



UNIONE
EUROPEA



Convegno
**La filiera dell'Olio
Extra Vergine d'Oлива
nel Sud Est Barese.
Qualità, tipicità
e sicurezza
delle produzioni**

GAL
SUD EST BARESE

Bitritto
08 aprile 2022 | 16,30
c/o Sala Convegni Castello
Piazza Aldo Moro



SINAGRI srl



REGIONE
PUGLIA
AREA POLITICHE PER LO SVILUPPO RURALE

L'Agrobiodiversità pugliese: una risorsa da tutelare

Prof.ssa Cinzia Montemurro

cinzia.montemurro@uniba.it

www.fruttiantichipuglia.it



1. L'agrobiodiversità olivicola

- Overview delle attività
- Principali obiettivi
- Metodologia
- Risultati

2. La caratterizzazione molecolare

- Metodologia
- Risultati

COS'È LA BIODIVERSITÀ?

La diversità biologica o BIODIVERSITÀ' è **la varietà degli organismi del pianeta.**

Questa varietà include:

- a) la diversità del loro aspetto morfologico,
- b) la loro diversità genetica
- c) le differenti aggregazioni o comunità che gli organismi possono comporre.



COS'È LA BIODIVERSITÀ?

Dove troviamo la massima biodiversità?

Il 70% delle specie di tutto il mondo si trova in solo 12 stati. Presso l'Hindu Kush-Himalaya sono presenti circa 25.000 specie (10%).

Le regioni tropicali supportano 2/3 delle 250.000 specie di piante stimate.

La maggiore biodiversità registrata ad oggi è 1200 specie in 52 ha di territorio nel Lambir Hills National Park, Sarawak (Malaysian Borneo)

Source: World Resources Institute, Earth Trends (Ref 5) * A vascular plant is one whose tissues conduct fluids



Vascular plant species*	
Country	Number
Australia	15,638
Brazil	56,215
China	8,200
Colombia	32,200
Congo, Democratic Republic	11,007
Costa Rica	12,119
Ecuador	19,362
India	18,664
Indonesia	29,375
Madagascar	9,505
Mexico	26,071
Peru	17,144

Source: World Resources Institute, Earth Trends (Ref 5)

* A vascular plant is one whose tissues conduct fluids

COS'È LA BIODIVERSITÀ?

COSA SONO GLI HOTSPOT DELLA BIODIVERSITÀ?

Un hotspot della biodiversità è una zona ricca di specie sulla quale incombe una seria minaccia alla sua esistenza
Concetto sviluppato da Norman Myers dell'Università di Oxford (UK) per individuare delle aree prioritarie di conservazione.

I “punti caldi” della
biodiversità non sono solo in
aree tropicali



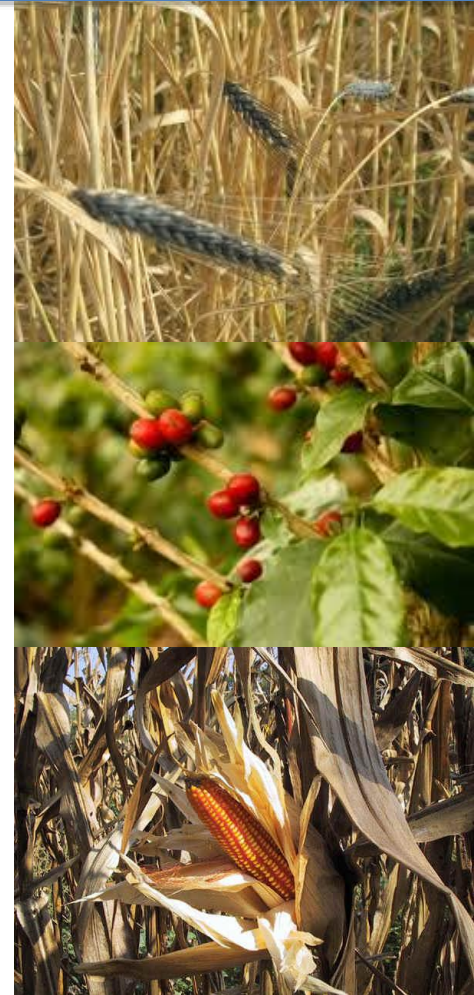
L'IMPORTANZA DELLA BIODIVERSITA'

Il germoplasma è conservato per tutelare la biodiversità e combattere l'erosione genetica, ma anche per utilizzarlo in programmi di ricerca che hanno contribuito notevolmente allo sviluppo dell'agricoltura moderna, della medicina e delle biotecnologie.

Nel 1953 un frumento selvatico della Turchia (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* Korn) fornì i geni per superare la ruggine fogliare che distrusse oltre un terzo dei campi di frumento nello stato del Montana.

Negli anni '70 la ruggine del caffè che si diffuse in America latina, minacciando seriamente le già precarie economie di quei Paesi fu ostacolata dai geni di resistenza individuati in una varietà di caffè dell'Etiopia, denominata Geisha.

Nel 1970 un'altra malattia, l'elmintosporiosi, si diffuse nel "corn belt" americano, alla velocità di oltre 150 Km al giorno, distruggendo oltre un sesto della produzione maidicola degli USA e la metà di quella degli stati del Sud; i geni che determinano la resistenza furono reperiti in una specie ancestrale del mais, *Zea diploperennis* L..



PRINCIPALI MINACCE ALLA BIODIVERSITÀ VEGETALE

- Aumento della popolazione umana
- Aumento dell'estensione dei suoli agricoli
- Cambiamento d'uso dei suoli
- Incremento della CO2
- Produzione di specie reattive dell'azoto
- Agricoltura
- Cambiamenti climatici e riscaldamento globale

PREDICTIVE MODELS OF CLIMATE WARMING ON ALPINE PLANT SPECIES

Climate change threats to plant diversity in Europe

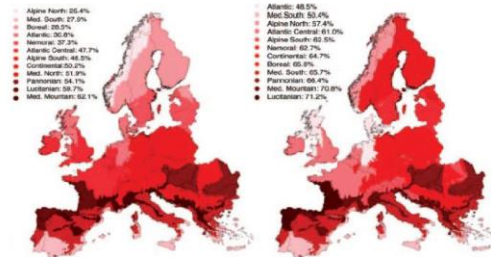
Wilfried Thuiller^{1,2,3}, Sandra Lovren^{4,5}, Miguel B. Araujo^{6,7}, Martin T. Sydes^{8,9}, and I. Colin Prentice¹⁰

¹Centre d'Ecologie Evolutive et Fonctionnelle, Centre National de la Recherche Scientifique-UMR 5175, 9119 Route de Novato, 34293 Montpellier Cedex 5, France; ²Climate Change Research Group, Edinburgh Research Centre, National Institute for Research in Glaciology, 71 King St, Colchester CO1 1JL, UK; ³South Africa; ⁴Macroecology and Conservation Unit, University of Exeter, Exeter EX4 4PU, Exeter, UK; ⁵Departamento de Biologia Animal, Centro Nacional de la Recherche Científica e Tecnológica, Universidade de Coimbra, P.O. Box 3116, 30045 Coimbra Cedex 5, Portugal; ⁶Biodiversity Research Group, School of Geography and the Environment, Oxford University, Mansfield Road, Oxford OX1 2TA, Oxford, UK; ⁷United Kingdom; ⁸Geobotany Science Centre, Department of Physical Geography and Ecosystem Analysis, Lund University, Sölvegatan 12, 223 62 Lund, Sweden; and ⁹QUEST, Department of Earth Science, University of Bristol, With Memorial Building, Queen's Road, Bristol BS8 1TL, United Kingdom

