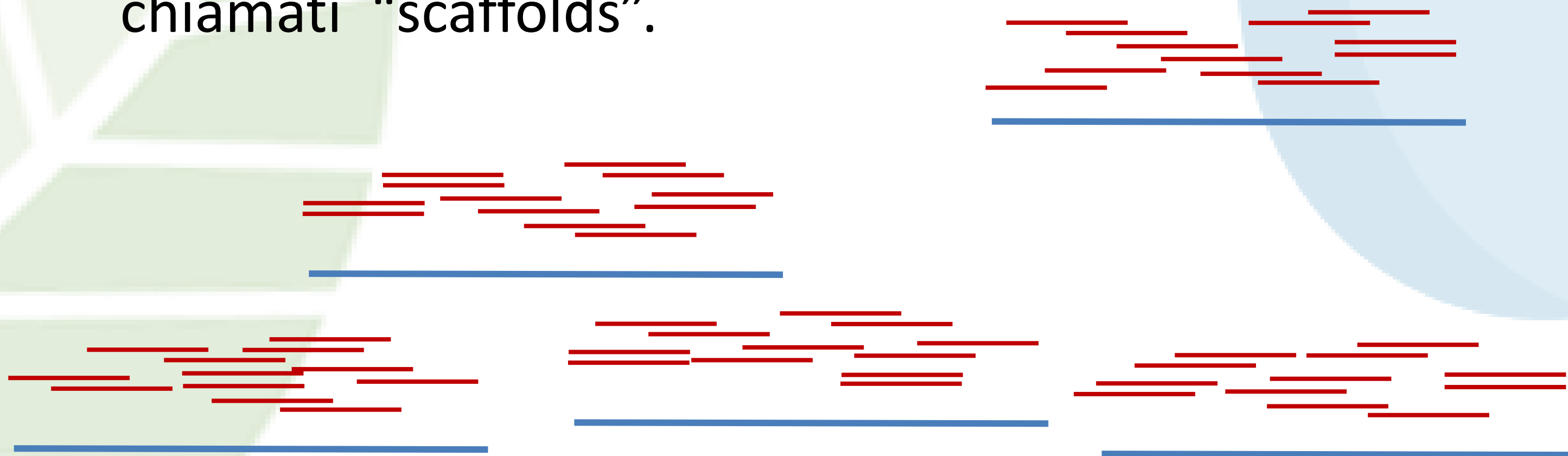
- Svevo (1996): CIMMYT line × Zenit
- Alto contenuto proteico ed alto indice di giallo



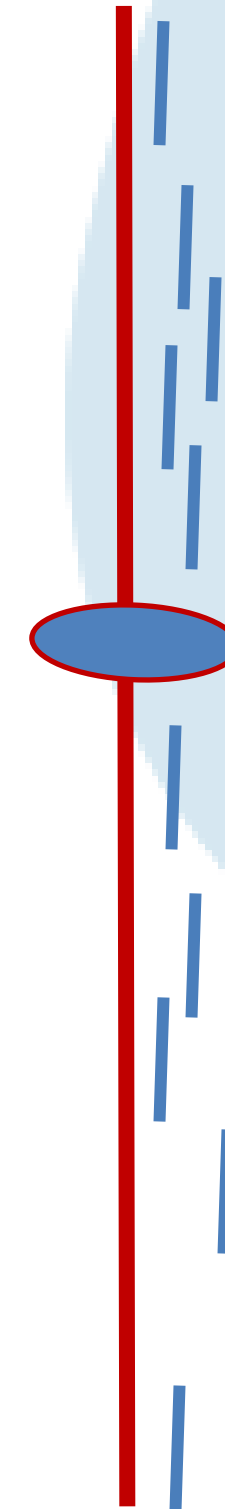
- Sequenziamento Whole Genome Shotgun con la tecnologia di Illumina: produzione di brevi tratti di sequenza (200-400 basi) generati casualmente in quantità pari a 275 volte la dimensione del genoma.



- Assemblaggio delle sequenze casuali usando sino a produrre tratti contigui di sequenza chiamati “scaffolds”.



- Ancoraggio degli scaffolds ai cromosomi per ricostruire l'ordine fisico dei tratti sequenziati attraverso l'analisi della struttura tridimensionale dei cromosomi (Chromosome conformation capture (Hi-C)).



