

**Il Fagiolo di Lamon
e il Progetto Habitat:
un ponte tra altre attività**



FONDAZIONE
Cariverona

**UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI UDINE**
hic sunt futura



RISULTATI DEL SEQUENZIAMENTO DEL DNA NELLE CINQUE VARIETÀ DI FAGIOLO DI LAMON

Emanuele De Paoli
Docente di Genetica Agraria

Dipartimento di Scienze Agroalimentari, Ambientali e Animali (DI4A)



Spagnolit
(e Spagnolit Nano)



Spagnol



Calonega



Canalino



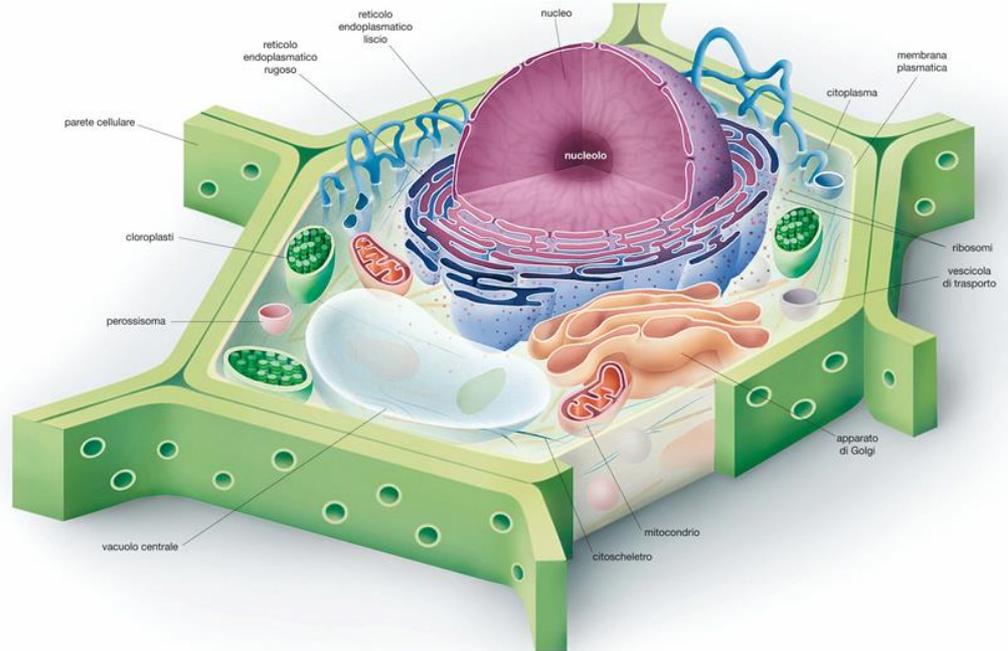
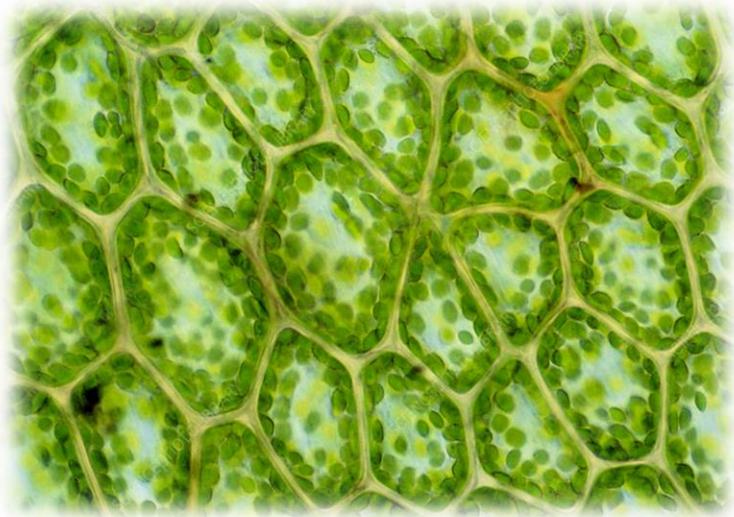
Possiamo favorire

- l'identificazione
- la protezione
- la promozione
- il futuro

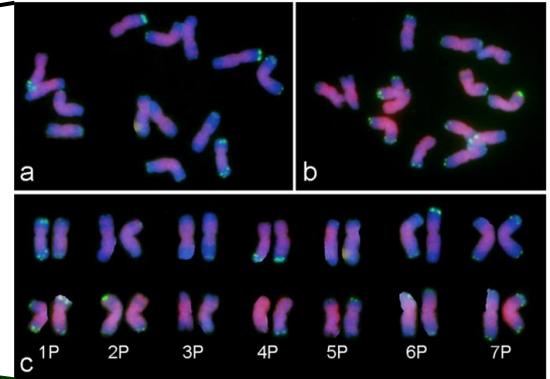
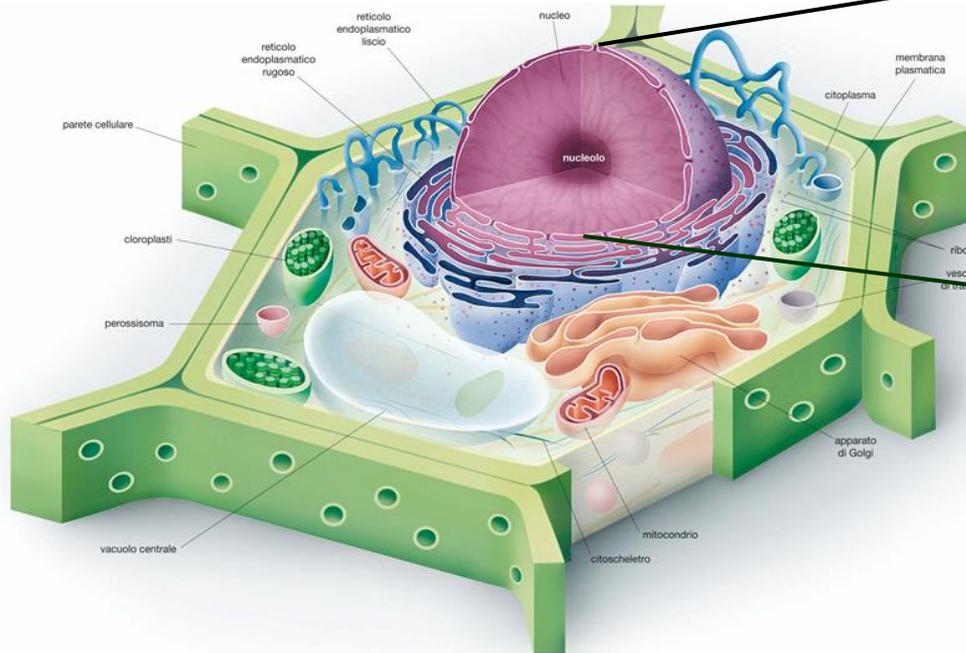
**del fagiolo di Lamon
mediante le tecnologie del DNA?**