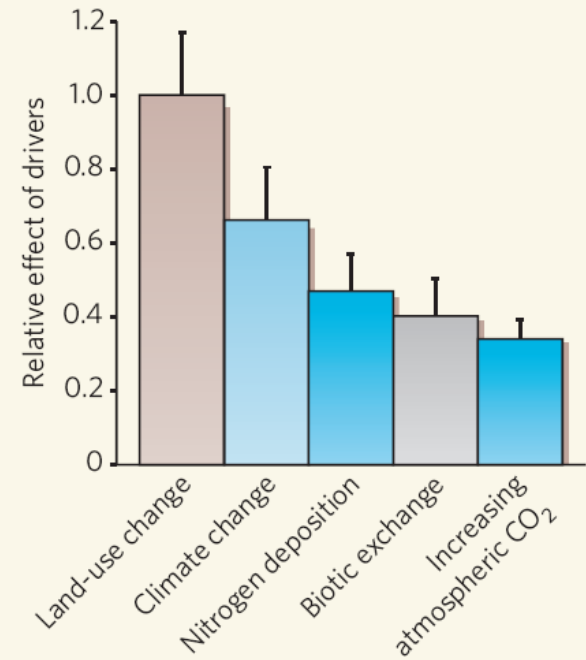
Edited by Harold A. Mooney, Stanford University, Stanford, CA, and approved April 26, 2005 (received for review December 31, 2004)

Immagine centrale: anno 2080 previsione di estinzione.

Prealpi italiane e Appennino: circa 60% estinte e sostituite da altre entità



Europe ranked by biogeographic regions. Mean percentage of current species richness (Left) and species loss under the A1-HadCM3 scenario.



The main factors, or 'drivers', affecting biodiversity

Thuiller, 2007 – Nature

COSA FARE?

- **Ricerca la biodiversità vegetale**
- **Conservare il germoplasma vegetale**
- **Caratterizzare il germoplasma vegetale**

LE REGIONI BIOGEOGRAFICHE

Comunità Europea → sei Regioni Biogeografiche

Per ognuna delle sei regioni biogeografiche la Commissione Europea ha redatto elenchi di SIC

Italia suddivisa in tre regioni biogeografiche: Alpina, Continentale e Mediterranea.



COSA FARE?

- Ricercare la biodiversità vegetale
- **Conservare il germoplasma vegetale**
- Caratterizzare il germoplasma vegetale



Conservazione in situ

La conservazione può essere praticata *in situ*, quando è possibile conservare il germoplasma nel suo habitat naturale, non solo nel suo habitat originario ma anche in giardini e campi sperimentali, o altre strutture realizzate appositamente dall'uomo che riproducano l'habitat di partenza della specie.

Conservazione ex situ

La conservazione *ex situ* si riferisce sia a collezioni di germoplasma vivente site in luoghi e con habitat diversi da quelli d'origine, sia a raccolte di semi e colture in vitro di tessuti che a collezioni di polline, tessuti meristematici, embrioni e semi crioconservati.

COSA FARE?

- Ricercare la biodiversità vegetale
- Conservare il germoplasma vegetale
- **Caratterizzare il germoplasma vegetale**

3 LIVELLI DI BIODIVERSITÀ

Diversità a livello specifico: ricchezza di specie



Diversità a livello genetico



DNA del cromosoma
di sorgho (sorgho)
134 525 bp

Gene per un mRNA	Gene per una proteina
Gene per un rRNA	Fase di lettura aperta (ORF) non assegnata

Diversità a livello ecologico



LA BIODIVERSITA' MOLECOLARE

L'individualità di ogni organismo vivente è racchiusa nel suo patrimonio genetico, costituito dal DNA.

In particolare, l'informazione genetica specifica di ogni organismo è costituita dalla sequenza delle 4 basi azotate (**A, C, G, T**).

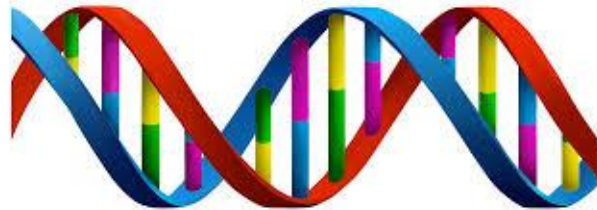
La sequenza delle basi nel genoma è quasi identica nell'ambito della stessa specie (>95%). Le piccole differenze intra-specifiche sono quelle che consentono di differenziare un individuo dall'altro.



...Perché il DNA???

Molecola stabile e non modificabile; resistente alle alte temperature, alle trasformazioni industriali, presente in tutte le cellule.

Analizzabile con metodi automatici, non influenzata dall'ambiente, analisi altamente riproducibili.

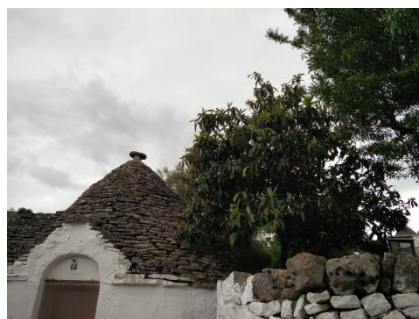




Il progetto REGEROP

Overview delle attività

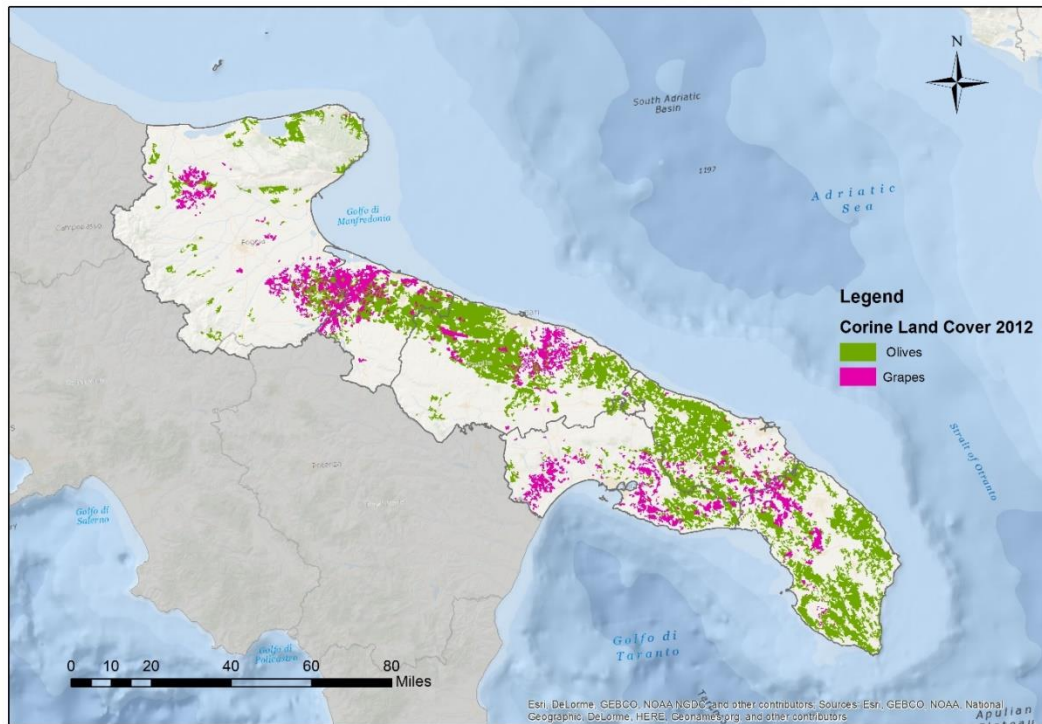
.....Siamo in **Puglia**...





