

L’Università di Udine ha partecipato, con un consorzio di ricerca internazionale, al sequenziamento del genoma della Zostera marina, pianta acquatica molto diffusa lungo le coste del Friuli Venezia Giulia e nel nord degli oceani Atlantico e Pacifico. Per le sue caratteristiche genetiche la Zostera rappresenta un modello di studio evoluzionistico ideale per comprendere l’impatto del cambiamento climatico sulle piante. I risultati della ricerca sono stati pubblicati nell’ultimo numero della rivista scientifica internazionale *Nature*.

L’impresa scientifica

Sono state sequenziate le circa 200 milioni di basi di DNA del genoma della Zostera, cioè sono state estratte e ordinate tutte le informazioni genetiche che contribuiscono all’essere della pianta. Ora queste informazioni devono essere interpretate per studiare le istruzioni biologiche che contengono e comprendere così i processi implicati nell’adattamento delle piante, anche quelle di interesse agronomico, a un clima in cambiamento. Il video del progetto è disponibile on line all’indirizzo https://www.youtube.com/watch?v=bXxtJE6cob4 .

Perché la Zostera marina

La pianta rappresenta un gruppo di specie originate dalle alghe marine primitive, poi evolute come piante terrestri per poi cambiare nuovamente habitat ritornando al mare. Questa successione ha comportato una serie di adattamenti ecologici, per esempio in relazione alla mutata salinità dell’ambiente, alle diverse condizioni di luce o di disponibilità di gas necessari alla vita. Il genoma, contenendo le istruzioni (geni) che regolano l’interazione della pianta con l’ambiente, conserva traccia di questi cambiamenti che ora potranno essere studiati utilizzando il genoma della Zostera.

L’importanza ecologica

Le ampie distese sommerse della pianta rivestono un ruolo di grande importanza nell’ecologia costiera, nella conservazione della biodiversità marina, nel supporto a specie marine di elevato valore economico e nell’azione anti-erosiva durante le mareggiate autunno-invernali. Nota anche per gli accumuli di foglie filamentose lungo le spiagge nel periodo primaverile-estivo, la Zostera marina, imparentata con la Posidonia, è anche una fonte preziosa di biomassa e biomateriali.

I protagonisti

L’Università di Udine, con il dipartimento di Scienze agroalimentari, ambientali e animali, e la Stazione zoologica “Anton Dohrn” di Napoli sono gli unici partner italiani del progetto di sequenziamento della Zostera. Il gruppo di ricerca dell’Ateneo friulano è rappresentato da Emanuele De Paoli, ricercatore di genetica agraria. Lo studio, durato otto anni, ha coinvolto una trentina di atenei e centri di ricerca europei e di Arabia Saudita, Stati Uniti e Sud Africa, coordinati dall’Università di Groningen (Paesi Bassi). Il progetto è stato finanziato principalmente dal Dipartimento dell’Energia degli Stati Uniti e dal VII programma quadro dell’Unione europea, mentre diversi enti nazionali, tra i quali il Ministero dell’istruzione, dell’università e della ricerca per l’Italia, hanno supportato specifiche sezioni. Il video del progetto è disponibile on line all’indirizzo https://www.youtube.com/watch?v=31qdMVfJbtY .

Il contributo di Udine

L’Ateneo friulano è stato coinvolto assieme all’Università del Delaware (Stati Uniti), con il laboratorio guidato da Pamela Green, per le sue competenze sui geni specifici che dirigono la sintesi dei microRNA. Si tratta di piccole molecole di composizione chimica simile al DNA che regolano il flusso di istruzioni dal genoma alle proteine. Lo studio condotto dai due gruppi di ricerca ha permesso di identificare geni di microRNA di Zostera finora sconosciuti che suggeriscono nuovi circuiti di regolazione genica. In particolare, la ricerca ha identificato il microRNA a oggi più antico presente nell’antenato comune di tutte le piante monocotiledoni, che comprendono, oltre alla Zostera, tutti i cereali, la banana e altre specie affini.

«La funzione precisa di questo microRNA – spiega De Paoli – rimane ancora elusiva, ma informazioni preliminari e la sua peculiare collocazione lungo l’albero evolutivo lo rendono un oggetto di studio particolarmente interessante per il futuro. Il genoma sequenziato è come un libro che diventa improvvisamente fruibile a tutti, ma che ora richiede di essere interpretato per capire esattamente le istruzioni biologiche in esso contenute».