

Le nuove tecniche di miglioramento genetico delle piante

INSERTO SPECIALE

**GLI AGRICOLTORI
VENETI**

N. 6 / 2019

3 Le nuove tecniche di miglioramento genetico
**GRANDI POSSIBILITÀ PER LA SOSTENIBILITÀ AMBIENTALE
 E LA QUALITÀ DELLE PRODUZIONI**

di Lodovico Giustiniani

4 **APRIAMO LE PORTE ALLE NUOVE TECNICHE
 DI MIGLIORAMENTO GENETICO**
 Firmiamo per "GROW SCIENTIFIC PROGRESS: CROPS MATTER!"

6 **NUOVE VIE DI MIGLIORAMENTO GENETICO
 DELLE PIANTE AGROALIMENTARI:
 DALLE TECNOLOGIE DI BREEDING CISGENICO
 A QUELLE DI EDITING GENOMICO**

di Gianni Barcaccia

14 Nuovi strumenti a supporto
 di una agricoltura sostenibile e competitiva
LE NEW BREEDING TECHNIQUES (NBTs)

a cura di Assosementi

Desidero recepire qui l'equilibrata posizione di san Giovanni Paolo II, il quale metteva in risalto i benefici dei progressi scientifici e tecnologici, che «manifestano quanto sia nobile la vocazione dell'uomo a partecipare responsabilmente all'azione creatrice di Dio», ma che al tempo stesso ricordava «come ogni intervento in un'area dell'ecosistema non possa prescindere dal considerare le sue conseguenze in altre aree». Affermava che la Chiesa apprezza l'apporto «dello studio e delle applicazioni della biologia molecolare, completata dalle altre discipline come la genetica e la sua applicazione tecnologica nell'agricoltura e nell'industria». Benché dicesse anche che questo non deve dar luogo ad una «indiscriminata manipolazione genetica» che ignori gli effetti negativi di questi interventi. Non è possibile frenare la creatività umana. Se non si può proibire a un artista di esprimere la sua capacità creativa, neppure si possono ostacolare coloro che possiedono doni speciali per lo sviluppo scientifico e tecnologico, le cui capacità sono state donate da Dio per il servizio degli altri. Nello stesso tempo, non si può fare a meno di riconsiderare gli obiettivi, gli effetti, il contesto e i limiti etici di tale attività umana che è una forma di potere con grandi rischi.

DA LETTERA ENCICLICA "LAUDATO SI" DEL SANTO PADRE FRANCESCO SULLA CURA DELLA CASA COMUNE
 Capitolo 131 del paragrafo "L'innovazione biologica a partire dalla ricerca"

LE NUOVE TECNICHE DI MIGLIORAMENTO GENETICO

Grandi possibilità per la sostenibilità ambientale e la qualità delle produzioni

di *Lodovico Giustiniani*



La selezione delle piante coltivate è da sempre alla base dell'attività agricola. Nel corso degli anni le conoscenze in campo genetico hanno consentito l'evoluzione delle tecniche di miglioramento fino ad arrivare ai nostri giorni in cui disponiamo di possibilità d'intervento impensabili fino a pochi anni fa. Tali tecniche, adeguatamente regolamentate, possono essere di grande aiuto per affrontare problemi epocali come le future necessità alimentari della popolazione mondiale e le emergenze ambientali causate dai cambiamenti climatici e dall'inquinamento. Alcune nazioni hanno compreso le grandi potenzialità offerte dalle nuove biotecnologie e stanno investendo su di esse. L'Europa e l'Italia invece sono ferme, immobili, bloccate da una prudenza più ideologica che scientifica e da conseguenti norme che limitano l'attività di ricerca ancora prima delle applicazioni in campo. Guardando più da vicino la nostra attività è utile ricordare che sussistono problemi fitosanitari (come quelli causati da virus e da alcuni batteri), problemi legati a proprietà intrinseche delle produzioni (presenza di sostanze nocive) e problemi di coltivazione

in ambienti difficili (areali siccitosi e terreni salini) che possono essere affrontati soltanto con la selezione genetica in quanto la tecnica agronomica non è sufficiente. Inoltre cittadini, consumatori e governanti ci chiedono tutti i giorni di produrre alimenti di qualità utilizzando meno acqua, meno fertilizzanti e meno antiparassitari. L'obiettivo di un'agricoltura produttiva, di qualità e a basso impatto ambientale si può perseguire soltanto con mezzi adeguati, il primo dei quali è rappresentato dalla qualità dei semi che si impiegano. Perciò è necessario che anche in Europa e in Italia si

colgano le potenzialità positive che possono essere espresse dalle cosiddette nuove tecniche di miglioramento genetico. Esempi di queste nuove biotecnologie sono la cisgenesi, il silenziamento genico e il "genome editing". Come si troverà ben illustrato negli articoli che seguono con la cisgenesi si trasferiscono geni che provengono da altre cultivar della stessa specie o da altre piante sessualmente compatibili con la pianta da migliorare. Il silenziamento genico è un meccanismo naturale che può contribuire alla difesa dalle malattie e a migliorare le caratteristiche qualitative delle piante. Il "genome editing" è infine il più recente strumento di chirurgia genomica che permette di modificare con grande accuratezza una sequenza di DNA in un punto preciso di un cromosoma. Queste biotecnologie sono alla portata dei nostri centri di ricerca pubblici e privati e si caratterizzano per essere molto precise e puntuali tanto da simulare le mutazioni che avvengono in natura. Inoltre permettono di giungere in tempi brevi al miglioramento di importanti caratteri agronomici e qualitativi delle piante. Notiamo con favore che si sta sviluppando un interesse positivo dell'opinione pubblica e della politica nei confronti delle potenzialità offerte da queste nuove tecniche di miglioramento genetico. Riteniamo perciò utile parlarne e diffonderne la conoscenza tra la popolazione e tra gli stessi agricoltori con la speranza che si apra una discussione serena e che nessuno alzi muri ideologici. A nostro parere la loro applicazione può essere utile per rendere resistenti alle fitopatie anche le coltivazioni tradizionali di qualità, tanto care al nostro sistema agroalimentare, con conseguente riduzione dell'impiego di prodotti antiparassitari. Le produzioni di qualità che conquisteranno i mercati mondiali nei prossimi anni potrebbero essere ottenute da coltivazioni non trattate con fitofarmaci perché resistenti alle malattie: tra queste produzioni noi vorremmo ancora trovare i rinomati vini D.O.C e D.O.C.G. e le grandi produzioni D.O.P. e IGP della tradizione italiana.



Apriamo le porte alle nuove tecniche di miglioramento genetico

Firmiamo per “GROW SCIENTIFIC PROGRESS: CROPS MATTER!”