LA CELLULA VEGETALE

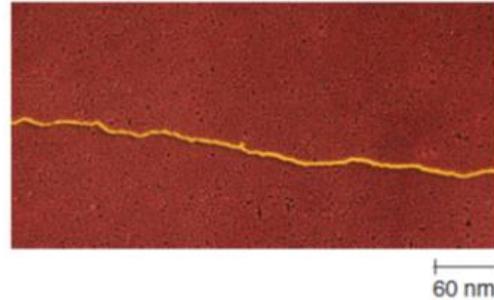
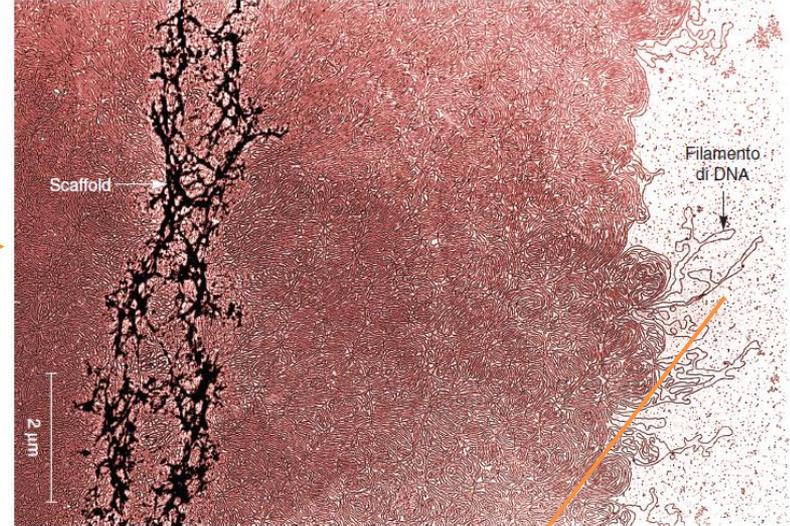
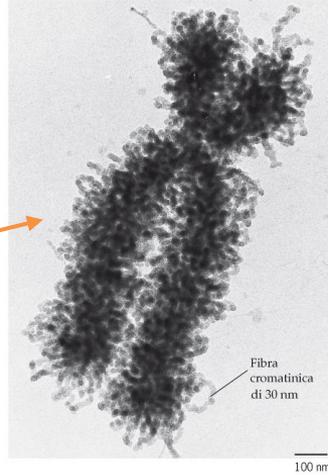
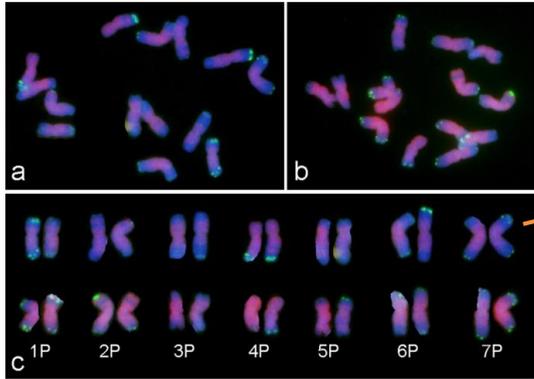


I CROMOSOMI



**Cromosomi isolati dal
cereale *Agropyron***

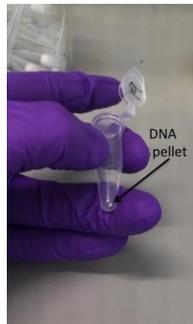
I CROMOSOMI SONO FATTI DI DNA



ESEMPIO DI DNA ESTRATTO DALLE CELLULE

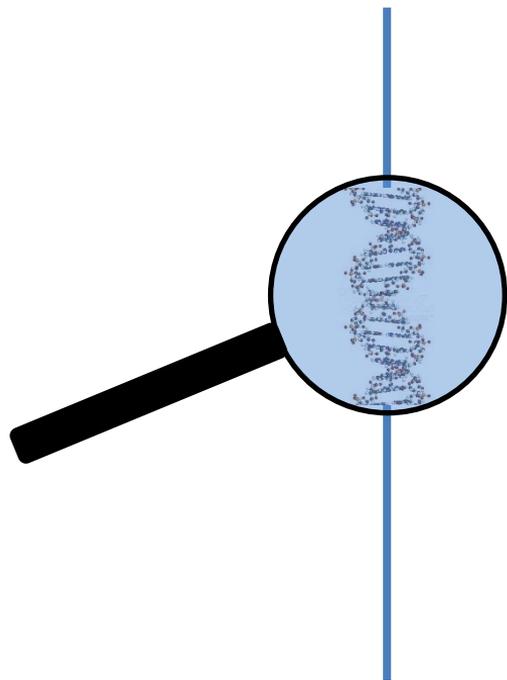


Immagini tratte da youtube (utente: NileRed)



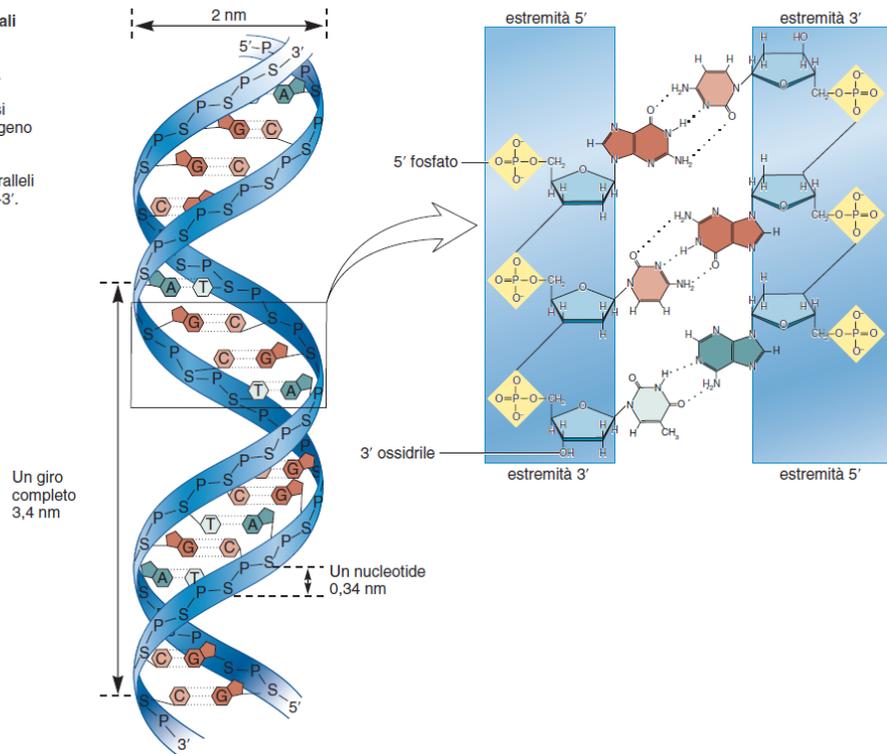
DNA estratto in laboratorio

LA DOPPIA ELICA DEL DNA



Caratteristiche fondamentali

- I due filamenti formano una doppia elica destrorsa.
- Nei filamenti opposti le basi sono legate da legami idrogeno secondo la regola AT/GC.
- I due filamenti sono antiparalleli rispetto all'orientamento 5'-3'.
- Ci sono circa 10 nucleotidi per giro completo del filamento (360°).