Il progetto REGEROP

Overview delle attività



Colture di olivo in Italia:
1,077,477 Ha

Olivo in Puglia:
373,284 (Ha)

www.istat.it



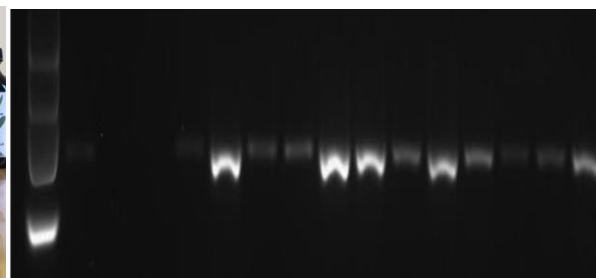
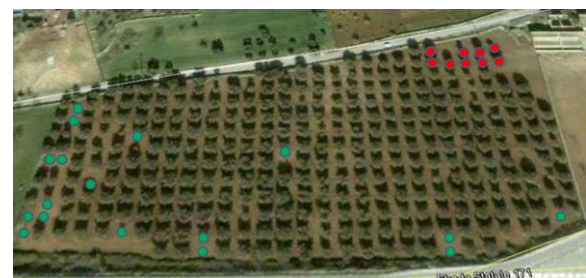


Il progetto **REGEROP**

Overview delle attività

Il progetto **REGEROP**: «Recupero del germoplasma olivicolo pugliese», segue un approccio multidisciplinare attraverso il coordinamento di **otto** differenti attività

1. Indagini storiche e bibliografiche
2. Ricerca del germoplasma
3. Conservazione *Ex situ*
4. Caratterizzazione morfologica, tecnologica e genetica
5. Indagine dello stato sanitario delle piante recuperate
6. Costituzione del Data-base
7. Schede elaiografiche
8. *Conservazione In situ*





Il progetto REGEROP

Principali obiettivi

ATTIVITA	INDICATOR	DESCRIZIONE	OBIETTIV
'	E		O
01	Risultato	No. di documenti	300
02	Risultato	No. di piante geotaggate	500
03	Impatto	Incremento del germoplasma di olivo pugliese	10 (Ha)
04	Risultato	No. di genotipi caratterizzati	100
05	Risultato	No. di fonti primarie	40
06	Impatto	Rilascio del Database	1
07	Risultato	No. di schede elaiografiche	100
08	Risultato	No. di collezioni private e pubbliche	5



La metodologia seguita nel progetto **REGEROP** mette insieme differenti tecniche e competenze messe a disposizione da soggetti diversi:

3 Centri di Ricerca

5 Organizzazioni professionali

4 Compagnie private

4 Aziende

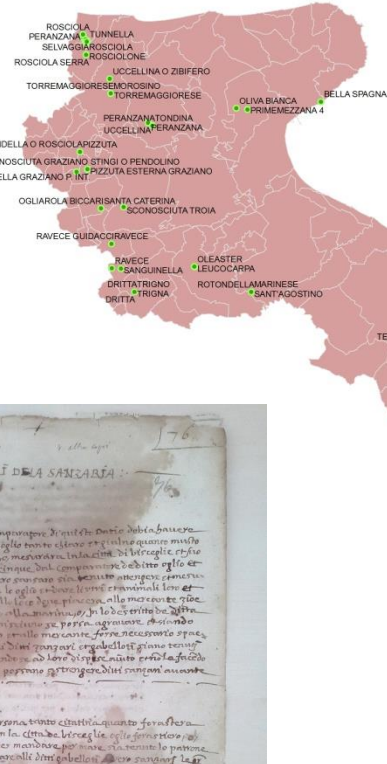
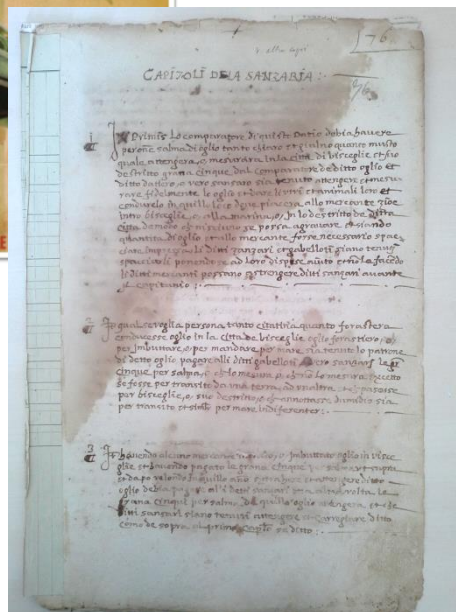
2 Comuni





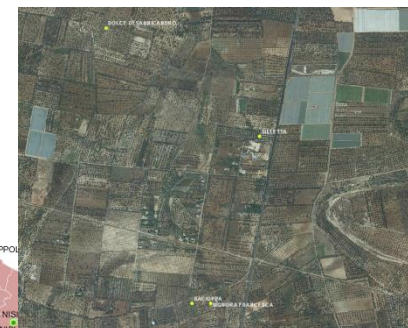
Il progetto REGEROP

Risultati



Legend

- ACCESSIONI DI OLIVO
- COMUNI PUGLIESI



310 documenti

160 Genotipi di olivo

Il libro Rosso «La sanzaria» 1582-1583
bc



Il progetto REGEROP

Risultati



OLIVA PIZZUTA (MONOPOLI)



LEUCOCARPA(FOGGIA)



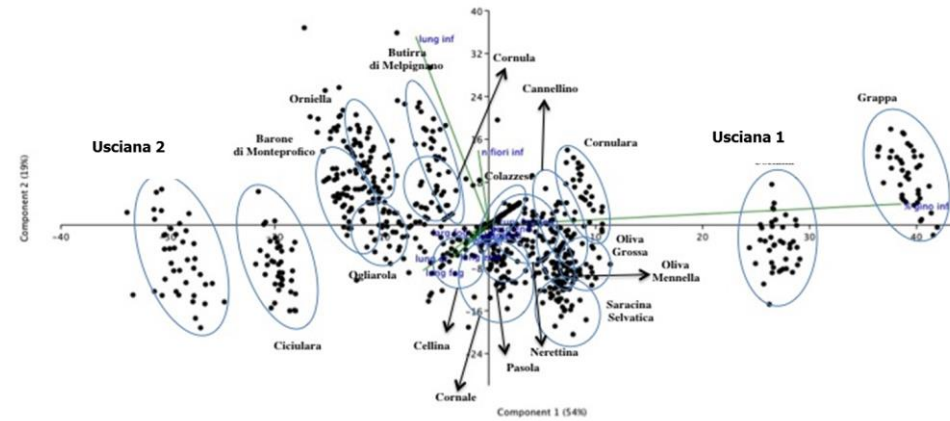
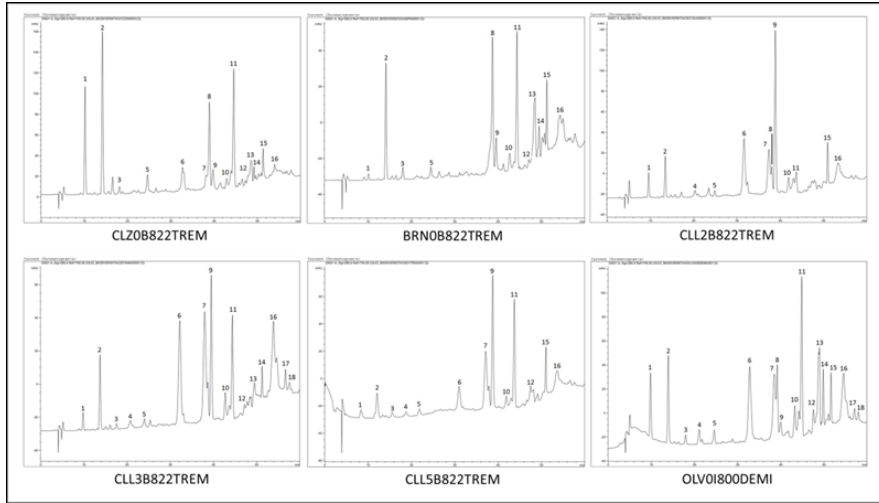
PRIMA MEZZANA (S. GIOVANNI ROTONDO)