“**G**row scientific progress: crops matter!” è una iniziativa dei cittadini europei lanciata da un Comitato composto da dieci giovani ricercatori di otto diversi Paesi che operano in vari campi attinenti l’agricoltura: sicurezza alimentare, legislazione alimentare, studi ambientali, scienze delle piante, economia e biotecnologie. La rappresentante del Comitato è l’italiana Lavinia Scudiero, co-fondatrice dell’iniziativa, medico veterinario e specializzanda in sicurezza alimentare con focus in legislazione alimentare. La proposta del gruppo di giovani ricercatori è sostanzialmente quella di modificare l’attuale normativa in campo di organismi geneticamente modificati, la direttiva 2001/18/CE “sull’emissione deliberata nell’ambiente di organismi geneticamente modificati” in maniera da prevedere una distinzione – che oggi non esiste – tra OGM ottenuti con tecniche convenzionali e NPBTs (New Plant Breeding Techniques) perché si tratta di tecniche sostanzialmente differenti. Secondo gli stessi proponenti “le NPBTs sono un insieme di tecniche sviluppate nell’ultimo decennio. Vengono utilizzate per coltivare nuove varietà vegetali modificando attentamente il materiale genetico di semi o cellule vegetali (invece di affidarsi a mutazioni casuali). Simulando le mutazioni naturali, le NPBTs possono essere utilizzate per facilitare colture che sono resistenti alla siccità e ai parassiti, che hanno rese più elevate, ed e una migliore qualità. Quindi possono contribuire al problema della scarsità alimentare e allo sviluppo sostenibile dell’agricoltura. Purtroppo, l’attuale quadro giuridico dell’UE richiede che il trattamento degli OGM (prodotti artificialmente) sia lo stesso per le piante che sono state migliorate tramite NPBT (in modo simile al naturale ma attentamente mirato). Ciò limita altamente l’uso di piante ottenute da NPBTs.” La proposta prevede anche che la valutazione del rischio prevista dalla direttiva si basi non sulla tecnica ma sul prodotto ottenuto perché è solo a quest’ultimo che sono collegati i rischi e non alla tecnica utilizzata per ottenerli. In pratica si vorrebbe modificare la direttiva prevedendo una “lista positiva” di tratti

genetici sicuri per ogni specie vegetale. I prodotti ottenuti tramite NPBTs, se contenenti tali tratti e nessun altro materiale genetico estraneo alla specie, sarebbero sottoposti solo ad una procedura di notifica e non ad una autorizzazione come avviene oggi per gli OGM. Gli organismi ottenuti che contengono nuovi tratti, invece dovranno essere sottoposti alla normale procedura di valutazione del rischio, e avranno bisogno di ottenere un’autorizzazione per essere coltivati. La proposta è stata registrata dalla Commissione europea il 25 luglio scorso. È quindi ora possibile procedere alla raccolta delle firme sino al 25 luglio 2020. Maggiori informazioni sulla proposta e sul suo contenuto scientifico nonché sul progresso della raccolta delle firme sono disponibili al seguente sito internet, anche in lingua italiana: www.growscientificprogress.org Sul sito – che è molto completo e documentato e riporta molte informazioni sulla iniziativa ed i suoi proponenti – è anche possibile sostenere direttamente con la propria firma l’iniziativa nell’apposita sezione “Firma adesso!”. Le modalità sono oltremodo semplici e richiedono pochissimo tempo: è sufficiente indicare le proprie generalità ed i riferimenti di un proprio documento valido di identità.



**Firma il tuo sostegno
all'iniziativa**

**“Grow Scientific Progress: crops matter!”
per la revisione della normativa europea
sulle nuove tecniche di selezione vegetale**



**Firma sul sito o
scansiona il QR-code con il tuo smartphone
www.growscientificprogress.org**



 **Confagricoltura
Padova**

New Plant Breeding Techniques



**Le nuove tecniche di miglioramento genetico delle piante
per un'agricoltura sostenibile e competitiva**

**CONVEGNO NAZIONALE:
Lunedì 9 Dicembre 2019 ore 10.00
Centro Conferenze Alla Stanga
Padova**

ISCRIVITI PER PARTECIPARE

www.confagricolturapadova.it

Segreteria organizzativa: Confagricoltura Padova
Tel. 049 8223511
padova@confagricoltura.it

Nuove vie di miglioramento genetico delle piante agroalimentari: dalle tecnologie di breeding cisgenico a quelle di editing genomico

di Gianni Barcaccia*

DAFNAE
Università degli Studi
di Padova
Campus di Agripolis



I progressi compiuti nel sequenziamento dei genomi hanno permesso l'avanzamento delle conoscenze sulla funzione di molti geni chiave, portando allo sviluppo di nuove biotecnologie per il miglioramento genetico delle specie agro-alimentari. Tra queste il breeding cisgenico e l'editing genomico sono le più promettenti e presentano le potenzialità per intensificare l'agricoltura sostenibile e implementare la sicurezza alimentare, in un'epoca caratterizzata da forte aumento demografico e rapidi cambiamenti climatici. Contrariamente a quanto accade con la transgenesi, la pianta ottenuta con queste biotecnologie non presenta nel suo genoma alcuna forma di DNA esogeno codificante e quindi è sostanzialmente equivalente alle piante generate con metodologie convenzionali di miglioramento genetico. Il nostro obiettivo è di spiegare come funzionano queste nuove biotecnologie, evidenziandone le potenzialità applicative rispetto alle metodologie tradizionali di miglioramento genetico.

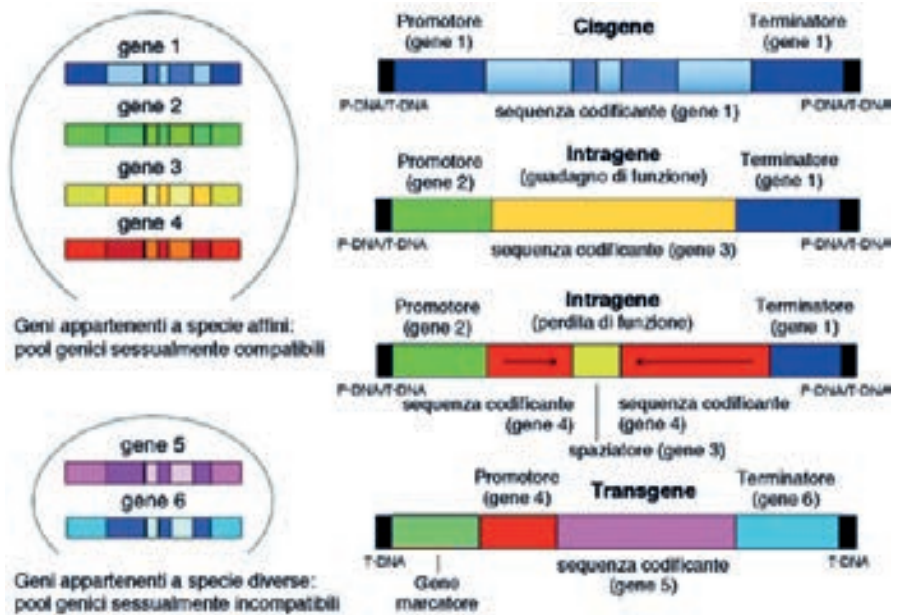
Le sfide che attendono l'agricoltura nei prossimi anni sono tante: la crescente quantità di risorse alimentari necessarie per far fronte all'aumento demografico, i repentini cambiamenti climatici che si riflettono nell'innalzamento costante della temperatura terrestre causando problemi come l'aumento della siccità e della salinità dei suoli, la richiesta di prodotti di qualità e tante altre ancora. È facile prevedere che l'agricoltura avrà un forte impatto sull'ambiente, provocando uno sfruttamento sempre più ampio delle risorse naturali e influenzando sul rilascio di ingenti quantità di prodotti di scarto derivanti dalle attività umane. Il miglioramento genetico delle piante di uso agro-alimentare dovrà portare alla costituzione di varietà in grado di rispondere a queste nuove esigenze. Con l'obiettivo di soddisfare le richieste della popolazione e allo stesso tempo di garantire una produzione efficiente ed ecologicamente sostenibile, negli ultimi anni sono state sviluppate nuove biotecnologie come alternativa alla transgenesi, e tra queste le più promettenti appaiono il breeding basato su intragenesi o cisgenesi e l'editing genomico.

