

Analisi Genetiche

Metodo

L'analisi molecolare è stata eseguita mediante tecnica GBS e identificazione di marcatori SNP (Single Nucleotide Polymorphism). L'analisi ha restituito un numero iniziale di 1.079.313 varianti SNP che sono state filtrate e ridotte a 91,082 SNPs utilizzati per le successive analisi bioinformatiche.

Risultato

Nell'ambito del progetto MONTEZUMA sono state eseguite delle indagini genetiche tra alcune popolazioni di fagiolo coccineo coltivate in Lombardia per evidenziare la presenza di struttura e distinguibilità genetica, vale a dire una separazione legata alle caratteristiche del DNA e dell'areale di coltivazione. Le popolazioni analizzate sono così denominate Fagiolo della Valvestino, Fagiolo della Valmalenco, Fagiolo della Valchiavenna, Fagiolo diavolo dell'Oltrepò pavese e Copafam della Valcamonica, e come possibili confronti sono state utilizzate due popolazioni di fagiolo coccineo reperite a Ponte Caffaro e denominate nel nostro studio: Fagiolo di Storo e Diavoli del Caffaro. Per ogni popolazione sono stati considerati più individui, per un totale di 180 individui analizzati. Da ciascuna pianta delle diverse accessioni studiate è stato prelevato un piccolo campione di foglia da cui è stato estratto il DNA analizzato mediante GBS (Genotyping By Sequencing). I marcatori SNP ottenuti dall'analisi sono stati utilizzati per investigare la genetica delle popolazioni analizzate mediante analisi tra cui l'analisi di admixture.

L'analisi di admixture permette di individuare il numero di background genetici ancestrali che si presume siano presenti nella collezione dando anche una spiegazione evolutiva delle popolazioni oggetto di studio. Elemento centrale di questa analisi è un parametro, indicato con la lettera K, che rappresenta il numero di gruppi genetici distinti che si presume siano presenti nella collezione in esame. Ciascun individuo è rappresentato come una barra colorata a seconda della percentuale di ciascun K all'interno del genoma individuale.

Le analisi di admixture hanno evidenziato un certo livello di commistione tra le popolazioni lombarde analizzate, probabilmente conseguenti il sistema di impollinazione e potenziali scambi di materiale avvenuti nel passato. Nonostante questo, ogni varietà analizzata, incluso il Fagiolo della Valvestino (evidenziato nell'immagine da un riquadro blu), è caratterizzato da un background genetico prevalente e specifico che ne permette il riconoscimento aprendo la possibilità all'individuazione di

marcatori SNP varietà-specifici. Questa situazione può essere vista anche nell’ottica della coltivazione dei fagioli coccinei negli ultimi decenni. Infatti, le zone di montagna si sono spopolate e le coltivazioni drasticamente ridotte aumentando, di fatto, l’isolamento riproduttivo delle diverse popolazioni a favore di una maggiore differenziazione tra le stesse. Una separazione tra le diverse popolazioni è evidenziabile anche mediante albero filogenetico.