L'informazione genetica nel DNA

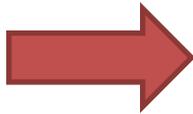


CROMOSOMI



DNA

Sequenziamento
del DNA



```
GTCCGCCTAGCGACTGCGTGTACGACGTTACGACTACTGCATGCACCGCTACTAGCTAGCATCG  
ACAGTCATCGACTCGCCTCTCCGGTATAFATAGCCCTCTCTCTCTTTTTTATATAAGAGCT  
TCGTCTGGGCTATCAATCGCATACTGATCGTTGTACGCCATGCAACCGCTGCATTGATGAAAA  
ATCAGACTGCTACGTACGACGATCGATTCTCTGACATGTGAATATGGTCCGCCCTATGCTA  
CCCGCATATACGTATCGACATGCTCTGCCGCCGATATAATATCCAAGACTCTGCTGACATAACG  
ATATACTACGATGACCATGATGTAGACTAGCTACAGACGCACTGAAAGCCGCTCTATACG  
ATCTATATCTGCATGCTACGACACGTCACGCTATATGCTGCTATGCAGCCGCTACTAGCCCAA  
CGCACTGATGACTAACCGCTACTGCCCTACTGACTCACTATGCCGCCGCCGCTGGGGATA  
TACGCTGATCGTACGCCGATATCGCGGATCTGCCCTCATTCGCATCGCTATCTACGCATA  
TACCAGATCATGCCGTAATACTACTATGATTATAATCGCTACAGCTAAAAGCTCGATCAATC  
GATAAGACTTATTACGAAAGCCGTAATATCGTAGCAAACCTATGATTAGCAGGGTCCGATAT  
ACGATCAATGAATGATACTAATTATAACFAATACTCGCGATATCGCGATCCGCCCTACAGTTA  
CGCCACGTATCTATATCGACGCCATATTTTCGATACGAGAAAGTCACTAGCCGCTATCGGGATT  
ACACGTACATATATACTAACGACTAATGACTAGCCACTACTGACCTACTAGCTAGCACTATT  
TATCACTGACACTACTCATCACTCACGACGACATCATTCTAGTGTGTGATGATATGCTATA  
GCTACGTACGACAGCTATCTATCTAGCTAGCTACGCTCTATGCTACTGCTGCTTTTACTA  
ACTGCCGTACACGTACTGACATACTACTCATTACTGACTACTGACTGAATGCCGCCGCTAATGCT  
CTGACGATATGATATGATTTGAATTTGGGGGTGATCATGATGATATGAAATATGACTACTGA  
ACAAATCGATCGATCGACTGACTAGCTAGCTAGCATGACGCCGCTAGCGATCGCATGCCGATA  
GTCCACATGCATGCTCAACTATACTATCATGATCGTACGCCGCCGCTTTCCGCCGATGATGC  
ATGCATGCATGCATACACTACTGCATGCATACGCTATGACGGGGTGCATGATCGATCATCAT  
GCACTACGCTCACTGCTATTTTCATGCTGACTGCTATGCTGATGCTGATGATGATGATGCA  
TACGCTGACTGCTGACTGACAAAGGTGCATGCCCACTGACTGACTGATGATGATGAGAGGGGA  
TCGATTCATCGACTGATCGCTGCTGATGATGCTGATTCAGTACTTCATACTAAAAGCCGCTCGCATA  
CTGACTGATGAGCTAGCACGTACGGGATCGTGTAGCTAGATATGCTAGCTACGGCGATCGATC  
AATATATCGAGAGTCACTGCGATATATACGCGATAACAGCGGGGCTCTCTCGAGAGAGCTCTT  
ATATACGGCCGCGATCAGTCTACTACTCCCACTAGCTACAAAAGATCACTCGCCGCCGGATA
```

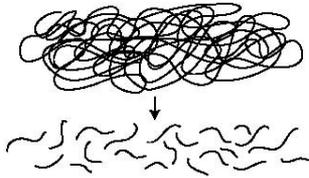
SEQUENZIAMENTO DEL DNA



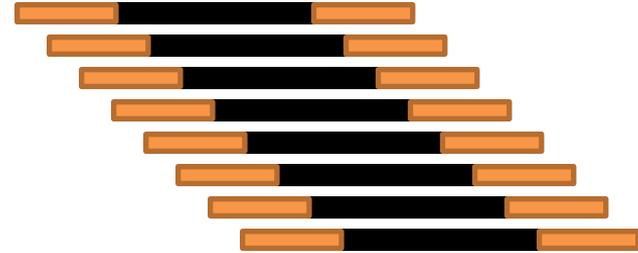
**IL FAGIOLO POSSIEDE
UN GENOMA (DNA)
LUNGO 587.000.000 DI
LETTERE**

```
GTCCGCTAGCCACTGCCGTGTACGACGTTACGACTACTGCATGACGCCCTACTAGCTAGCATCG  
ACAGTCATCGACTCGCCCTCTGCCCTATATATAGCCCTCTCTCTCTTTTTTATATAGAGAGCT  
TCGTGTGGGTATCAGATCGCATACTGATCGTTGTACCGGATCGAACCTCGCATTGATGAAAA  
ATCAGACTGCTACGTACGACGATCGATTTCTCTGACATGTGAATATGGTCGCGCTATGCTA  
CCCGCATATACGATCGACATGTCTGCGCCCGGATATAAATCCAGACTCTGCTGACATAACG  
ATATACTACGATGACCGATGATGTAGACTAGCTACAGACGCACTGAAAGCGCGCTCTATACG  
ATCTATATCTGCATGCTACGACACGTCACGCTATATGCTGCTATGCAGCCGTCCTAGCCCAA  
CGCACGATGACTAACGCGCTACTGCGCTACTGACTCACTATGCGCGCCGCGCCGTGGGGATA  
TACGCTGATCGTACGCGCGCATATCGGGATCTGCGCTCATATCGCATCGCTATCTACGCATA  
TACCAATCATGCCGTAATAGTACTATGATTATAAATCGCTACAGCTAAAAGCTCGATCAATC  
GATAAGACTTATACGAAAGCGCGTAATATCGTAGCAAACCTATGATTAGCAGGGTCGATAT  
ACGATCAATGAATGATACTAATTATAACTAATACTCGCGATATCGCGATCCGCGCTACAGTTA  
CGCCACGATCTATATCGACCGGATATTTGATACGAGAAAATCAGTAGCGCGCTATCGGGATT  
ACACGTACATATATACCTAAGTACTAATGACTAGCCACTACTGACCTACTAGCTAGCACATATT  
TATCATACTGACACTACTCATCACTCAGCAGACATCATTCTAGTGTGTGATGATATGCTATA  
GCTACGTACGACAGTCTATCTACGATCGCTAGCTACGTCGTTATGCTACTCTGCGTTTTACTA  
ACTGCGTACAGCTACTGACATACACTCATTACTGACTACTGACTGAAATGCGCCGCTAATGCT  
CTGACGATATGATATGATTTGAAATTTGGGGTGTATCATGATGATATGAAATATGACTACTGA  
ACAATCGATCGATCGACGTGACTAGCTAGCTAGCATGACGCCCTAGCGATGCGCATGCCGATA  
GTCCCATGCTGCATCAACTATACCTATCATGATCGTACGCCCGCGCGTTTCGCCGATGATG  
ATGCATGATGATACCTACTACTGCATGCATACCTGCATGACGGGGTGCATGATCGATCATCAT  
GCAGTACGCTAGTACTGCATTTTCATGCTGACTGCATGCTGACTGCATGCTGATGATGCA  
TACGCTGACTGCTACTGACAAGGTGCATGCCACTGACTACTGATGATGATGAGGGGA  
TCGATTCATGACTGATCGTCTGATCGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG  
CTGACTGATGAGCTAGCACGTACGGGATCGTCTAGCTAGATATGCTAGCTACGGCGATCGATC  
AATATATCGAGGTCAGTCCGATATATACCGGATAACAGCGGGGCTCTCTCGAGAGGCTCTT  
ATATACGCGCGATCACTCTACTCTCCACTAGCTACAAAGATCACTCGCGCGCGGATA
```