OLIVA SANNICANDRESE (CASSANO)



**Più di 12 ettari
coltivati con
germoplasma
autoctono di olivo**



Colozese

DCA3	DCA13	DCA15	DCA17	DCA18	GAPU71B	GAPU101	EMO90	EMOL
237	128	242	140	170	120	184	186	200
242	128	242	140	170	120	200	192	200



Orniella

DCA3	DCA5	DCA13	DCA15	DCA17	DCA18	GAPU71B	GAPU101	EMO90
238	204	120	253	110	156	124	184	186
254	208	120	253	110	156	138	184	186



Cornola

DCA3	DCA5	DCA9	DCA13	DCA15	DCA17	DCA18	GAPU71B	GAPU101	EMO90	EMOL
238	202	162	116	242	113	170	120	184	186	200
244	206	182	127	242	140	170	126	192	192	200



**Caratterizzazione
genetica,
morfologica e
tecnologica di **160**
genotipi di olivo**



PROGETTO
Re.Ger.O.P.

Il progetto REGEROP

Risultati



83 nuovi genotipi
risanati



59 nuove fonti primarie



Il progetto REGEROP

Risultati



8 nuove collezioni di germoplasma di olivo

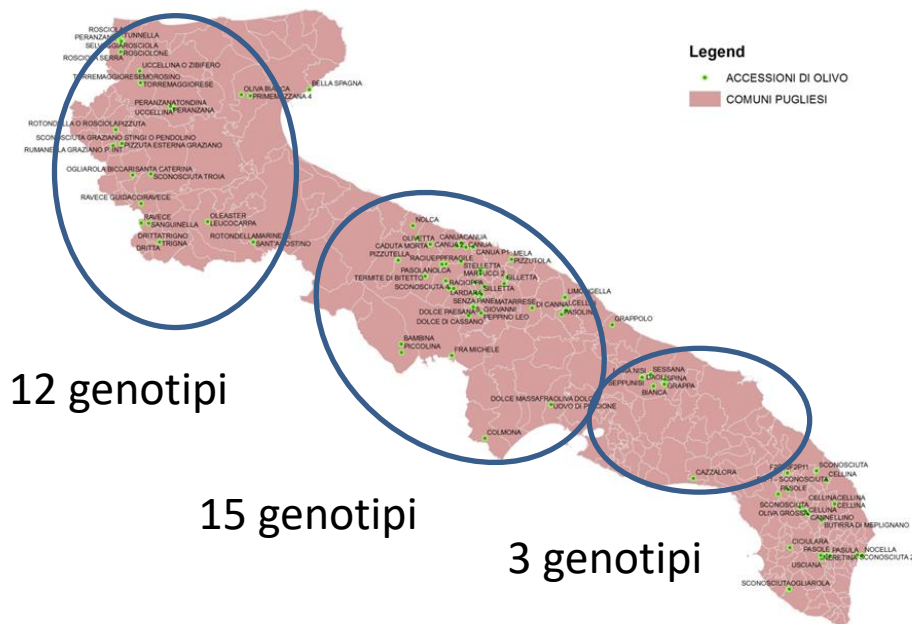


La caratterizzazione molecolare metodologia

Sono stati selezionati 30 alberi di olivo collezionati in aziende private a rischio di erosione genetica.

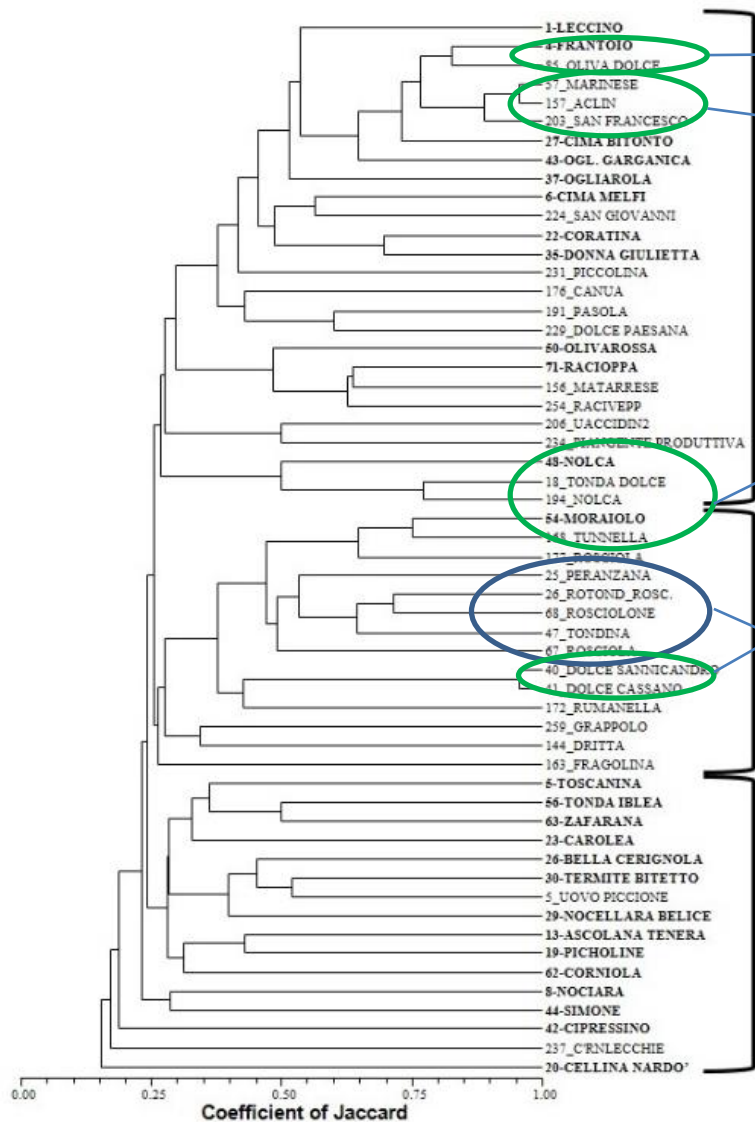
Confronto con 26 varietà di olivo certificate diffuse in Italia e in Puglia, disponibili presso il campo di premoltiplicazione di olivo del CRSFA a Palagianò (TA).

12 marcatori del DNA sono stati analizzati: DCA3, DCA5, DCA9, DCA13, DCA15, DCA17, DCA18, (Sefc et al., 2000), EMO-90, EMO-L (De La Rosa et al., 2002), GAPU45, GAPU71B, GAPU101, (Carriero et al., 2002).