BIOTECNOLOGIE SOSTENIBILI: DALLA TRANSGENESI ALLA INTRAGENESI E CISGENESI

A seguito delle preoccupazioni della pubblica opinione riguardanti la sicurezza delle colture transgeniche, di recente sono state sviluppate nuove tecnologie per il miglioramento genetico, alternative e migliorative rispetto alla transgenesi, quali l'intragenesi e la cisgenesi che garantiscono successi considerevoli soprattutto per quanto riguarda i caratteri monogenici. A differenza della transgenesi, che si basa sul trasferimento di uno o più geni esogeni provenienti da specie diversa o anche da regno diverso (ricorrendo ad un transgene tipicamente chimerico), la cisgenesi prevede il trasferimento di uno o più cisgeni ovvero geni nativi con le proprie sequenze regolatrici, e nel normale orientamento, tra organismi appartenenti alla stessa specie o anche a specie diverse, ma affini e sessualmente compatibili. Inoltre, la sequenza codificante del gene trasferito contiene i propri introni e la sua espressione è sotto il controllo del proprio promotore e terminatore. Il termine "cisgenesi" è stato coniato nel 2006 da Schouten, Krens e Jacobsen. Diversamente dalle piante ottenute da breeding convenzionale, una pianta cisgenica contiene esclusivamente il gene o i geni di interesse del donatore e nessun altro elemento genetico indesiderato. L'intragenesi è un caso particolare poiché gli intrageni sono geni chimerici, in cui la sequenza codificante del gene impiegato nel trasferimento, che non include introni ma prevede la sola presenza di esoni, è assemblata con le sequenze regolatrici di altri geni e/o la sequenza codificante è in orientamento opposto a quello originale. Il termine "intragenesi" è stato introdotto da Rommens nel 2007. Con la cisgenesi si trasferisce il gene esattamente come è presente nella specie donatrice, mentre con l'intragenesi si assemblano sequenze (regione codificante, promotore e terminatore) provenienti da più geni. Come conseguenza, l'espressione del gene può essere modificata ricorrendo all'uso di regioni di regolazione diverse da quelle native. La differenza rispetto alla transgenesi risiede nell'origine del gene da trasferire: il donatore è un organismo della stessa specie del ricevente o comunque appartiene a una specie diversa ma affine e sessualmente compatibile. È importante enfatizzare che con la cisgenesi, la sequenza genica che si trasferisce nel genoma ricevente resta invariata, la regione codificante contiene non solo gli esoni ma anche i propri introni e le sequenze regolatrici originali (promotore e terminatore), disposti secondo il loro normale senso di orientamento. Al contrario, nell'intragenesi si utilizzano promotori, terminatori e sequenze codificanti derivanti da differenti donatori anche se appartenenti a pool genici di specie

Figura 1.

Cisgenesi: il cisgene è una copia identica di un gene selezionato da un pool genico sessualmente affine alla specie nell'ambito della quale si vuole migliorare una varietà: esso include gli stessi introni, il promotore e il terminatore nativi. **Intragenesi:** l'intrigene è prodotto in vitro attraverso tecniche di ingegneria genetica: il promotore, il terminatore e la sequenza codificante, composta di soli esoni, sono riorganizzati tra di loro combinando sequenze provenienti da geni diversi selezionati in specie sessualmente compatibili. **Transgenesi:** con la transgenesi si trasferisce un gene chimerico prodotto combinando insieme la regione codificante, composta di soli esoni poiché gli introni vengono solitamente rimossi, e regioni di regolazione proveniente da specie, talvolta regni diversi, ad esempio promotore di origine virale e terminatore di origine batterica.



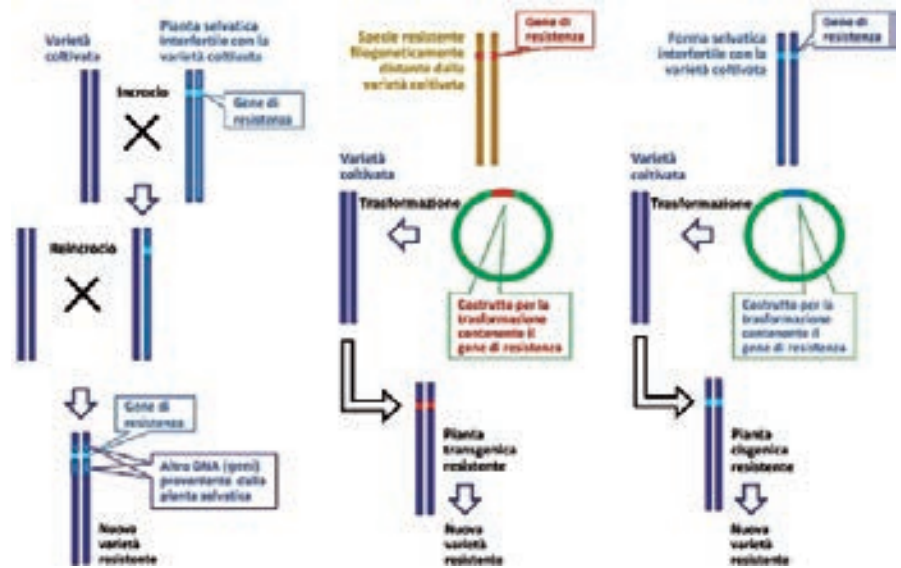
tassonomicamente affini. Infine, contrariamente a quanto avviene nella cisgenesi, nell'intragenesi le sequenze codificanti possono essere utilizzate nello stesso senso di orientamento che hanno nell'organismo donatore (trasferimento genico con finalità di guadagno di funzione) oppure in senso opposto quando la finalità è il silenziamento genico (Figura 1).

La cisgenesi è una tecnologia concettualmente innovativa rispetto alla transgenesi: offre la possibilità di massimizzare la similitudine del risultato ottenibile con il trasferimento genico convenzionale mediato da incrocio. In virtù di questa peculiarità non è considerata potenzialmente rischiosa per l'ambiente e la salute. Pertanto, la cisgenesi produce un organismo simile a quello che si ottiene con l'incrocio, avendo però il vantaggio di consentire una riduzione dei tempi necessari per giungere alla varietà ed evitando il trasferimento indesiderato di sequenze associate al gene di interesse, spesso aventi un effetto negativo sul fenotipo.

Negli ultimi anni queste tecnologie sono state utilizzate in diverse specie per migliorare caratteri rilevanti in agricoltura, come la resistenza/tolleranza a stress biotici e abiotici, con effetti positivi sulle produzioni, in termini quantitativi e qualitativi. Per l'ottenimento di piante geneticamente migliorate attraverso cisgenesi e intragenesi sono necessarie le stesse tecniche utilizzate per la produzione di piante transgeniche. Il metodo di trasferimento di DNA più utilizzato per le dicotiledoni prevede il ricorso ad *Agrobacterium tumefaciens*, mentre per le monocotiledoni e le specie che presentano una bassa suscettibilità all'infezione da parte di questo agrobatterio, il trasferimento di DNA prevede l'uso di un acceleratore di particelle (*particle gun*). Una differenza fondamentale tra cisgenesi e intragenesi riguarda le sequenze di confine del T-DNA nel vettore plasmidico, sequenze che sono trasferite nella pianta come conseguenza del processo di trasformazione genetica mediato da *Agrobacterium*. Alcuni autori ritengono che le sequenze di confine del vettore