High quality assembly of the Svevo genome: statistics

- Il 90% dell'intero genoma è stato assemblato in 2,019 scaffolds, di cui il più piccolo è lungo 1.09 Mb.
- Il 95% degli scaffolds è stato ancorato ai cromosomi ed alla mappa genetica.



Step 3: Gene annotation

	HC	LC		
# Loci	67,920		80,181	
	HC1	HC2	LC	RE
# Trascritti	49,860	73,621	66,759	34,562

High Confident genes: tutti i loci con trascritti HC (evidenze di espressione ed intera sequenza identificata sul genoma).

Low Confident genes: principalmente corte sequenze probabilmente tratti geni più grandi.

Dimensione media dei geni: 4,640bp

Dimensione media ORF: 1,065

- La sequenze dei geni identificate sul genoma vengono analizzate per la loro putativa funzione
- Ad esempio i geni che codificano per la resistenza a malattie fungine si caratterizzano per la presenza di un dominio leucine-rich repeat (LRR) unito ad un nucleotide-binding (NB) site (NBS-LRR).
- Quanti NBS-LRR geni esistono nel genoma del frumento?

Inventario dei geni con funzione nota tratto dalla prima versione del genoma del frumento tenero (IWGSC, Science, 2014)

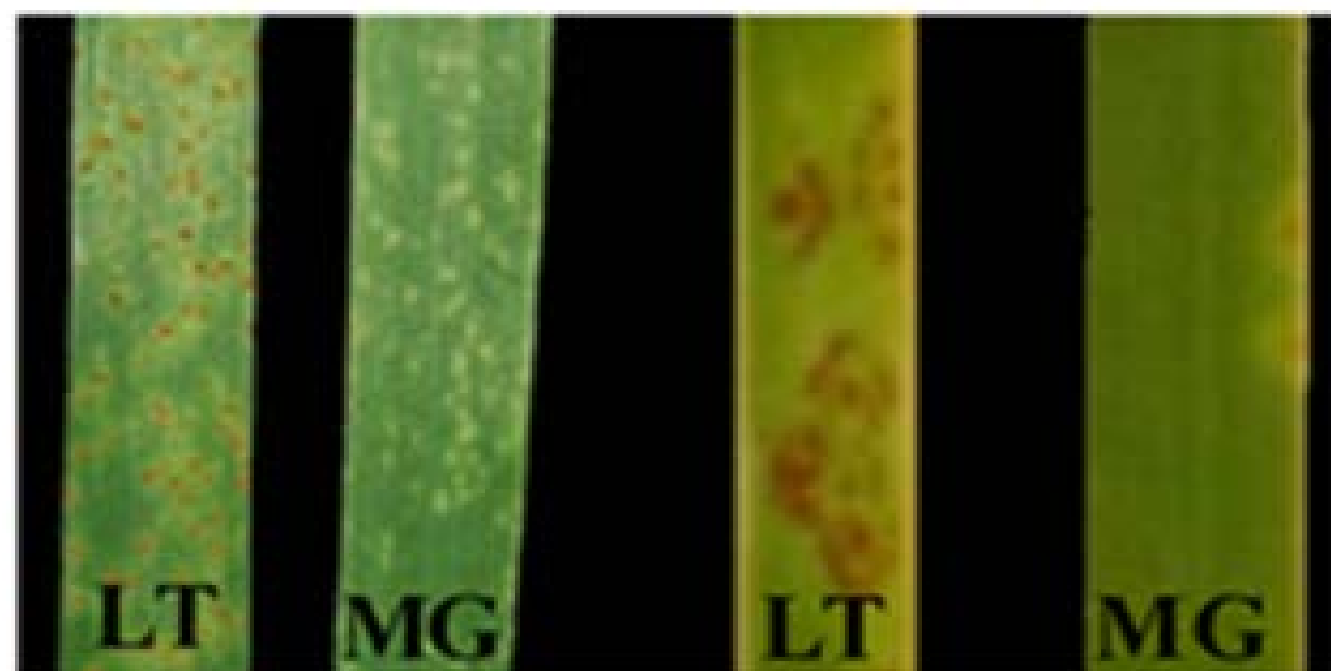
Carattere	<i>T. aestivum</i>	<i>T. durum</i> <i>v</i> Capelli	<i>T. durum</i> <i>V</i> Strongfield	<i>T. urartu</i>	<i>T. monococcum</i>	<i>Ae. sharonensis</i>	<i>Ae. speltoides</i>	<i>Ae. tauschii</i>
Disease Resistance	547	205	231	150	119	184	193	435
Vernalization Response	25	6	5	9	8	8	8	8
Photoperiod response	9	2	2	3	3	2	2	3
Abiotic Stress (AP2 Domain)	195	128	54	99	101	101	103	105
Abiotic Stress (Myb TF)	501	231	191	185	161	180	163	193