La caratterizzazione molecolare Risultati



4 casi di sinonimia

Frantoio 4 e Oliva dolce 85

Marinse 57 Acilino 157 e San Francesco 203

Tonda dolce 18' e 'Nolca 194'; 'Moraiolo 54' e 'Tunnella 168'

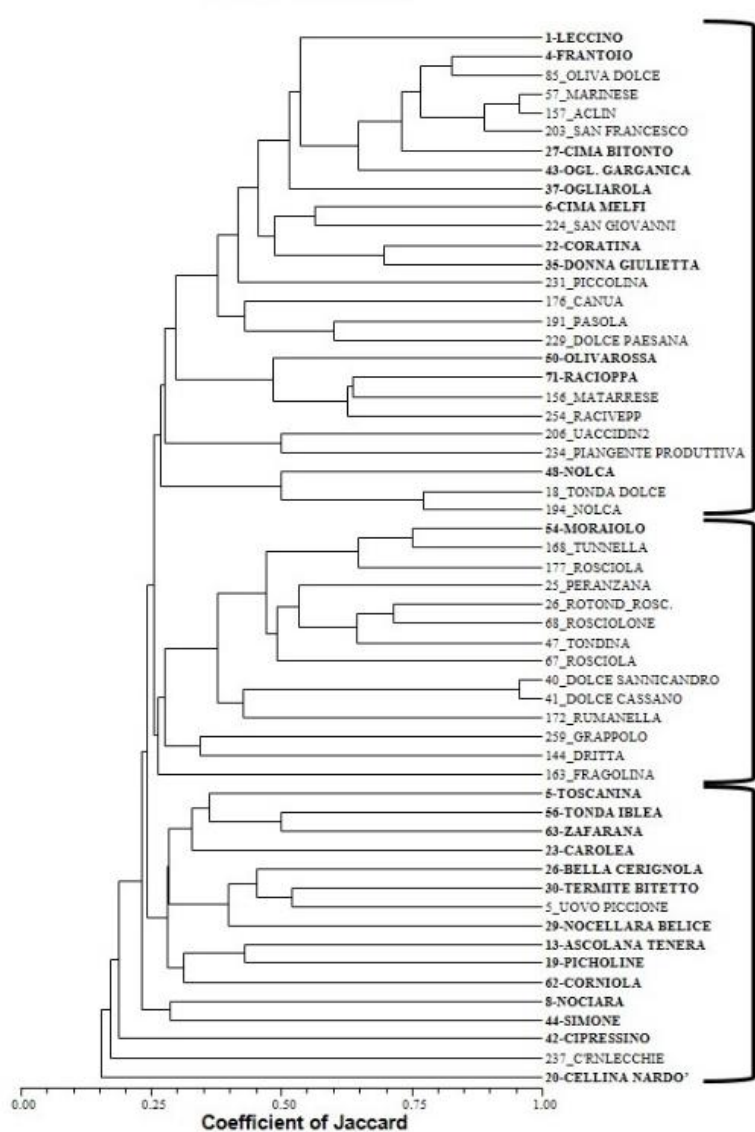
Dolce di Sannicandro 40 e Dolce di Cassano 41

4 casi di omonimia

'Rosciola 67', 'Rosciola 177', 'Rosciolone 68', e 'Rotondella o Rosciola 26' presentavano profili del DNA molto diversi tra loro.



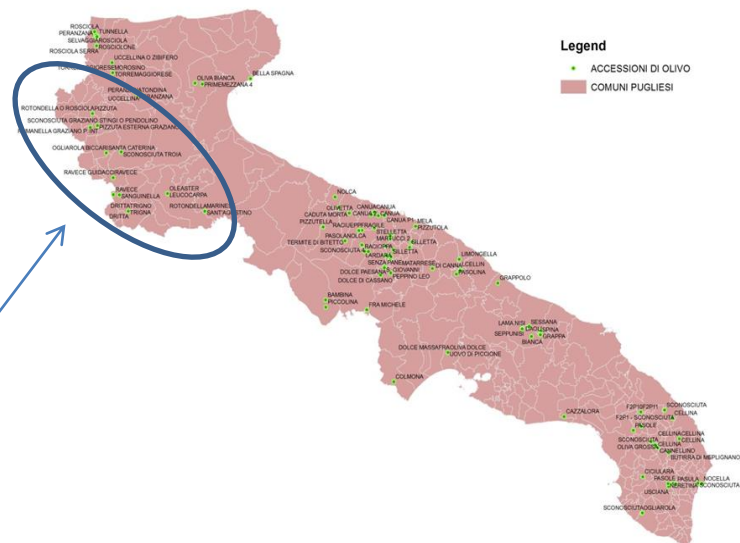
La caratterizzazione molecolare Risultati



GROUP I

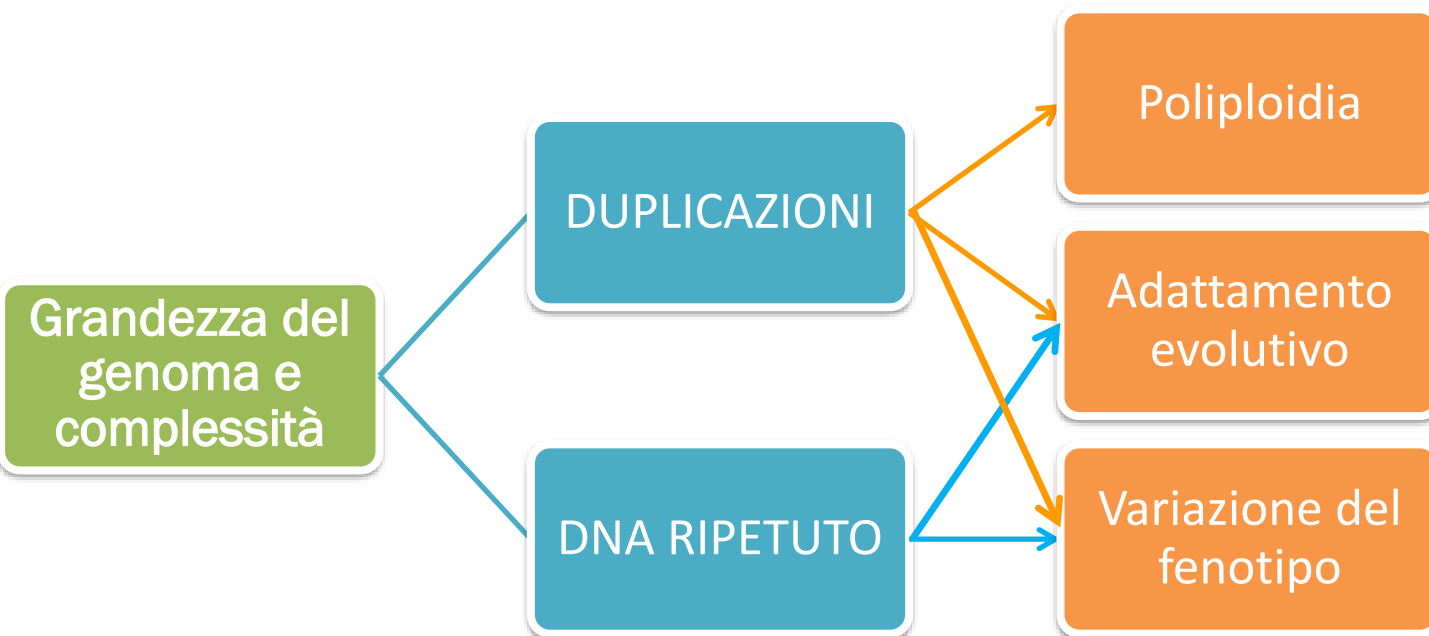
GROUP II

GROUP III



Il secondo gruppo riunisce tutti i genotipi del Sub Appennino Dauno, che è geograficamente isolato dal resto della Regione da montagne e valli. Questa area e il promontorio del Gargano hanno subito un isolamento geografico dovuto alla costituzione del loro territorio che si riflette sull'isolamento genetico di questi genotipi di olivo.