Figura 2.
Schemi di miglioramento genetico per un carattere Mendeliano: confronto tra metodo convenzionale, basato sul reincrocio, e metodi biotecnologici attraverso transgenesi e cisgenesi, con specifico riferimento a un gene di resistenza.



plasmidico, utilizzate per cisgenesi e intragenesi, debbano provenire da genomi di piante, appartenenti a specie affini sessualmente compatibili. Sequenze di confine derivanti da piante, note anche come P-DNA, con proprietà simili al T-DNA, sono state identificate in diverse specie vegetali. Tuttavia, argomentazioni che sostengono l'utilizzo di T-DNA, affermano che queste sequenze di confine derivanti da organismi batterici si possano ugualmente trovare all'interno dei genomi delle piante, poiché sono state acquisite nel corso dell'evoluzione e, siccome per loro natura sono sequenze non codificanti, si possono ritenere sicure da utilizzare. In termini applicativi, cisgenesi e intragenesi hanno entrambe lo scopo di conferire nuove caratteristiche alla pianta modificata, sia attraverso guadagno di funzione (cambiamento genico) che perdita di funzione (silenzamento genico). Tuttavia, solo la cisgenesi può garantire l'ottenimento di risultati conseguibili anche con metodi convenzionali di miglioramento genetico, ma con tempistiche molto più contenute ed evitando effetti di *linkage drag* che talvolta portano anche all'accumulo di sostanze antinutrizionali nei prodotti alimentari.

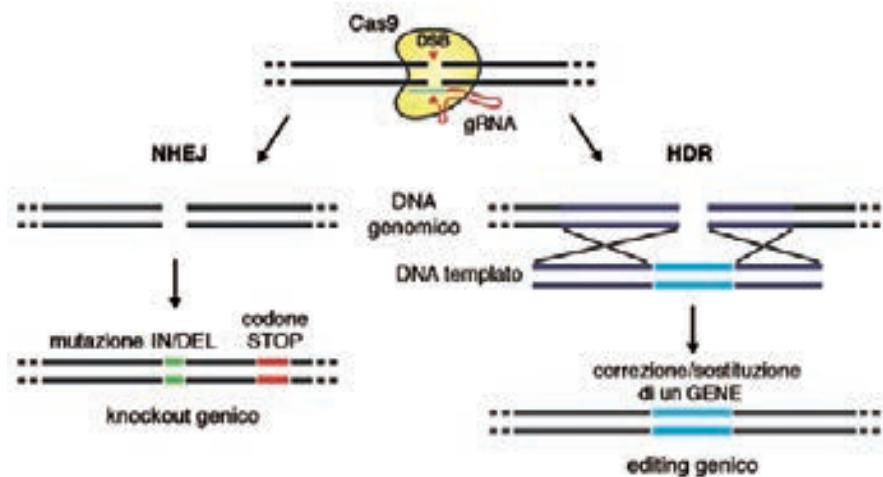


In *Figura 2* è riportato un confronto tra metodi di miglioramento genetico convenzionali, basati sul reincrocio, e quelli biotecnologici, realizzati attraverso transgenesi e cisgenesi, con specifico riferimento ad un carattere di resistenza.

Un'altra potenzialità della cisgenesi rispetto al miglioramento genetico tradizionale riguarda la sovra-espressione di un gene. Con la cisgenesi è possibile inserire una oppure più copie aggiuntive del gene di interesse, consentendo l'aumento della manifestazione fenotipica per quel determinato carattere. Anche l'intragenesi offre maggiori possibilità di modifica dell'espressione di un gene rispetto agli schemi tradizionali basati su ibridazione e selezione, poiché prevede combinazioni di regioni di regolazione quali promotori e terminatori presi da donatori differenti rispetto alla specie di origine della sequenza codificante. Dal confronto tra cisgenesi e intragenesi si evince che è la prima ad essere più simile al miglioramento genetico tradizionale, mentre la seconda è più affine alla transgenesi. Da più parti si ritiene che l'inserimento casuale della sequenza di DNA nel genoma della pianta target costituisca una limitazione di queste nuove tecnologie poiché la ricombinazione di un gene in uno specifico tratto cromosomico potrebbe alterare l'espressione di altri geni presenti nel genoma ricevente, determinando così rischi non prevedibili. Bisogna però considerare che anche con l'ibridazione si promuove la ricombinazione casuali di geni e che pertanto l'inserimento casuale di DNA dal donatore al ricevente si verifica anche impiegando metodologie tradizionali di miglioramento genetico, da sempre utilizzati per la costituzione di nuove varietà. Altri timori suscitati dalle piante geneticamente modificate sono connessi ai potenziali rischi della diffusione di nuove combinazioni geniche nell'ambiente. Le piante geneticamente modificate avendo caratteri nuovi o più marcati rispetto alle piante selvatiche della stessa specie, e quindi esprimendo una *fitness* superiore, potrebbero prendere il sopravvento sulle ultime; si teme quindi un effetto di *gene escape* incontrollabile e una perdita irreversibile di biodiversità (*genetic erosion*). Nel 2011, la Commissione Europea (CE) ha chiesto all'Autorità Europea per la Sicurezza Alimentare (*European Food Safety Authority*, EFSA) di valutare i pericoli connessi

Figura 3.

Editing genomico con nucleasi sito-specifiche. I tagli indotti del DNA (DSB) possono essere riparati attraverso due percorsi differenti: *non-homologous end joining* (NHEJ) oppure *homology directed repair* (HDR). Le riparazioni NHEJ solitamente derivano da inserzione o delezione di singoli nucleotidi (IN/DEL) con conseguente mutazione di tipo frameshift che determina un codone di stop inatteso, provocando così knockout genico (silenziamiento di un gene); con la riparazione HDR, quando è presente il DNA di un donatore, questo viene utilizzato come template per avere un editing genico attraverso l'inserzione di alcuni nucleotidi (correzione della sequenza di un gene) oppure di un intero gene (sostituzione o inserzione di un gene).



a cisgenesi e intragenesi rispetto a transgenesi e breeding tradizionale. Quando si considerano i pericoli legati alle piante cisgeniche e intrageniche, le principali considerazioni da parte del gruppo di esperti di tale autorità riguardano: i) la fonte di derivazione del DNA trasferito; ii) le alterazioni del genoma ospite nel tratto cromosomico in cui avviene l'inserimento di DNA; iii) la potenziale presenza nel genoma delle piante di sequenze di DNA non vegetali; iv) l'espressione del gene contenuto nel DNA trasferito. Come per il miglioramento genetico tradizionale, anche per cisgenesi e intragenesi si deve fare uso di pool genici primari, secondari e terziari. Tuttavia, quando un gene di

interesse è utilizzato per produrre piante intrageniche, si possono creare nuove combinazioni genetiche che non sono possibili in piante cisgeniche e nemmeno in quelle derivanti da breeding tradizionale. Queste nuove combinazioni genetiche possono portare alla manifestazione di caratteri nuovi con pericoli ancora non conosciuti ed è per questo motivo che l'EFSA ha definito i rischi connessi all'intragenesi del tutto simili a quelli associati alla transgenesi. Al contrario, la tecnologia basata sulla cisgenesi si avvicina molto al miglioramento genetico tradizionale e in virtù di questa sua peculiarità non è considerata dall'EFSA potenzialmente rischiosa per l'ambiente e la salute.