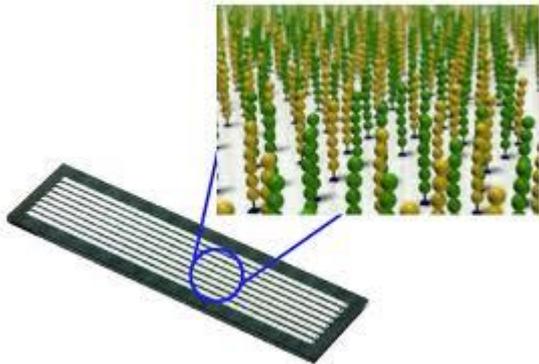
PREPARAZIONE DEL DNA PER IL SEQUENZIAMENTO



**MISCELA DI FRAMMENTI
DI DNA DALLA PIANTA**



LIBRERIA DI FRAMMENTI



cBOT

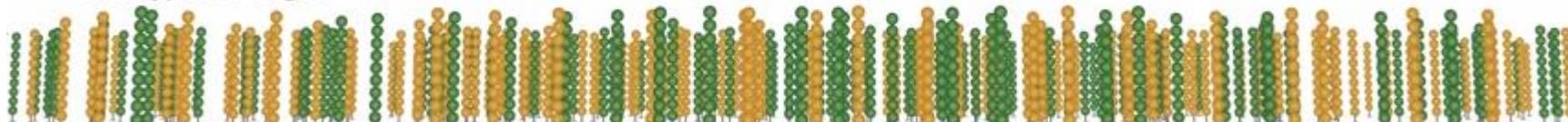
**ADATTATORE
A MONTE**

**INSERTO DI
DNA**

**ADATTATORE
A VALLE**



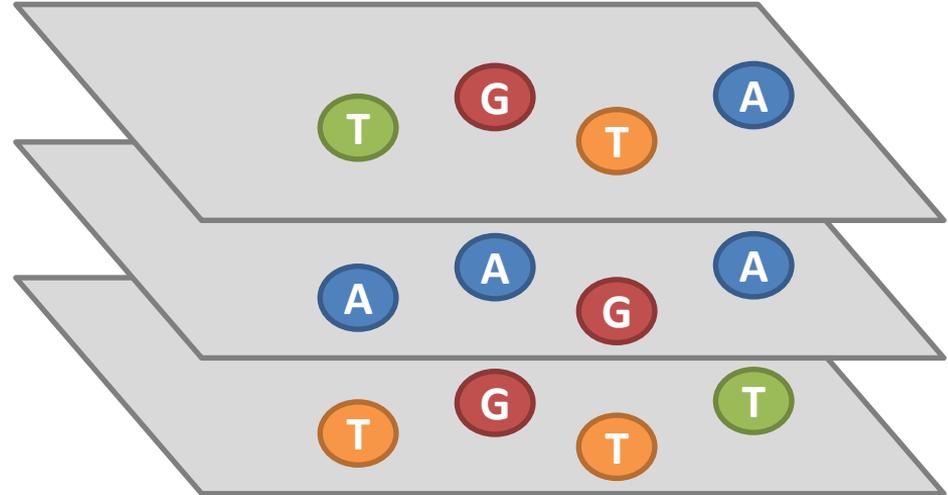
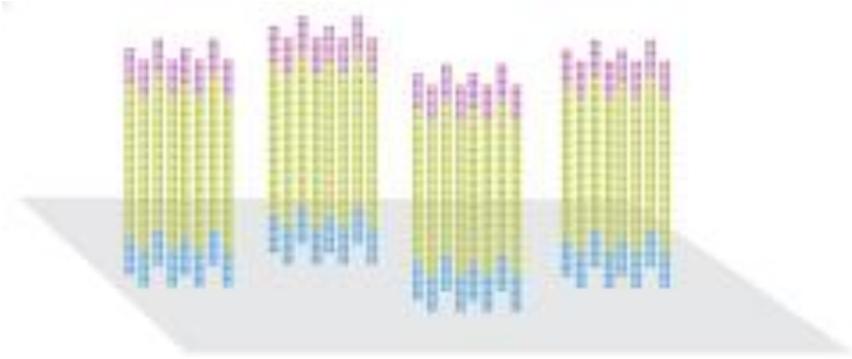
The flowcell contains
two types of oligos



**OLIGONUCLEOTIDI
COMPLEMENTARI AGLI
ADATTATORI A MONTE**

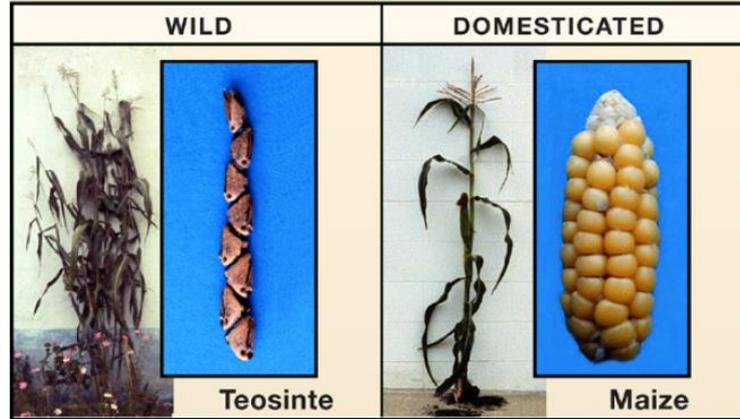
**OLIGONUCLEOTIDI
COMPLEMENTARI AGLI
ADATTATORI A VALLE**

SEQUENZIAMENTO (LETTURA DELLE BASI-LETTERE DEL DNA)