Il genoma delle piante coltivate:



Il Next Generation Sequencing (NGS) per lo studio della Biodiversità

La rivoluzione NGS rende oggi possibile intraprendere analisi genomiche su una dimensione di scala fino a poco tempo fa inimmaginabile. Gli strumenti (**next-generation sequencing**) consentono di determinare la sequenza del DNA con elevatissima efficienza e costi estremamente contenuti.



VS



Sequenziamento Sanger:
Marcatori SSR
Basso numero di sequenze



NGS Illumina

Sequenziamento Sanger



VS



NGS Illumina
Marcatori SNP
Sequenziamento del
genoma
GBS





OPEN ACCESS Freely available online

PLoS one

A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species

Robert J. Elshire¹, Jeffrey C. Glaubitz¹, Qi Sun², Jesse A. Poland³, Ken Kawamoto¹, Edward S. Buckler^{1,4}, Sharon E. Mitchell^{1*}



Riduzione della complessità genomica mediante l'uso degli enzimi di restrizione



Pro:

- ✓ economicità
- ✓ Elevato numero di SNP sul genoma
- ✓ Piattaforme di sequenziamento NGS in multiplex
- ✓ Barcoding del singolo campione
- ✓ **Non richiede conoscenze preliminari genoma**

Schema di lavoro dell'analisi GBS

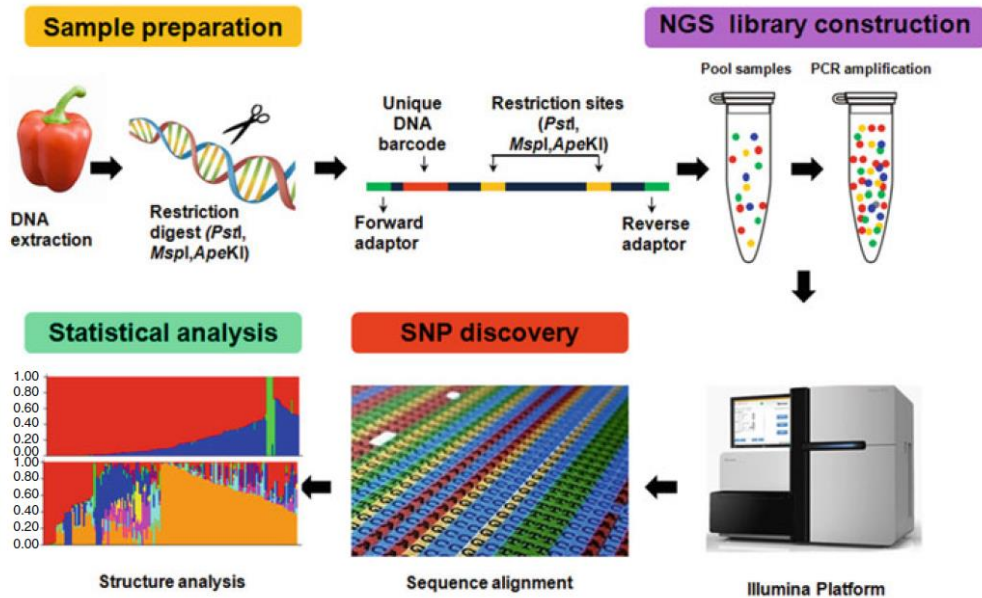


Fig. 1 Schematic steps of a genotyping by sequencing experiment

cv. Farga



Cruz et al. *GigaScience* (2016) 5:29
DOI 10.1186/s13742-016-0134-5

GigaScience

DATA NOTE

Open Access

Genome sequence of the olive tree, *Olea europaea*



Fernando Cruz^{1,2†}, Irene Julca^{2,3,4†}, Jèssica Gómez-Garrido^{1,2}, Damian Loska^{2,3}, Marina Marcet-Houben^{2,3}, Emilio Cano⁵, Beatriz Galán⁶, Leonor Frias^{1,2}, Paolo Ribeca^{1,2}, Sophia Derdak^{1,2}, Marta Gut^{1,2}, Manuel Sánchez-Fernández⁷, Jose Luis García⁸, Ivo G. Gut^{1,2}, Pablo Vargas^{5,11*}, Tyler S. Alioto^{1,2,10*} and Toni Gabaldón^{2,3,8,9*}

Schema di lavoro dell'analisi GBS in Olivo



PROGETTO
Re.Ger.O.P.

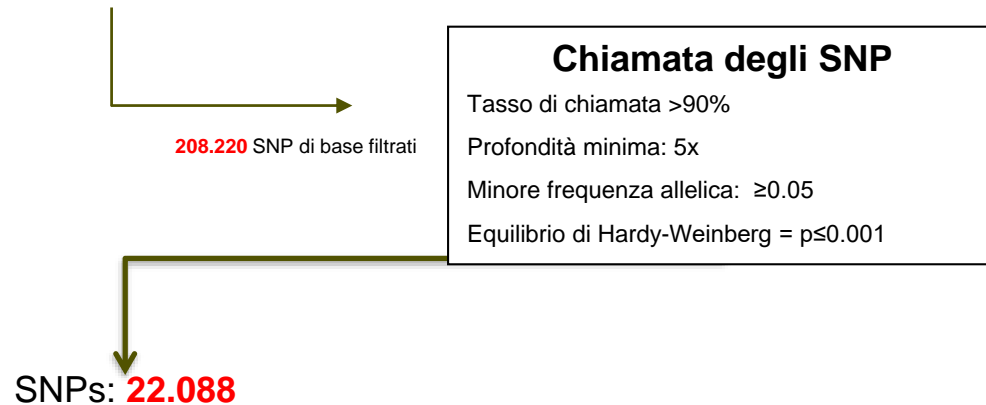
94 varietà italiane campionate presso il CREA OFA di Mirto Crosia (CS)



TASSEL-GBS
[con genoma di riferimento]