NUOVE BIOTECNOLOGIE SOSTENIBILI: EDITING GENOMICO

Il “genome editing” comprende un insieme di tecniche in grado di correggere, rimuovere, inserire o sostituire specifiche sequenze di DNA in un punto preciso del genoma. In altre parole, l’editing genomico consente di produrre mutazioni mirate in siti specifici del genoma avvalendosi di enzimi nucleasi capaci di tagliare la doppia elica del DNA e sfruttando i meccanismi cellulari di riparazione. Si possono così realizzare diverse modifiche del genoma a seconda del percorso di riparazione delle rotture del DNA: la congiunzione delle estremità terminali non omologhe (*non-homologous end joining*, NHEJ) o la riparazione basata sulla ricombinazione omologa (*homology directed repair*, HDR), come illustrato in *Figura 3*. Il meccanismo NHEJ causa inserzioni o delezioni casuali che possono portare a mutazioni in grado di inibire il funzionamento del gene se avvengono nella sua regione codificante. Una seconda via di riparazione è quella basata sul meccanismo HDR che richiede l’introduzione simultanea di endonucleasi ingegnerizzate che inducano il taglio sito-specifico nel cromosoma e un donatore di DNA omologo che viene usato come stampo per la inserzione o sostituzione del gene.

Una volta creato il taglio sul doppio filamento di DNA, la cellula ripara il danno utilizzando i meccanismi naturali di riparazione: nel caso di congiunzione non omologa (NHEJ), le due estremità terminali vengono saldate in modo impreciso consentendo di aggiungere/rimuovere alcuni nucleotidi e determinando l’inattivazione mirata del gene (ad esempio, inattivazione di geni di suscettibilità a patogeni) e la produzione di un fenotipo mutato. Tale risultato è del tutto analogo a quelli derivanti da mutazioni spontanee o indotte. Nonostante questo sia il meccanismo più comune nelle piante, è stato

dimostrato che fornendo un frammento di DNA omologo al sito bersaglio tagliato, aumenta la frequenza di riparazione mediante ricombinazione omologa (HR). In questo caso il frammento di DNA esogeno fornito viene utilizzato dalla cellula come stampo per la riparazione e, di conseguenza, la sua informazione genetica viene trasferita nel genoma della cellula. In questo modo è possibile modificare/correggere la sequenza di un gene utilizzando un DNA esogeno con sequenza corretta o è possibile inserire un nuovo gene (transgene o cisgene) in una porzione specifica del genoma ospite. Negli ultimi due decenni, sono state individuate quattro diversi tipi di endonucleasi, ognuna delle quali possiede una particolare struttura in grado di scindere una specifica sequenza di DNA: le *meganucleasi*, le *zinc finger nucleases* (ZFNs), le *Transcription Activator-Like Effector-based Nucleases* (TALENs) e infine il sistema *CRISPR* (*clustered regularly interspaced short palindromic repeats*)-*Cas* (*CRISPR-associated*). Fino a qualche anno fa, gli strumenti principali di modifica del genoma erano le nucleasi ZFN e le TALEN. Entrambe sono endonucleasi ingegnerizzate composte di due elementi principali: un dominio in grado di legarsi al DNA e un dominio nucleasico per l’induzione della rottura del DNA nella posizione desiderata del genoma. Solo di recente il sistema CRISPR/Cas9 è risultato essere il metodo più efficace per l’editing genomico, grazie alla sua semplice struttura e la facile applicabilità ad una vasta gamma di organismi. Nel 2007 un gruppo di ricercatori dell’Università di Laval (Canada) e di un’azienda danese dimostrarono che alcuni batteri conservano nel proprio cromosoma una sorta di “biblioteca” delle infezioni fagiche trascorse che permetteva loro di riconoscere un DNA estraneo già incontrato. Questa “biblioteca” è stata chiamata CRISPR (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*: brevi ripetizioni



palindrome raggruppate e separate a intervalli regolari) e rappresenta una sorta di immunizzazione presente nel 50% circa dei batteri. Successive analisi bioinformatiche hanno rivelato che nella sequenza CRISPR sono inoltre presenti geni che codificano per endonucleasi dette Cas (CRISPR *associated*) in grado di tagliare il DNA in un punto preciso della sequenza. Nel 2011 ricercatori francesi scoprirono che nel sistema CRISPR II, l'enzima Cas9 riconosce esclusivamente un DNA estraneo e lo taglia in modo specifico quando il batterio ha una copia di questa sequenza nel suo CRISPR. Nello stesso anno presso l'Università svedese di Umea fu dimostrato che l'enzima Cas9 ha bisogno di un piccolo RNA specifico che lo guida nel riconoscimento della sequenza da tagliare. Tali scoperte hanno quindi aperto la possibilità di programmare *in vitro* il taglio di una molecola di DNA in un punto preciso utilizzando una nucleasi Cas9, una copia del DNA bersaglio sotto forma di un piccolo RNA complementare e un altro RNA specifico dell'enzima. I due piccoli RNA possono in realtà essere riuniti in un solo RNA capace di guidare (gRNA) Cas9 verso qualsiasi sequenza di DNA specificata *in vitro*. Questa sorta di sistema immunitario sviluppato dai batteri ha consentito di sviluppare una tecnica per intervenire sulla sequenza di un genoma e correggere in modo mirato un gene. La tecnologia dell'editing genomico può accelerare il processo di miglioramento genetico in qualunque specie di uso agro-alimentare, consentendo l'introduzione di precise modifiche che possono interessare sia poche basi nucleotidiche sia intere sequenze geniche. Va inoltre sottolineato che, a differenza di quanto avviene per le mutazioni indotte da radiazioni o agenti chimici, con le tecniche di editing genomico le mutazioni cosiddette *off-target*, cioè quelle che avvengono in siti diversi da quello bersaglio, sono molto rare e possono essere facilmente individuate.

Il sistema CRISPR/Cas9 si sta rivelando uno strumento potentissimo per la ricerca biotecnologica e, in particolare, e per lo studio dei genomi vegetali, anche se molti avanzamenti devono ancora essere messi a punto per una sua concreta applicazione al miglioramento genetico delle colture. In una prospettiva di breve-medio termine il sistema consentirà di realizzare modificazioni mirate nella pianta ospite senza inserire DNA estraneo. La cellula infatti eliminerà l'enzima e il suo RNA guida e la pianta non conterrà più DNA esogeno nel suo genoma, come avviene nelle piante transgeniche, ma semplicemente modificazioni limitate e ben conosciute. Questo sistema sarà inoltre in grado di consentire una più precisa caratterizzazione e una più efficiente utilizzazione delle risorse genetiche vegetali e un'accelerazione nello sviluppo di nuove varietà. Da non trascurare è inoltre la possibilità molto vantaggiosa offerta dal sistema CRISPR/Cas9 di poter intervenire su più caratteri contemporaneamente. L'editing genomico è già stato applicato con successo su alcune piante modello come *Arabidopsis*, ma anche in alcune specie di interesse agro-alimentare consentendo l'ottenimento di mutazioni utili per migliorarne la qualità dei prodotti o la resistenza ai patogeni. Oltre ai numerosi aspetti tecnici ancora da approfondire (ad esempio, i metodi per un trasferimento transiente di Cas9 e del suo gRNA), non vanno trascurati i problemi derivanti dalla protezione brevettuale dei geni e delle procedure utilizzabili e gli aspetti normativi che, a livello europeo, sono legati non tanto alle caratteristiche intrinseche del prodotto ottenuto, quanto piuttosto alle tecnologie impiegate per il suo ottenimento. Una delle principali preoccupazioni che hanno suscitato le piante transgeniche riguarda l'integrazione casuale del DNA esogeno nel genoma, secondo eventi che potrebbero potenzialmente determinare nuove combinazioni geniche