UNA DISCENDENZA INSOSPETTIBILE

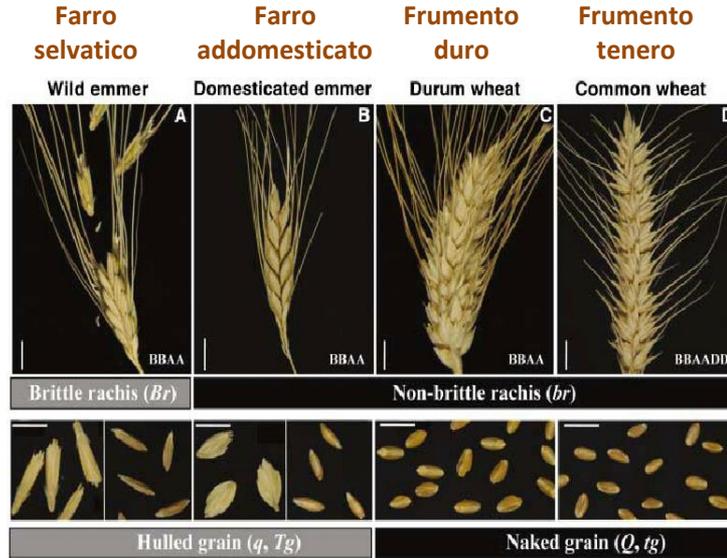
Teosinte
Progenitore del mais,
interfertile



Mais
Prime tracce: 9000-7000 anni fa
nell'attuale Messico

Solo **cinque regioni genomiche differenti**
Due di queste ospitano un solo gene ciascuna.
A questi **due geni** sono riconducibili
le **principali differenze** tra le due piante

DUE IMPORTANTI MUTAZIONI A FAVORE DELLA COLTIVAZIONE DEL FRUMENTO



Rachide della spiga fragile



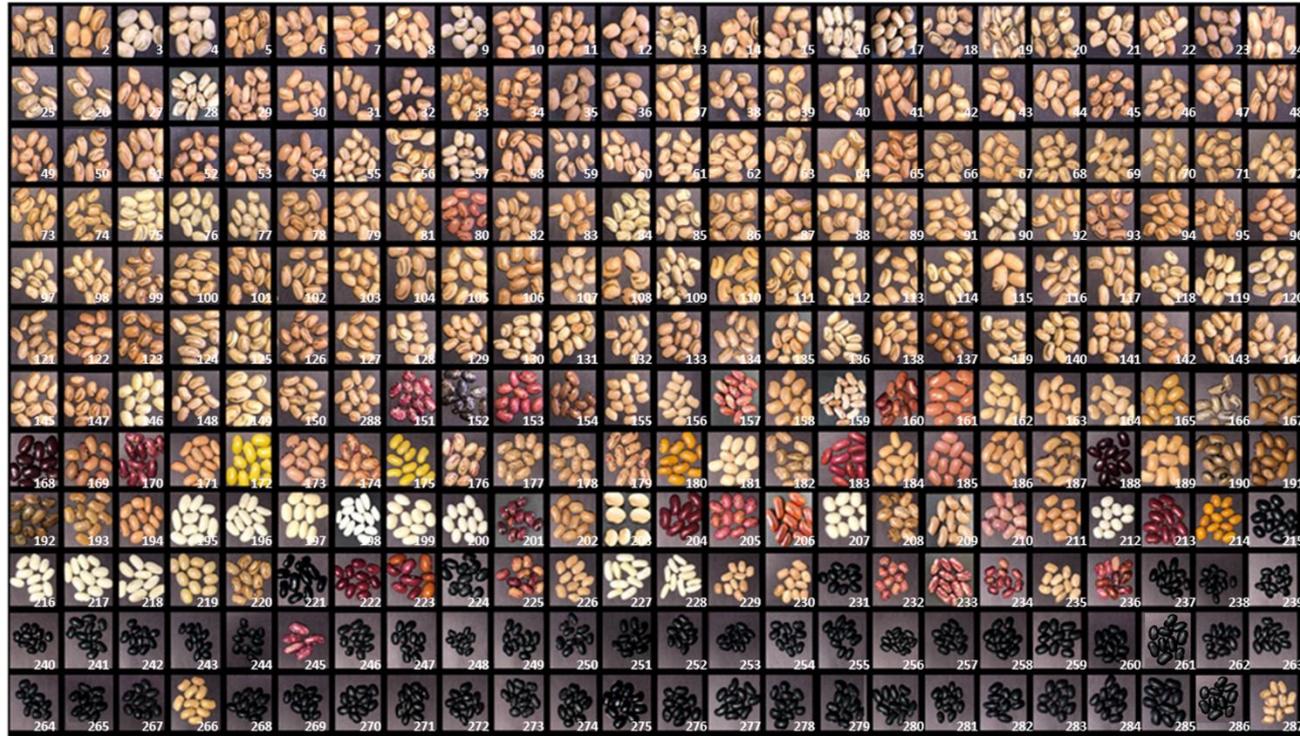
Rachide della spiga resistente

Seme vestito



Seme nudo

DIVERSITÀ FENOTIPICA DEL SEME DI FAGIOLO

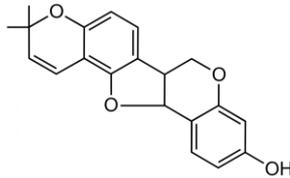


Fonte: de Carvalho Paulino et al. Genetic diversity and inter-gene pool introgression of Mesoamerican Diversity Panel in common beans (Journal of Applied Genetics, 2021)

