

13 maggio 2019

Mauro Mandrioli

Ibridazione e domesticazione: nuove idee racchiuse in un'arachide



I processi di ibridazione tra piante sono spesso descritti come “semplici” fusioni di genomi, ma possono in realtà innescare numerosi riarrangiamenti genomici

regione a nord dell'Argentina (conosciuta come Rio Seco) tra due antenati selvatici, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*. Questo incrocio è stato possibile grazie al trasporto ad opera dell'uomo della specie *A. ipaensis* dalla Bolivia in un territorio in cui era già presente *A. duranensis*, per cui è un ottimo esempio di ibridazione favorita dall'uomo (sebbene non espressamente pensata). In modo abbastanza comune nelle piante, il processo di ibridazione ha comportato la formazione di una **pianta tetraploide**, nel senso che nel suo genoma sono presenti in duplice copia entrambi i genomi delle specie parentali, tanto che *A. hypogaea* non ha 20 cromosomi (10 coppie di cromosomi omologhi) come le due specie selvatiche parentali, ma ne ha 40, in un genoma che complessivamente è dato da poco meno di 3 miliardi di nucleotidi.

Al di là degli aspetti applicativi legati alla possibilità di migliorare la produzione di arachidi, analizzando gli oltre 66.000 geni presenti e la loro distribuzione nei due genomi parentali è stata osservata la presenza di una quantità decisamente elevata (e inattesa!) di eventi di ricombinazione genetica tra i genomi delle due specie parentali. Questo è abbastanza insolito, perché di norma si verificano eventi di appaiamento e ricombinazione soltanto fra cromosomi perfettamente omologhi e quindi non tra geni di specie diverse. In un ibrido, infatti, ciascun cromosoma di un dato genoma (che per comodità potremmo chiamare A) ha un suo “corrispondente” nell'altro genoma (B), ma tali geni, definiti generalmente “omeologhi” (nel senso di parzialmente omologhi), non ricombinano. Nel caso dell'arachide, invece, sono stati osservati numerosi scambi tra i genomi parentali di *A. duranensis* (A) e *A. ipaensis* (B) e questo ha portato all'origine di un genoma in cui ampie porzioni di cromosoma sono state spostate da un genoma parentale all'altro, oltre a numerose delezioni e duplicazioni, tanto che per alcuni tratti il genoma dell'ibrido anziché essere AABB come atteso è in realtà AAAA oppure

Già da diversi anni è in rapida crescita il numero di piante coltivate con genoma completamente sequenziato. Disporre della sequenza di tutti i geni di una pianta permette, infatti, di sviluppare strumenti mirati da applicare in campo per combattere parassiti e patogeni oppure per rispondere a nuovi agenti stressori (tra cui ad esempio quello idrico).

Nei giorni scorsi la rivista scientifica internazionale *Nature Genetics* ha pubblicato un interessante articolo dal titolo “The genome sequence of segmental allotetraploid peanut *Arachis hypogaea*”, in cui il gruppo di ricerca coordinato da Jeremy Schmutz (Hudson Alpha Institute of Biotechnology, USA) ha descritto i risultati ottenuti dal sequenziamento del genoma di *Arachis hypogaea*, la comune “nocciolina americana”.

A. hypogaea è una pianta molto interessante da un punto di economico, che si è originata circa 10.000 anni or sono a seguito di un processo di ibridazione avvenuto in una

Sebbene quanto descritto possa esser stato favorito dal fatto che i genomi parentali erano molto simili (le due specie parentali hanno l'ultimo progenitore comune databile attorno a 2,2 milioni di anni or sono e quindi derivano da una speciazione abbastanza recente da un punto di vista evolutivo), il genoma di *A. hypogaea* ci permette di fare luce sui cambiamenti che possono avvenire in un genoma a seguito di eventi di ibridazione e sul fatto che i riarrangiamenti osservati influenzano le caratteristiche fenotipiche della pianta. L'ibridazione non è quindi semplicemente la fusione di due genomi diversi, ma è un evento che innesca numerose modifiche genetiche che risultano in diffusi riarrangiamenti dei genomi parentali.

Costruendo ibridi poliploidi in laboratorio e confrontandoli con varietà già note, il gruppo di ricerca di Schmutz ha osservato eventi di ricombinazione omeologa in tutti gli ibridi e varietà poliploidi rendendo *A. hypogaea* un ottimo modello sperimentale per studiare il ruolo della ricombinazione omeologa nell'evoluzione degli ibridi. I risultati ottenuti hanno però anche mostrato che le regioni coinvolte negli eventi di ricombinazione non sono sempre gli stessi e questa varietà contribuisce a rendere ogni ibrido diverso dagli altri e con un differente potenziale adattativo. Questo potrebbe spiegare perché ad esempio solo con la formazione di *A. hypogaea* ha avuto inizio la domesticazione dell'arachide.

Citazione:

David J. Bertioli, J. et al. The genome sequence of segmental allotetraploid peanut *Arachis hypogaea*. *Nature Genetics*, 2019; DOI: [10.1038/s41588-019-0405-z](https://doi.org/10.1038/s41588-019-0405-z)

Condividi:



tag: [duplicazione](#), [evoluzione delle piante](#), [evoluzione molecolare](#), [genomi](#), [piante domestiche](#), [sequenziamento](#)

Biologia molecolare