indesiderate. Le tecnologie di editing genomico permettono di ovviare a questa problematica poiché consentono di inserire o sostituire in un genoma o rimuovere da un genoma sequenze di DNA in regioni predeterminate, attraverso mutazioni sito-specifiche. Ciononostante, non è ancora chiaro se gli organismi prodotti con queste procedure debbano essere regolati dalle attuali leggi previste per gli OGM. Gli Stati Uniti hanno deciso di focalizzare la loro attenzione sul prodotto finale e, quindi, nonostante le piante siano ottenute attraverso tecniche di ingegneria genetica, il prodotto finale non contiene DNA esogeno e la mutazione indotta non è distinguibile da una mutazione spontanea. Per questi motivi gli Stati Uniti hanno già approvato l'utilizzo in agricoltura di diverse varietà derivanti da editing genomico. Diversa è, invece, la situazione in Europa, dove la direttiva 2001/18/CE del Parlamento Europeo "sull'emissione deliberata nell'ambiente di organismi geneticamente modificati", stabilisce che un OGM è un organismo "il cui materiale genetico è stato modificato in modo diverso da quanto avviene in natura con la riproduzione sessuale e/o la ricombinazione genetica naturale". Perciò, anziché focalizzare l'attenzione sul prodotto finale, com'è accaduto negli Stati Uniti, l'Europa pone l'attenzione sulla tecnologia cui si ricorre e si utilizza per crearlo.

NBT: IL QUADRO NORMATIVO DELLA UE

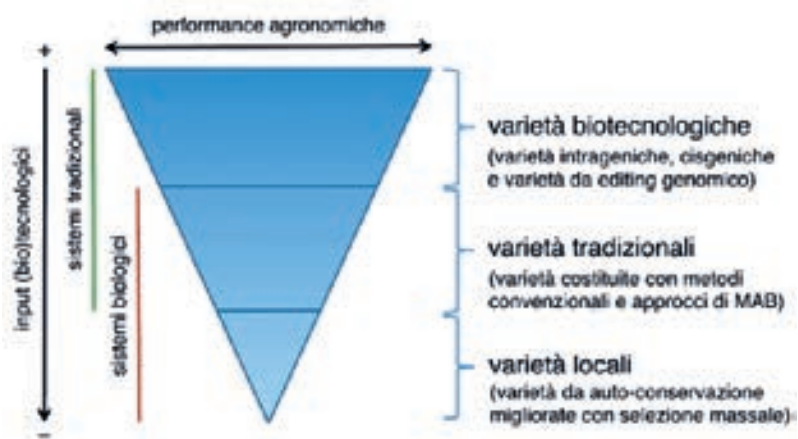
L'innovazione nel miglioramento genetico delle varietà di specie coltivate ad uso alimentare è necessaria per far fronte alle sfide dei cambiamenti globali, come la crescita della popolazione e il cambiamento climatico. Nel corso degli anni, l'agricoltura ha modificato e implementato le sue tecniche agronomiche e genetiche, e di conseguenza la capacità di far fronte alle esigenze di una popolazione in forte crescita. Tuttavia, l'utilizzo

della transgenesi come possibile risposta a svariate richieste del mercato, degli agricoltori e dei consumatori, non ha risolto questo problema, poiché in molti Paesi non è mai stata pienamente accettata in quanto ritenuta pericolosa a livello ambientale. Il progresso e lo sviluppo di nuove tecnologie alternative alla transgenesi è stato sorprendentemente rapido, portando alla implementazione di procedure di breeding cisgenico e intragenico, e di editing genomico per la costituzione di varietà aventi uno o pochi caratteri migliorati. Le nuove tecnologie di breeding cisgenico e di editing genomico consentono di ridurre i potenziali effetti negativi che potrebbero insorgere con l'utilizzo di transgenesi e breeding tradizionale. Esse consentono, infatti, una modifica genetica pre-determinata e sito-specifica all'interno di un genoma e garantiscono la totale assenza di DNA esogeno nelle piante delle varietà sviluppate attraverso questi sistemi. Tuttavia, la direttiva 2001/18/CE stabilisce che se le tecnologie utilizzate per l'ottenimento di un prodotto sono le stesse utilizzate per produrre un OGM, tali prodotti sono da ritenersi OGM. Ciò è stato confermato dalla sentenza della Corte di Giustizia Europea del 25 luglio 2018 "Case C-528/16 Confederation Paysanne and Others" che ha stabilito che i prodotti ottenuti con le nuove tecniche di modifica dei genomi (NBTs) sono da considerare OGM così come definiti nell'art. 2 della direttiva 2001/18.

A nostro parere non v'è alcun dubbio che le piante ottenute attraverso cisgenesi e editing genomico siano uguali o assimilabili alle piante ottenute con procedure di breeding tradizionale, in assenza di DNA esogeno nel loro genoma, e non c'è alcun modo di determinare con certezza quali tecniche siano state impiegate per ottenerle. Se l'Unione Europea scegliesse di proibire la coltivazione e l'importazione perché classificate come OGM, ci si troverebbe davanti ad



Figura 4.
Confronto tra varietà locali, tradizionali e biotecnologiche in termini di performance agronomiche e in relazione a input (bio)tecnologici, adatte a sistemi di coltivazioni tradizionali o biologici.



altri quesiti ancora più ardui: vietare la coltivazione e fidarsi ciecamente di agricoltori e di esportatori che garantiscono prodotti OGM-free impossibili da verificare oppure bloccare le importazioni da Paesi che acconsentono alla coltivazione di varietà ottenute attraverso queste tecnologie? È evidente che la regolamentazione prevista dall'Unione Europea per queste nuove tecnologie non risulti appropriata. La definizione di OGM è stata prodotta nel 2001, quando queste nuove tecnologie non erano ancora state scoperte o sviluppate. La comunità scientifica richiede pertanto una legislazione più flessibile che si basi sulle caratteristiche intrinseche del prodotto finale e che si concentri sulla sua potenziale pericolosità, piuttosto che sul processo che conduce al suo ottenimento. Anche l'Italia, come altri Stati Membri, è in attesa che Bruxelles faccia chiarezza sulla differenza tra queste tecnologie e la transgenesi, e autorizzi la sperimentazione in campo di piante ottenute attraverso cisgenesi e editing genomico. In conclusione si può affermare che queste nuove biotecnologie sostenibili sono caratterizzate da un potenziale enorme tanto da rappresentare uno strumento importante, se non determinante per l'agricoltura italiana, potendo potenzialmente contribuire a risolvere le esigenze produttive e le problematiche ambientali esistenti del nostro Paese. Riteniamo che le nuove biotecnologie consentiranno non solo di modificare singoli geni, ma anche di agire su intere vie biosintetiche e reti regolative, permettendoci di migliorare la formazione e/o la composizione di singoli tessuti e organi. Non possiamo però più aspettare, né imitare: è tempo di innovare ricorrendo alle

nuove vie del miglioramento genetico. Sappiamo indurre le mutazioni genetiche e usare le trasformazioni genetiche per creare nuovi alleli e trasferire nuovi caratteri e abbiamo una grande tradizione nel miglioramento genetico delle piante agrarie, anche supportato da metodi di selezione genetica assistita da marcatori molecolari. Personalmente auspichiamo che si possa e si riesca ad arrivare un giorno non troppo lontano alla coesistenza di diverse tipologie varietali (biotecnologiche, tradizionali, e locali) e sistemi culturali (tradizionali e biologici) e che sia poi compito degli agricoltori e dei consumatori operare delle scelte strategiche, economiche e consumistiche (Figura 4).