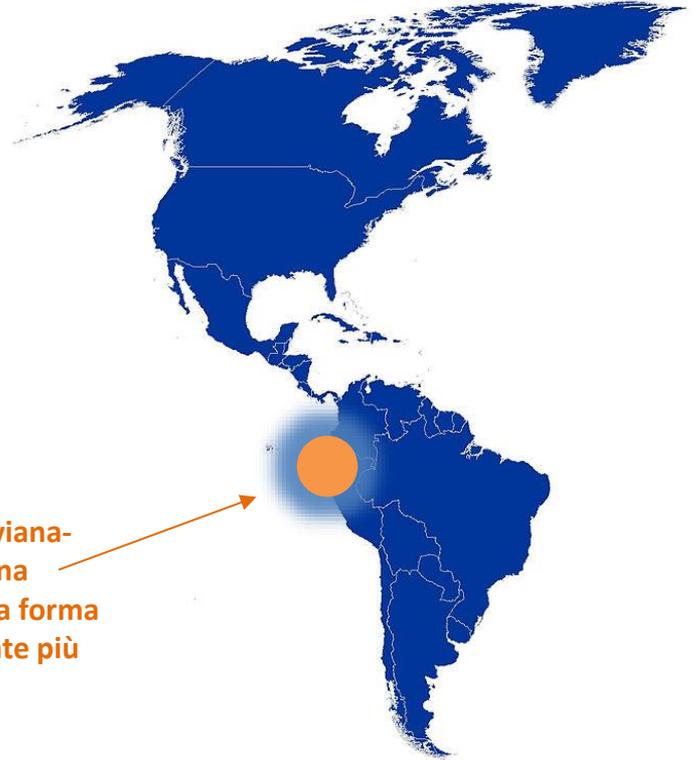
LA FASEOLINA E LE PRIME IPOTESI (ERRATE) SULL'ORIGINE GEOGRAFICA DEL FAGIOLO



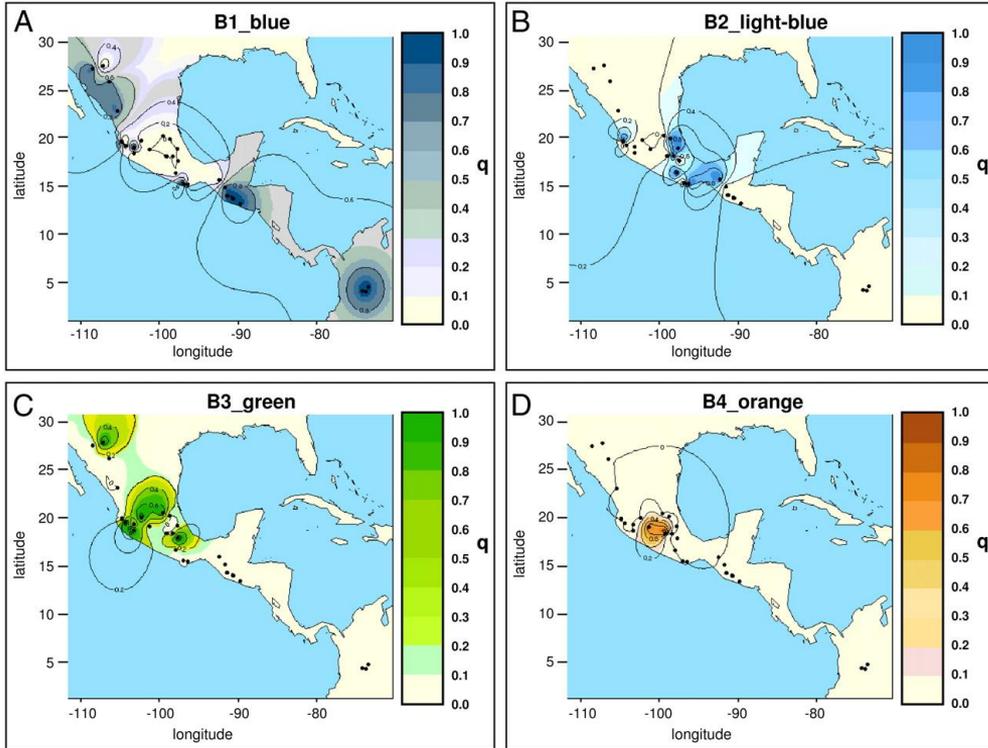
**Faseolina, la principale
proteina di riserva dei
semi di fagiolo**



**Regione Peruviana-
Ecuadoregna
(Faseolina in una forma
apparentemente più
antica)**



CENTROAMERICA – PUNTO DI ORIGINE DEL FAGIOLO

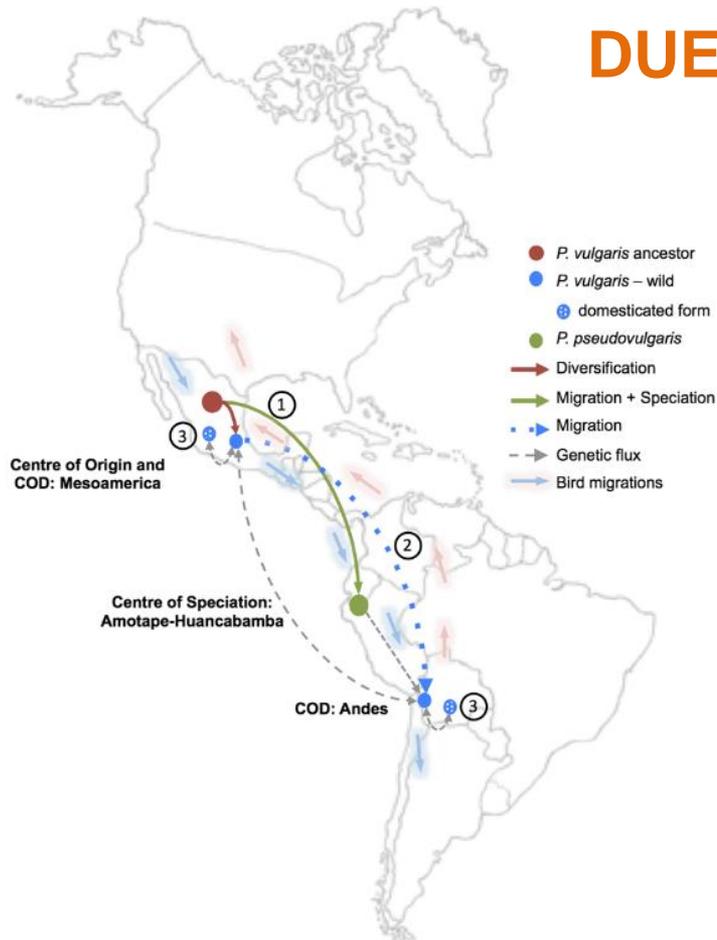


Population genetics statistics for the five gene fragments and the concatenate sequences in the different gene pools of *P. vulgaris*

Population	N	V	Pi	S	H	Hd	$\pi \times 10^{-3}$	$\theta_W \times 10^{-3}$	D
Concatenate									
All	84	137	123	14	56	0.96	9.9	8.3	—
MW	37	119	98	21	34*	0.99*	10.6*	8.7*	—
AW	43	32	22	10	18	0.86	1.0	2.3	—
Phi	4	18	0	18	4	1.00	2.7	3.0	—