- Il genoma fornisce un inventario di geni definiti sulla base di un omologia di sequenza.
- La maggioranza dei geni rimangono non definiti (unknown function)
- Il genoma fornisce l'ordine fisico dei geni che può essere utilizzato per associare una posizione fisica del genoma (gene) ad un carattere di interesse.

Un esempio: ricerca di un gene che controlla la resistenza alla ruggine bruna

Una nuova fonte di resistenza verso la ruggine bruna *T. dicoccum* accessione MG5323

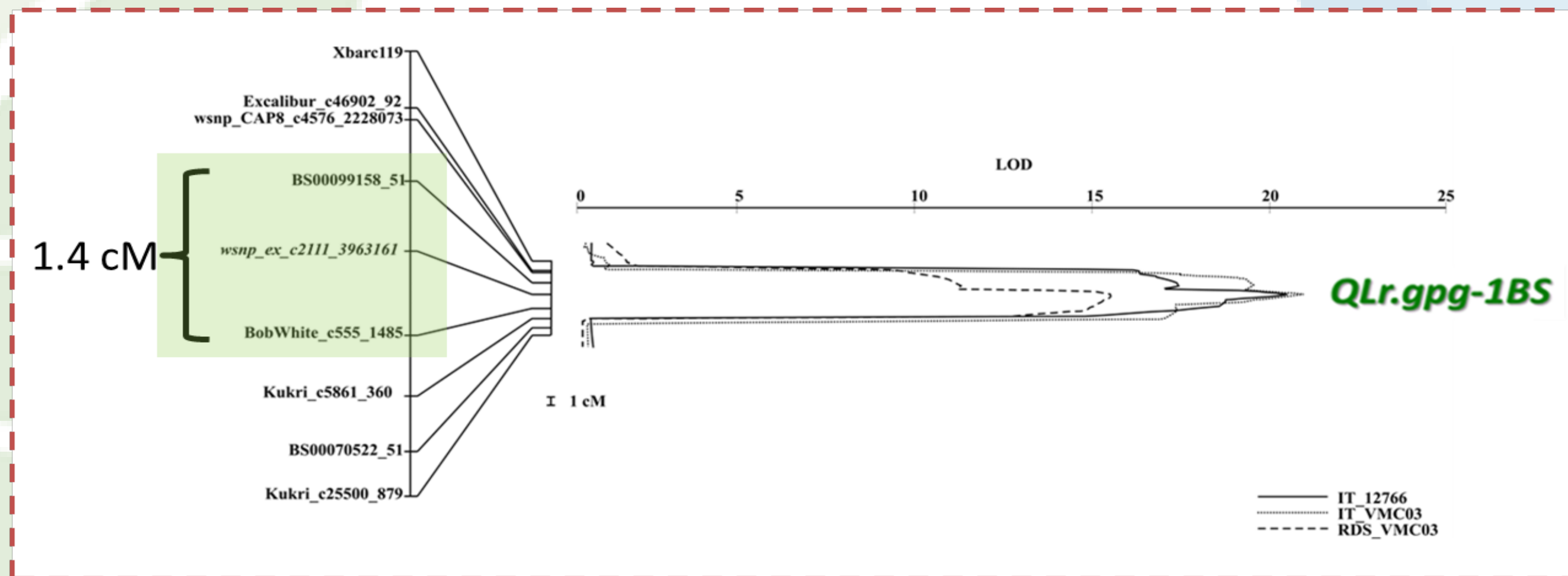
VMC03 12766



***Puccinia triticina* (VMC03 and 12766)**

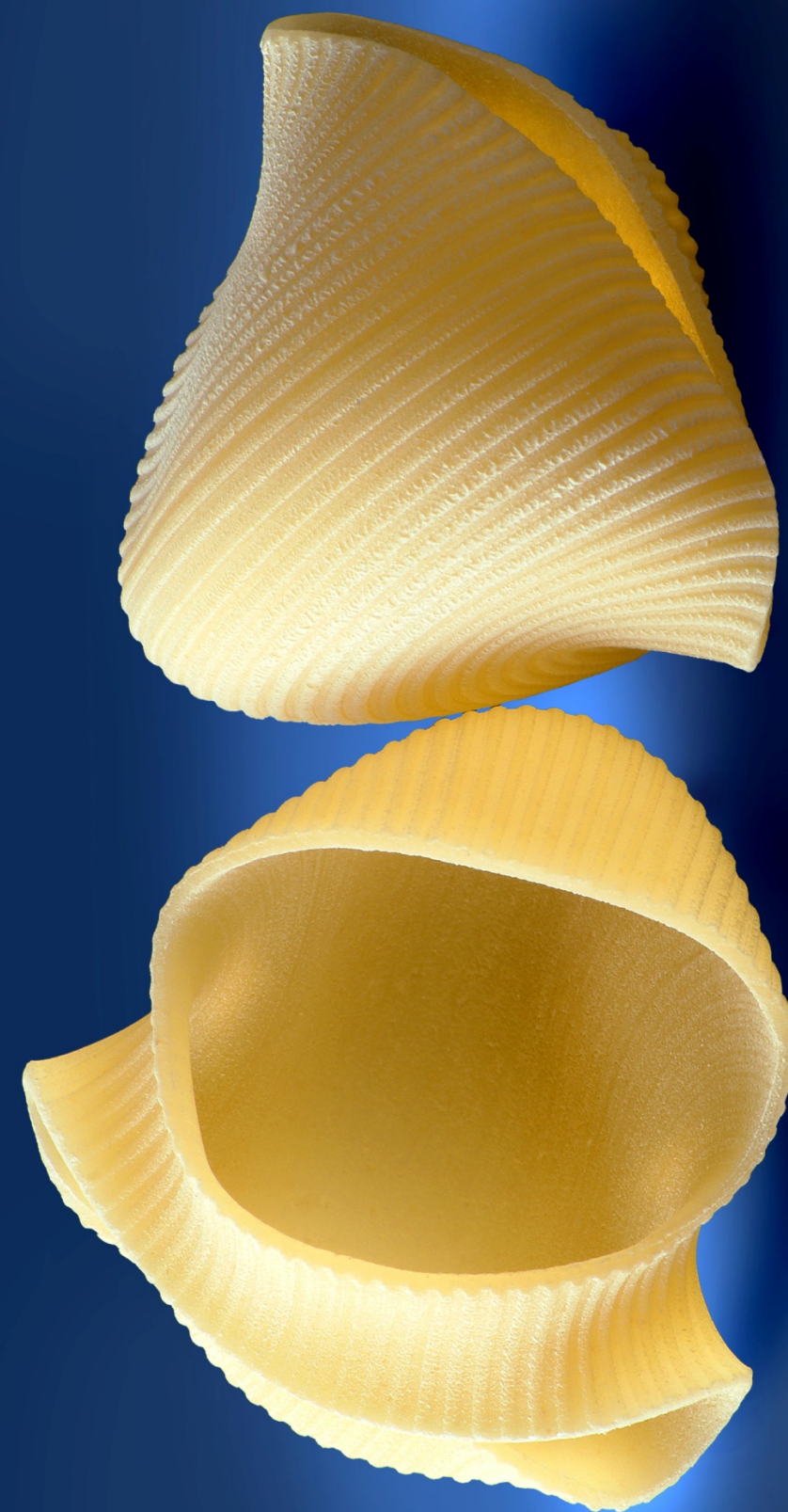
	VMC03	12766	Co	93206	Jerez05
Latino	9	9	1	3	9
MG5323	1	3	2	2	1

La mappa genetica realizzata su una popolazione segregante identifica 2 QTL che conferiscono resistenza alla ruggine di cui il maggiore è localizzato sul cromosoma 1BS ed associato a 3 marker che delimitano 1.4 cM (Desiderio et al., MGG, 2015).



Quello che arriva nel piatto dipende dai geni delle piante che coltiviamo

- Più resistenze meno pesticidi, meno micotossine
- Le caratteristiche qualitative dipendono dalla composizione delle materie prime (proteine, pigmenti, componenti nutrizionali)
- Le reazioni allergiche dipendono dalla presenza di specifici allergeni (proteine) negli alimenti
-



Sequenziare il genoma è un passo fondamentale per la gestione dei problemi connessi alla sostenibilità dell'agricoltura e alla qualità e sicurezza dei prodotti alimentari