* **Gianni Barcaccia** - Professore di genetica agraria e genomica applicata, Direttore del Dipartimento di Agronomia Animali Alimenti Risorse Naturali e Ambiente DAFNAE dell'Università degli Studi di Padova

Articolo apparso sulla rivista *Dal Seme*, la rivista del Consiglio per la Ricerca e l'analisi dell'economia Agraria - Centro di Sperimentazione e Certificazione delle Sementi (CREA-SCS).

Bibliografia di riferimento

BARCACCIA G. e LUCCHIN M. (2016), *Le nuove vie del miglioramento genetico delle piante agroalimentari: dalle tecnologie di breeding cisgenico a quelle di editing genomico*. Dal Seme, vol. 2, pp. 36-42 (ISSN 2039-7569).

BARCACCIA G. e FALCINELLI M. (2019), *Elementi di ingegneria genetica: NBT e varietà geneticamente modificate (OGM)*. In: *Genetica e Genomica*, vol. 3 *Genomica e biotecnologie genetiche*, pp. 954-962 (Liguori Editore).



NUOVI STRUMENTI PER L'AGRICOLTURA DI DOMANI

Le New Breeding Techniques (NBTs)

a cura di



ASSOSEMENTI
Associazione Italiana Sementi

SCENARIO

L'agricoltura moderna deve confrontarsi con grandi sfide quali l'incremento demografico atteso pari a 9,8 miliardi di individui entro il 2050, la contrazione delle terre arabili per via della crescente urbanizzazione, una instabilità delle condizioni produttive dovuta all'attuale crisi climatica e alla globalizzazione dei commerci; questi ultimi fattori sono anche responsabili della diffusione di nuovi patogeni e delle emergenze fitosanitarie che sempre più frequentemente ne conseguono. In questo complicato scenario l'agricoltura moderna deve risultare però anche competitiva e rispondere alle richieste dei consumatori per un aumento della sostenibilità ed una riduzione dell'utilizzo di fitofarmaci. L'utilizzo di varietà in grado di assicurare alte rese, estremamente efficienti, resistenti a patogeni, tolleranti a situazioni ambientali avverse e con alti valori nutrizionali diventa quindi strategico per garantire la sostenibilità e la competitività dell'agricoltura italiana. Negli ultimi 15 anni, ad esempio, il miglioramento genetico è stato responsabile dell'80% dell'aumento della produzione europea di frumento, crescita di oltre 22 milioni di tonnellate e dell'aumento della produzione di colza, aumentata di 3,3 milioni di tonnellate. Quello sementiero è un settore altamente innovativo ed investe in ricerca e sviluppo fino al 20% del proprio fatturato. La messa a punto di una qualsiasi novità vegetale è infatti un processo lungo e laborioso che comincia dalla valutazione della biodiversità disponibile per arrivare, attraverso numerosi incroci, valutazioni e perfezionamenti, ad un genotipo idoneo ad incontrare l'interesse degli agricoltori e del mercato. Questo processo può richiedere anche 15 anni di lavoro e notevoli investimenti da parte delle aziende. I nuovi metodi di breeding, consentendo di ampliare la biodiversità disponibile e rendendo più veloce e preciso l'inserimento del carattere desiderato in varietà commerciali, ampliano enormemente le potenzialità del miglioramento genetico.

NEW BREEDING TECHNIQUES (NBTs)

Le mutazioni sono cambiamenti stabili ed ereditabili della sequenza genetica di un organismo. Sono modifiche che si verificano spontaneamente in natura e rappresentano la base dell'evoluzione delle specie per adattarsi ad un ambiente in continuo cambiamento. Per ampliare la variabilità genetica disponibile per la costituzione di nuove varietà, dalla prima metà del XX secolo si è ricorso all'utilizzo di mutageni (ad esempio agenti chimici e radiazioni) in grado aumentare il tasso di mutazione rispetto a quella spontanea. Tale processo è completamente casuale e né il numero né la posizione delle mutazioni è controllabile. L'efficienza della tecnica è per altro ridotta poiché richiede inizialmente la costituzione di elevatissimi numeri di piante mutate la cui valutazione è fatta esclusivamente sulla base dell'aspetto, seguita poi da numerosi incroci per rimuovere i tratti indesiderati per produrre infine nuove varietà commerciali. Il database delle varietà mutate (<https://mvd.iaea.org/>) ad oggi comunque elenca 3301 varietà registrate nel mondo derivate direttamente da mutagenesi, di cui 959 in Europa, a cui sono da aggiungere le varietà ottenute a partire da queste mediante incrocio tradizionale. Va sottolineato che in nessuna parte del mondo le varietà ottenute da mutagenesi sono regolamentate in modo diverso da quanto ottenuto con metodi di incrocio tradizionale. L'avanzamento delle conoscenze e il progresso delle tecnologie ha messo a disposizione dei ricercatori e di chi si occupa di miglioramento varietale metodi innovativi detti New Breeding Techniques (NBTs). Tra queste tecniche ricadono ad esempio la cisgenesi e il *genome editing* di cui fa parte il Crispr-Cas9. Con la cisgenesi è possibile trasferire un gene di interesse tra specie sessualmente compatibili per ottenere piante simili a quelle che si potrebbero ottenere da incrocio, mentre attraverso il *genome editing* si generano modifiche puntiformi identiche a quelle che si potrebbero generare spontaneamente in natura o attraverso la mutagenesi indotta da agenti chimici e fisici. Grazie all'avanzare della tecnica, la modifica avviene nella posizione desiderata in maniera sempre più precisa annullando quasi completamente il numero delle mutazioni associate indesiderate (off target). Le mutazioni che si possono ottenere mediante *genome editing* sono nella maggior parte dei casi indistinguibili da quelle risultanti dalla mutagenesi spontanea. Tra i principali vantaggi di queste tecniche vi sono la possibilità di essere applicate a più specie, ivi incluse quelle minori, i costi sostenibili anche per le piccole e medie imprese e la relativa rapidità e precisione. Inoltre, grazie ai numerosi progetti di sequenziamento conclusi negli ultimi anni e che hanno visto protagonisti anche diversi



enti ricerca pubblici ed Università Italiane (è stato ad esempio sequenziato il genoma di pomodoro, vite, farro, frumento duro, asparago) è ora possibile identificare più facilmente i geni che regolano le risposte adattative delle piante, comprendendone il processo evolutivo e la funzione e fornendo quindi le conoscenze di base necessarie per l'applicazione di queste tecnologie. Le mutazioni potrebbero facilmente essere dirette verso caratteri legati alla sostenibilità delle colture ed alla qualità rendendole ad esempio resistenti a patogeni, resistenti a condizioni climatiche avverse (salinità, siccità, eccesso idrico, carenze nutrizionali, caldo, freddo) o adatte a diete più salutari. Inoltre, poiché mediante le NBTs l'unica mutazione indotta è quella che si desidera ottenere, tale processo può consentire anche di migliorare varietà locali o tipicità, mantenendone inalterate le caratteristiche e modificando in maniera puntiforme solo il gene di interesse come ad esempio geni per l'interazione ospite/parassita per una riduzione dell'uso di pesticidi.