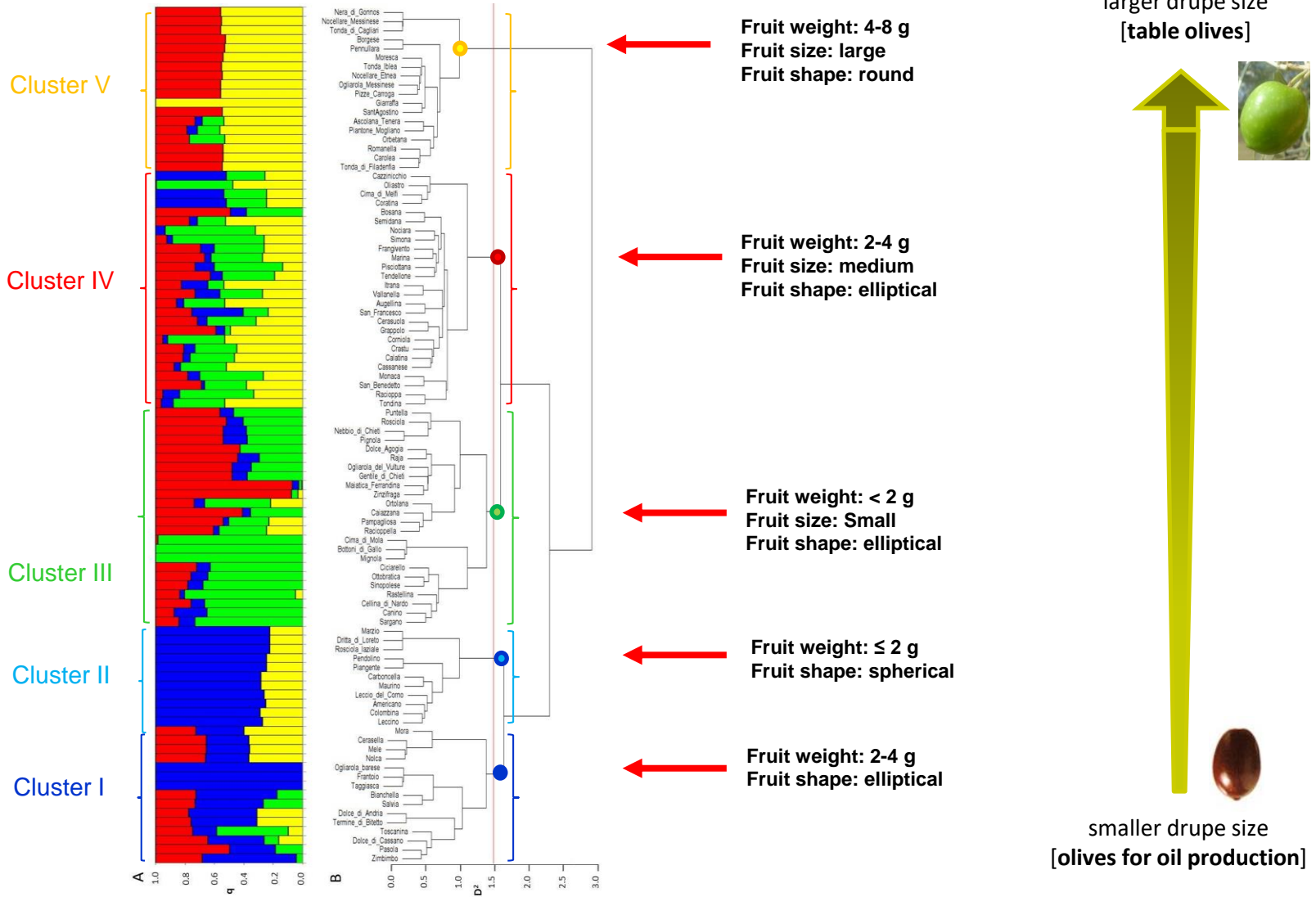
~ **247 M** reads – media di **2.6 M** reads per campione
1.4 M Tags dopo il merging

- 54 % allineato ad una posizione unica
- 16 % allineato a una posizione multipla
- 30 % non risulta allineato

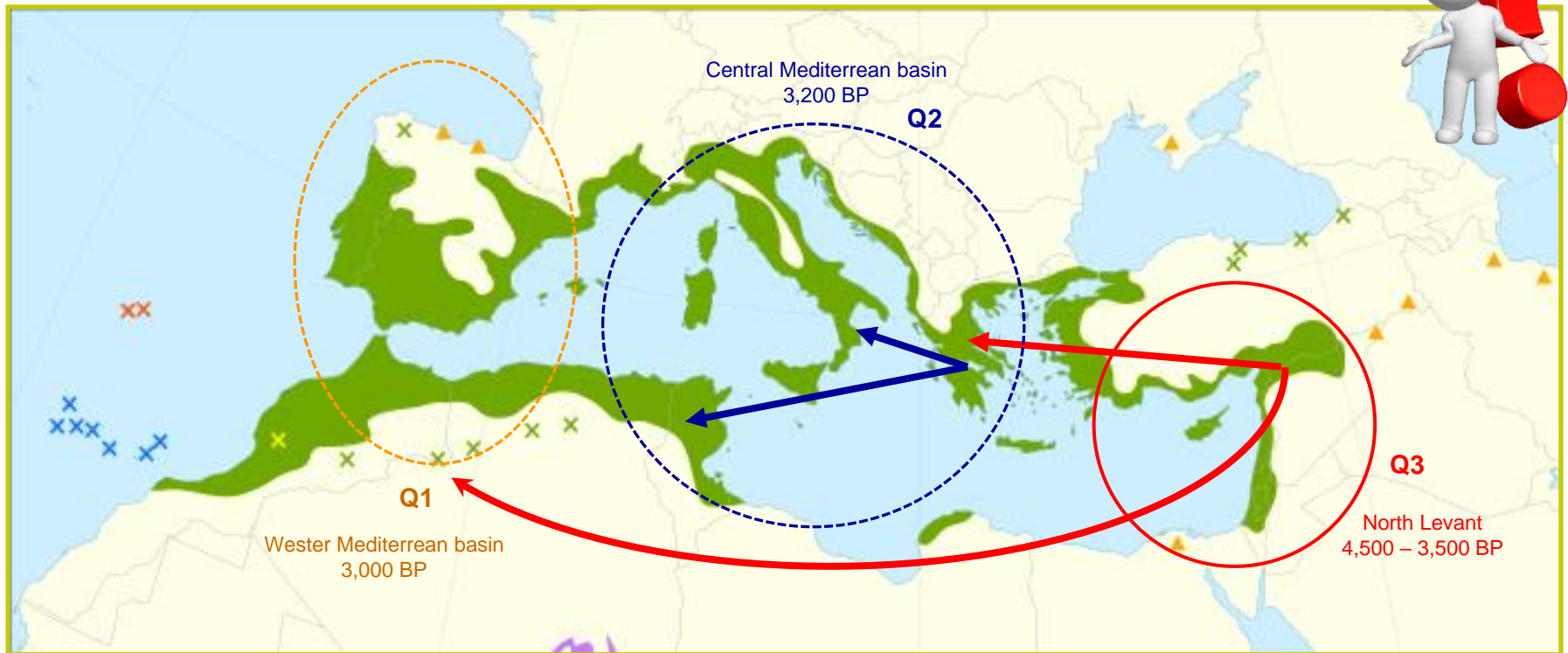


Raggruppamento basato su caratteri morfologici ad elevata ereditabilità

Modelling population structure



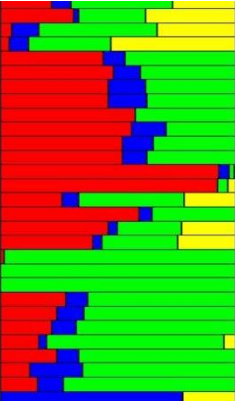
Origine e diffusione dell'olivo: un possibile scenario