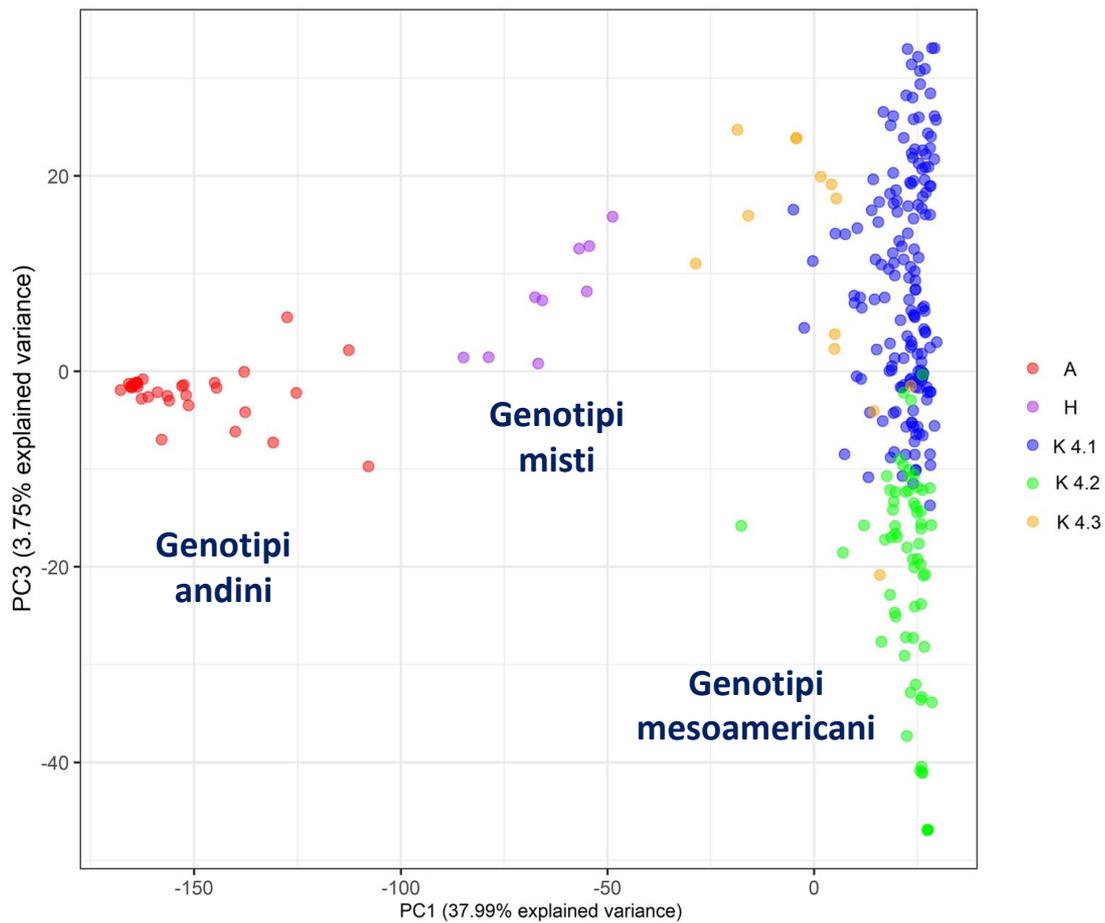
Minore diversità genetica nel gruppo andino

DUE CENTRI DI ADDOMESTICAMENTO DEL FAGIOLO

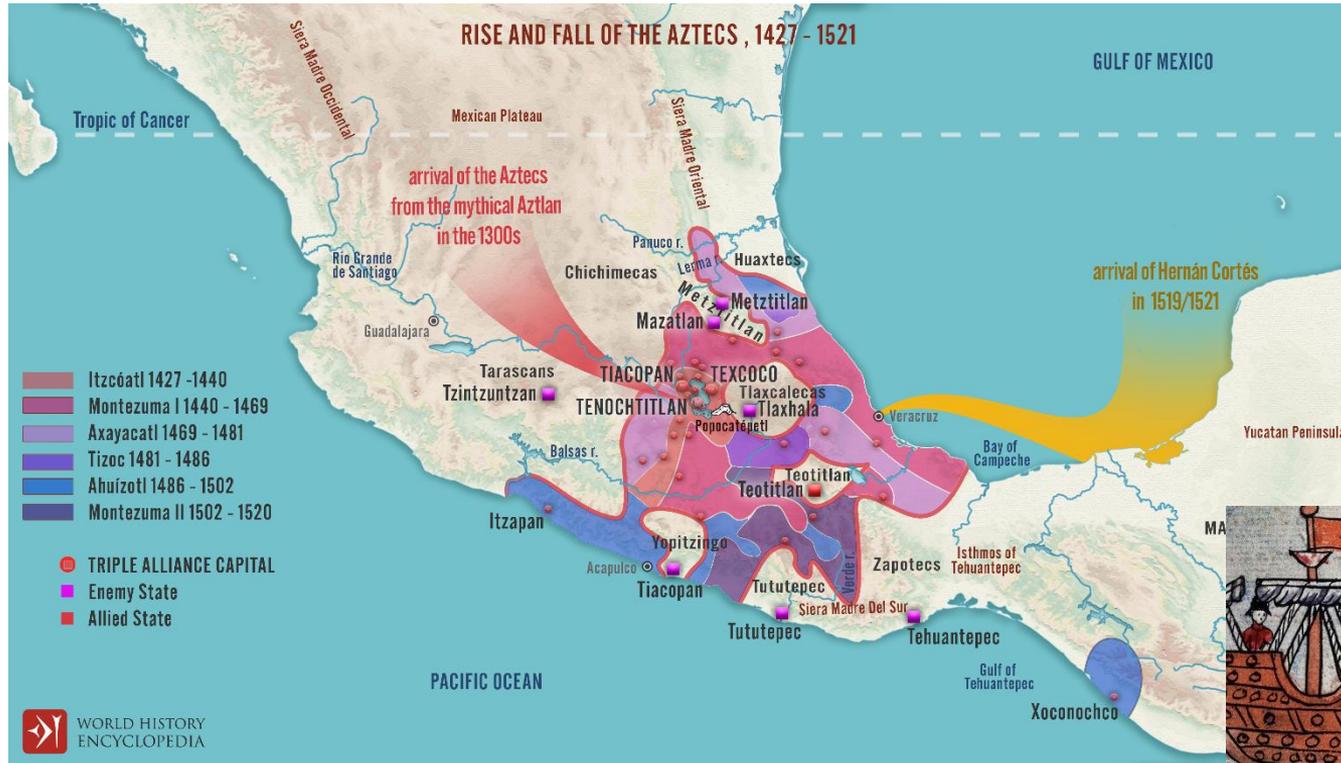


L'addomesticamento del fagiolo è avvenuto
~8000 anni fa in due contesti ecogeografici
distinti e contrastanti:

Regione mesoamericana (Messico)
Regione andina (Sud America)



LA CONQUISTA DI CORTÉZ IN MESSICO (1521)



PIETRO VALERIANO

«Secondo la ricostruzione biografica scritta dal Ticozzi nel 1813, Piero Valeriano nella primavera del 1532 aveva partendo di Roma ricevuto da Papa Clemente alcuni semi di varie specie di Smilace perché lo propagasse nel territorio Bellunese, ove giunto in Maggio del 1532, di niuna cosa fu più sollecito che di affidare alla terra questo prezioso arbusto.»



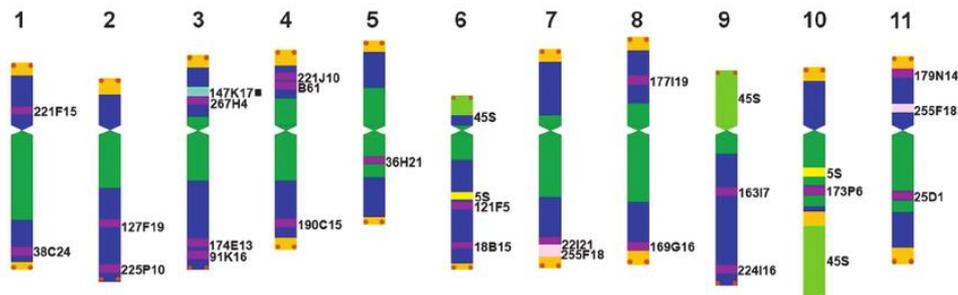
SEQUENZIAMENTO DEL DNA

1. Calonega	COMPLETATO
2. Canalino	COMPLETATO
3. Spagnolo	COMPLETATO
4. Spagnolet	COMPLETATO
5. Spagnolet Nano	COMPLETATO