EFFETTI DELLA SENTENZA DELLA CORTE DI GIUSTIZIA EUROPEA SUL BREEDING

La sentenza della Corte di Giustizia Europea del 25 Luglio 2018 "Case C-528/16 *Confederation Paysanne and Others*" è l'atto finale di un iter iniziato nei tribunali francesi da alcune associazioni ambientaliste approdato alla Corte Europea che, distaccandosi da una prima opinione dell'Avvocato Generale della Corte del gennaio 2018, ha sentenziato che:

- i prodotti ottenuti con le nuove tecniche di modifica dei genomi (NBTs) sono da considerare OGM così come definiti nell'art. 2 della Direttiva 2001/18;
- l'esenzione dei prodotti ottenuti mediante mutagenesi prevista dalla Direttiva si riferisce solamente a prodotti ottenuti con tecniche utilizzate convenzionalmente in varie applicazioni e con una lunga tradizione di sicurezza;
- gli Stati membri sono liberi di assoggettare i prodotti ottenuti attraverso metodi di mutagenesi convenzionali, nel rispetto del diritto dell'Unione, agli obblighi previsti dalla direttiva 2001/18 o ad altri obblighi.

La sentenza della Corte di Giustizia Europea ha però

conseguenze che Assosementi, così come l'associazione Europea delle ditte sementiere Euroseeds, considera inaccettabili per la filiera agroalimentare, i consumatori e l'ambiente.

Nello specifico le principali problematiche risultano essere legate a:

– Tracciabilità

Alcuni prodotti ottenuti mediante l'applicazione delle NBTs sono caratterizzati da modifiche indistinguibili da quelle spontanee o indotte con agenti chimici e fisici come ribadito anche dallo studio pubblicato dal Network di laboratori Europei che si occupano di analisi OGM. Questo fa sì che qualora un prodotto ottenuto mediante NBTs entra nel mercato risulta difficile se non impossibile dimostrare che la modifica derivi da editing. Di fatto questo rende impossibile la coesistenza e la corretta applicazione di quanto disposto dalla Direttiva 2001/18 e dalla direttiva 2015/412 del 1° ottobre 2015 che vieta la coltivazione in tutto il territorio italiano degli OGM autorizzati a livello Europeo. Nella situazione attuale, invece, due piante geneticamente identiche e indistinguibili, ma ottenute tramite mutagenesi convenzionale l'una e NBTs l'altra, risultano regolamentate diversamente.

– Commercio internazionale

Attualmente in diversi paesi (Australia, Nuova Zelanda, Stati Uniti, Canada, Brasile, Argentina, Cile, Colombia, Cina) la registrazione delle nuove varietà ottenute con tecniche NBTs viene autorizzata caso per caso e si basa sulle caratteristiche del prodotto finale e non sulle tecniche genetiche utilizzate per ottenerlo. Poiché è impossibile distinguere varietà NBTs da mutanti naturali e indotti ne consegue che il commercio di sementi con tali paesi risulterebbe particolarmente difficile soprattutto in termini di rispetto dei controlli per la presenza accidentale risultando per altro in conflitto con il principio di proporzionalità e non discriminazione. In questo scenario è prevedibile anche una consistente diminuzione della quantità di materie prime importate da Paesi Terzi, di cui l'Unione Europea e l'Italia, in particolare, si approvvigionano.

– Svantaggio competitivo

Il fatto che i prodotti ottenuti mediante tecniche NBTs ricadano all'interno della Direttiva 2001/18 non ne vieta la commercializzazione ma impone complessi procedimenti per la valutazione dei rischi da parte di EFSA e della Commissione Europea rendendo l'iter troppo lungo e costoso sia per la ricerca pubblica che per le piccole medie imprese. Questo inoltre potrebbe limitarne l'applicazione solo a caratteri che ne garantiscano il ritorno economico quali ad esempio le classiche resistenze ad erbicidi o comunque limitarne l'utilizzo per colture minori. L'attuale situazione prevede inoltre che non sia consentita neppure la coltivazione per scopi sperimentali spingendo molte industrie, soprattutto multinazionali, a spostare la ricerca in paesi con legislazioni più favorevoli. Inoltre, la ricerca per nuove varietà vegetali più adatte a condizioni ambientali particolari, tipiche dei nostri areali o per resistenze a patogeni che rivestono importanza in Italia ed Europa rischia di essere marginale mentre i risultati ottenuti da molti progetti di ricerca anche pubblici relativi alla funzione ed alla sequenza di molti geni saranno "regalati" a chi deciderà di utilizzare queste tecniche. Per garantire la competitività dell'agricoltura italiana ed europea sarebbe invece estremamente importante e strategico poter

utilizzare i metodi di miglioramento genetico più avanzato che garantiscano un progresso il più veloce e preciso possibile. L'attuale regolamentazione priva invece gli agricoltori Italiani ed Europei delle opportunità fornite da prodotti ottenuti attraverso le più moderne tecniche di breeding.

POSIZIONE DI ASSOSEMENTI

Se le piante ottenute attraverso i più recenti metodi di breeding rimarranno, senza distinzione, soggette alla Direttiva 2001/18, gli obiettivi di sostenibilità dell'agricoltura italiana ed Europea saranno a rischio poiché:

- gli elevati costi ed i complessi processi di approvazione impedirebbero alla maggior parte delle aziende di utilizzare questi metodi, diminuendo quindi la loro competitività e rendendo di conseguenza il settore meno diversificato;
- il complesso e costoso sistema impedirebbe di applicare questi metodi a mercati di nicchia o caratteristiche minori;
- gli elevati costi e l'incertezza normativa spingerebbero molte società ma anche le eccellenze scientifiche sia a livello pubblico che privato a spostarsi al di fuori del panorama Europeo;
- gli investimenti per innovazioni legate al breeding in Europa ed in Italia diminuirebbero notevolmente regalando un vantaggio competitivo alle aziende sementiere estere;
- il portafoglio di prodotti sviluppati per il mercato italiano ed europeo sarebbe ridotto il che significherebbe meno prodotti sviluppati per le esigenze degli agricoltori e dei consumatori Italiani ed europei.

Riteniamo che le piante ottenute con i recenti metodi di breeding non debbano essere soffocate da un eccesso di

regolamentazione. Questa posizione è sostenuta anche dalla comunità scientifica, dal gruppo di consulenza scientifica della Commissione Europea, dall'associazione Europea delle ditte sementiere, nonché risulta essere la posizione maggiormente adottata a livello globale. Questo consentirebbe inoltre di evitare che due prodotti analoghi e indistinguibili possano essere regolamentati in modo diverso. La decisione della Corte di Giustizia rende quindi urgente una revisione della direttiva 2001/18.

Assosementi:

- Auspica che le varietà ottenute attraverso l'utilizzo dei recenti metodi di breeding non vengano assoggettate a diversa o ulteriore regolamentazione qualora sia possibile ottenerle anche attraverso altri metodi di breeding o tramite processi naturali senza l'intervento dell'uomo
- Sollecita l'introduzione di un quadro normativo chiaro che consenta agli operatori che si occupano di breeding di essere innovativi e proiettati verso un'agricoltura sempre più sostenibile;
- Ritiene che ogni valutazione sui nuovi metodi debba essere fatta caso per caso e debba basarsi su elementi scientifici e non emozionali.

Inoltre, Assosementi auspica che la regolamentazione delle varietà vegetali ottenute mediante NBTs e la valutazione dei rischi per la salute e per l'ambiente sia fatta sulla base del carattere modificato e non sulla tecnica utilizzata per la modifica. Considerando anche la velocità con cui le tecnologie risultano disponibili sul mercato, un'analisi del prodotto consentirebbe inoltre di evitare un costante adeguamento della normativa.