La probabile origine delle cultivar di olivo italiane

I gene pool → Q2

Ancestore comune dalla Magno-Grecia



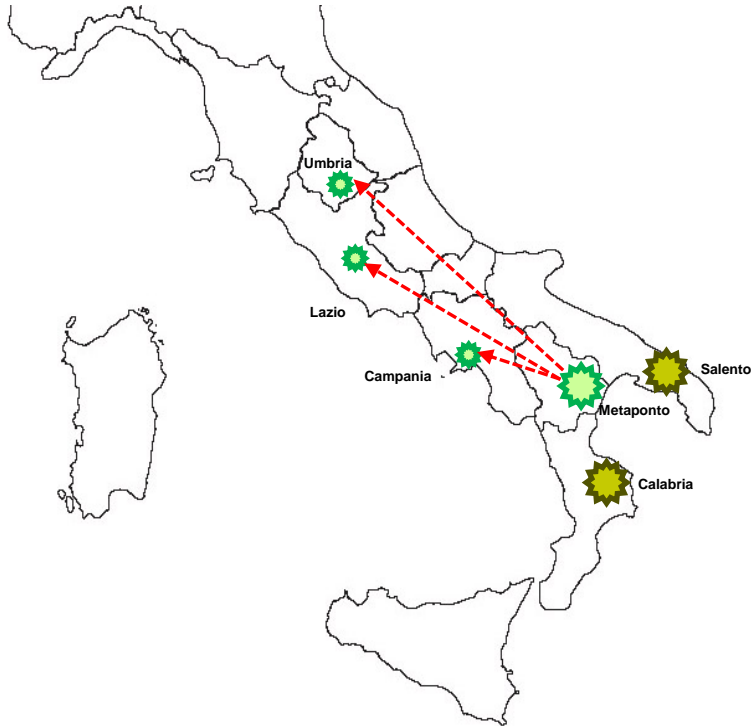
- moravia
- San_Benedetto
- Rosoppa
- Tondina
- Puntella
- Rosciola
- Nebbio_di_Chieti
- Pignola
- Dolce_Agogia
- Raja
- Ogliarola_del_Vulture
- Gentile_di_Chieti
- Maistica_Ferrandina
- Zinzifraga
- Ortolana
- Calazzana
- Pampagliosa
- Racioppella
- Cima_di_Mola
- Bottoni_di_Gallo
- Mignola
- Ciaciarello
- Ottobratica
- Sinopolese
- Rastellina
- Cellina_di_Nardo
- Canino
- Salerno
- Martin



Area di influenza Ionica



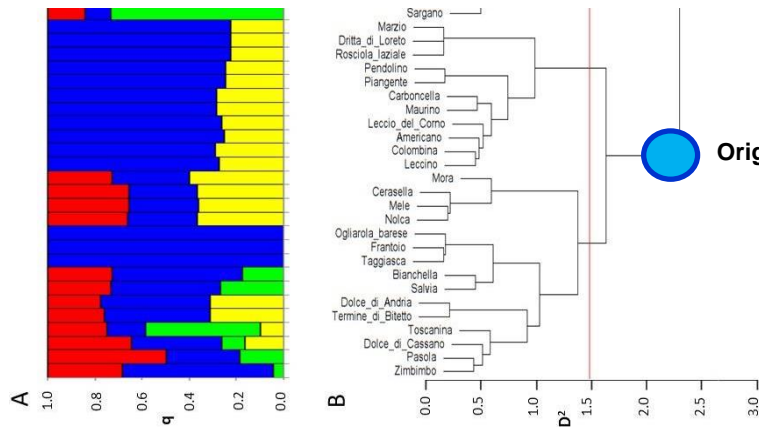
Area di influenza Dorica



La probabile origine delle cultivar di olivo italiane

Il gene pool  Q2?

Ancestore comune del Centro Italia (territorio Etrusco)

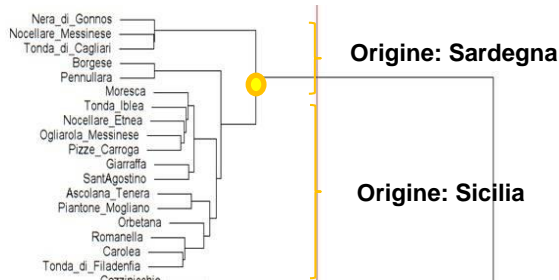
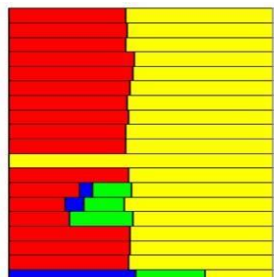


Frantoio, Pendolino, Leccino e Dritta di Loreto potrebbero essere le varietà dalle quali si sono originate molte varietà moderne (Albertini et al. 2011).

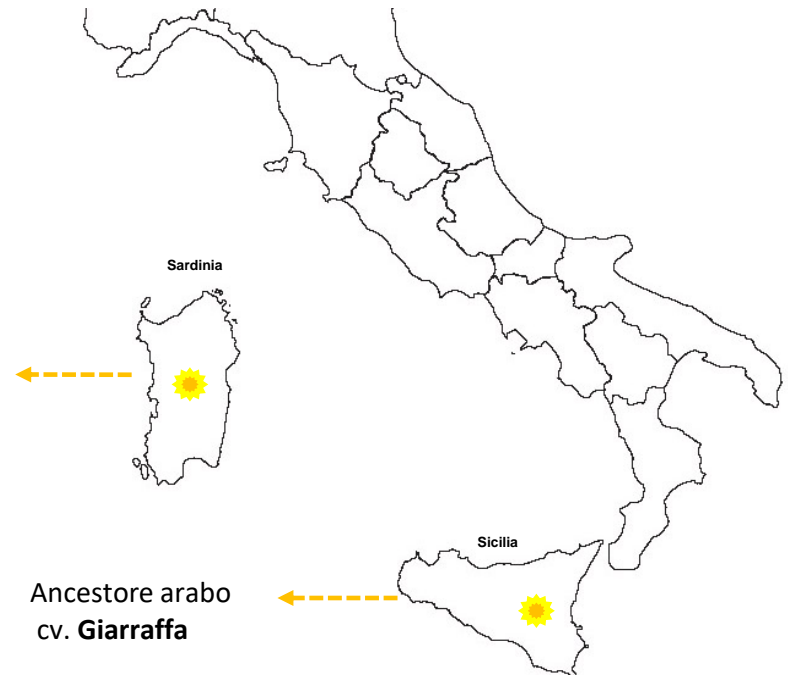
La probabile origine delle cultivar di olivo italiane

III gene pool → Q3/Q1

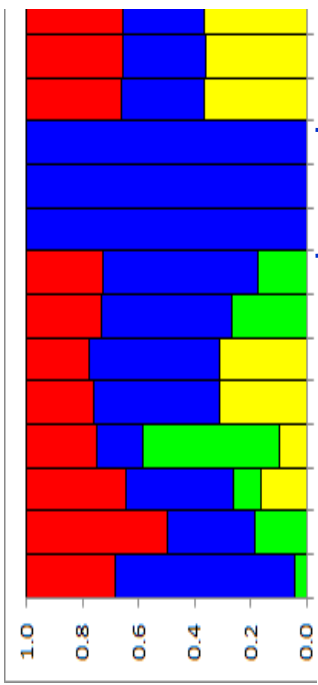
Cultivar di origine Arabo-Catalana



La **Nera di Gonnos**, conosciuta anche come Maiorca può rappresentare l'ancestor catalano. Ci sono testimonianze storiche e culturali della relazione tra Spagna e Sardegna.



Sinonimie eccellenti



Taggiasca (Liguria)
 Frantoio (Toscana)
 Ogliarola barese (Puglia)

Taggiasca



Ogliarola barese



Frantoio





In tre anni sono stati raccolti molti più dati di quelli previsti, a conferma della grande importanza che ha la biodiversità olivicola della Regione Puglia.

Il lavoro è proseguito con la valutazione di nuovi genotipi di olivo in un secondo progetto finanziato dalla Regione Puglia.

L'approccio multidisciplinare di REGEROP mira a mettere insieme diversi tipi di informazioni per avere una visione completa delle risorse genetiche di olivo presenti sul territorio regionale.

Tutti i dati raccolti e consegnati alla Regione, sono stati pubblicati su riviste scientifiche con impact factor.



Frutti Antichi
Puglia



Re.Co.Fru.P. Re.Ger.O.P. Re.Ge.VLP.

[HOME](#)

[PROGETTO](#)

[#RECUPERIAMO](#)

[#RICERCHIAMO](#)

[#COMUNICHIAMO](#)

[PARTNER](#)

[CONTATTI](#)

FRUTTI ANTICHI PUGLIA

La biodiversità 4.0