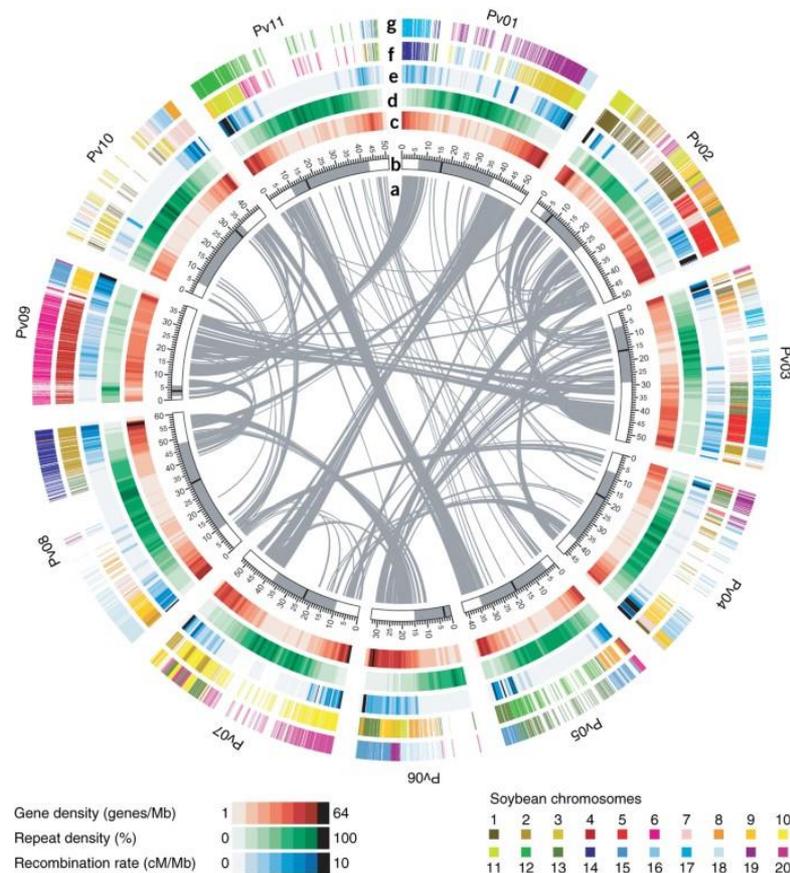
1700 milioni di sequenze di 150 paia di basi ciascuna con una media di circa 113 milioni di sequenze per varietà, corrispondenti a una copertura di sequenziamento di circa 30 genomi equivalenti per varietà

La struttura del genoma del fagiolo (*Phaseolus vulgaris*)

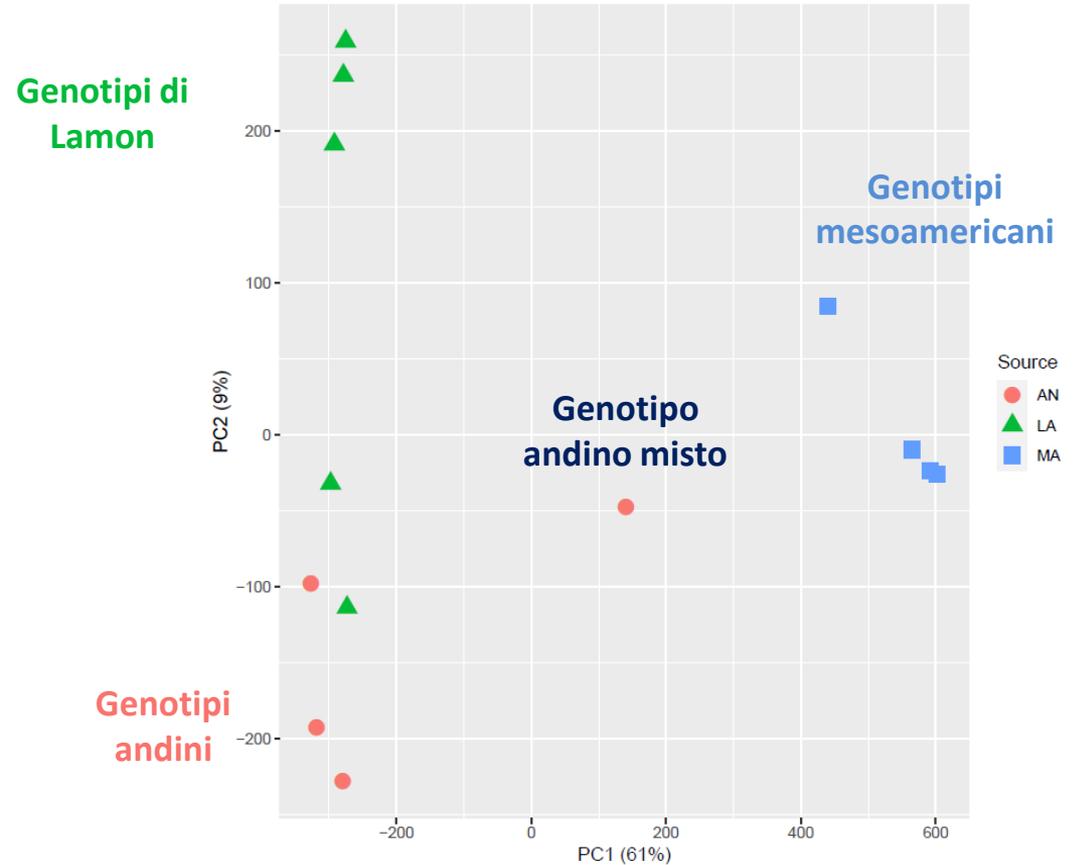
P. vulgaris cv. BAT93



>500.000 polimorfismi
analizzati



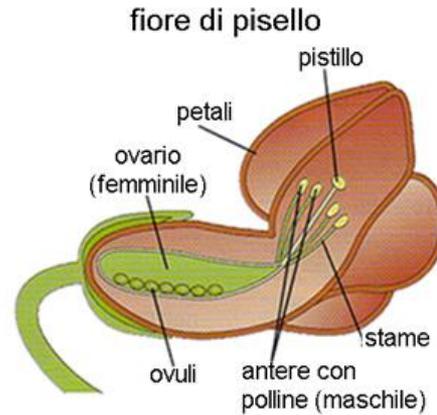
LA COLLOCAZIONE GENETICA DEL FAGIOLO DI LAMON



OBIETTIVI PREFISSATI E IN CORSO

- (i) caratterizzare l'**identità genetica** dei fagioli di Lamon.
 - Distinguere i fagioli di Lamon da imitazioni
 - Valutare partner di incrocio adatti
- (ii) valutare l'applicabilità di **sistemi di incrocio ad impollinazione incrociata** alle varietà di fagiolo coltivate a Lamon per la futura identificazione di geni specifici, responsabili di caratteri di interesse.

PROVE DI FECONDAZIONE INCROCIATA





FONDAZIONE
Cariverona

NEL DNA DI LAMON