



ACCADEMIA DEI GEORGOFILII

OSA-NEWS

Osservatorio Scientifico per l'Agricoltura

Aprile - 2025

PIANTE COLTIVATE ERBACEE E ARBOREE (fisiologia, genetica, biotecnologia)

[CRISPR/Cas9-based editing of NF-YC4 promoters yields high-protein rice and soybean](#)
New Phytologist (2025) 245: 2103–2116

Una dieta equilibrata dovrebbe avere -come viene definito dagli autori- un supporto calorico di circa 10-35% da proteine, 45-60% da carboidrati e 20-35% da grassi; nonostante ciò, la popolazione mondiale tende a consumare, per necessità o scelta, un eccesso di carboidrati con relativo incremento di malattie cardiache o cardiovascolari, oltre al diabete. Per questo motivo un incremento nel contenuto proteico delle sementi di graminacee e anche di legumi, fonte principale di proteine vegetali, è fondamentale per avere un impatto importante su tutte le tipologie di diete. In questo lavoro gli autori hanno dimostrato come il controllo di un fattore di trascrizione, detto NF-YC4, sia nella versione graminacee (mais) nonché leguminose (soia) e crucifere (*Arabidopsis*) dia risultati interessanti quando sovra-espresso in piante transgeniche; successivamente, tramite la nuova tecnologia mutagenizzante CRISPR/Cas9 usata in piante di riso e soia, si sono ottenute piante transgene-free con incrementato accumulo di proteine sia in foglie che nei semi. In realtà l'approccio innovativo utilizzato dagli autori verte non sulla mutazione di un fattore di trascrizione in via diretta bensì della zona promotrice della sua trascrizione, eliminando elementi cis-genici fondamentali per il legame sul suo promotore dei repressori di tipo WRKYs e RAVs rispettivamente in riso e soia, così impedendone o riducendone la regolazione negativa e facilitando percorsi (pathways) di produzione proteica a scapito dell'accumulo di amido, sia in foglia (prevalente) che in seme, in minore quantità. L'approccio mutagenizzante è indubbiamente innovativo, in quanto si è cercato fino ad ora di mutare regioni codificanti limitando l'azione di proteine spegnendone o riducendone la capacità di azione. Non ci sono molti dati invece sull'azione su elementi di legame cis-su promotori limitando l'azione di repressori della regolazione genica. L'effetto maggiore (50-60%) su foglia che su seme (rispettivamente del 17% su riso e 11% su soia) non inganni poiché il risultato è a tutti gli effetti molto impattante sulle potenzialità nutrizionali dei semi con un incremento del genere. La specificità dell'espressione del gene NF-YC4 in foglia piuttosto che nel seme induce a pensare ad un effetto sulla produzione di molecole azotate nella foglia e sul trasporto di tali molecole dalla foglia al seme, piuttosto che a un incremento di produzione di proteine nel seme. Tuttavia, la possibilità di eliminare la presenza di CRISPR/Cas9 con autofecondazione di linee pure di riso e soia, selezionando piante T1 e T2 prive di CRISPR/Cas9 nel genoma ma mutagenizzate, produce nuove varietà arricchite in contenuto proteico nel seme trasgene-free, eliminando la diatriba correlata agli OGM in Italia e in Europa.

Shifts in plant architecture drive species-specific responses to drought in a Sorghum recombinant inbred line population

Plant Biology: 27 (2025) 125–133

Lo stress da siccità ostacola gravemente la crescita, lo sviluppo e la resa delle piante. Pertanto, è fondamentale scoprire i meccanismi genetici alla base della resistenza alla siccità per garantire la futura sicurezza alimentare. Per identificare i controlli genetici di queste risposte nel sorgo, una coltura di cereali importante dal punto di vista agricolo ed economico, è stata creata una popolazione di linee interspecifiche (RIL) incrociando una linea domestica di *Sorghum bicolor* (TX7000) con il suo parente selvatico, *Sorghum propinquum*. Questa popolazione RIL è stata valutata in condizioni di siccità, consentendo l'identificazione di loci di tratti quantitativi (QTL) che contribuiscono alla resistenza alla siccità. Sono stati rilevati otto QTL, nella popolazione allevata in condizioni di siccità, che spiegano una parte significativa della variazione osservata per quattro tratti (altezza, biomassa fuori terra, contenuto idrico relativo e temperatura/traspirazione delle foglie). Gli effetti allelici di questi QTL e i geni candidati al loro interno sottolineano: (1) l'influenza della domesticazione sui fenotipi sensibili alla siccità, come l'altezza e la biomassa fuori terra, e (2) come il controllo dell'assorbimento e/o della perdita di acqua possa essere guidato dall'architettura vegetale peculiare della specie. I risultati della ricerca fanno luce sui ruoli interconnessi delle risposte della parte aerea e delle radici nella resistenza alla siccità in relazione alla regolazione dell'assorbimento e/o della perdita di acqua, mentre gli effetti allelici rilevati dimostrano come il mantenimento della produzione di granella e della resa in condizioni di siccità sia un probabile risultato della tolleranza alla siccità derivata dalla domesticazione.

TYPHON proteins are RAB-dependent mediators of the trans-Golgi network secretory pathway

The Plant Cell, Volume 37, Issue 1, January 2025

La *trans*-Golgi network (TGN), in italiano "reticolo trans dell'apparato del Golgi" è un compartimento chiave per lo smistamento del complesso "carico" molecolare dell'apparato tramite vescicole endocitiche o trans-citiche e aggiunge gruppi solfato a carboidrati o alle tirosine proteiche. Nel traffico endomembrana, partecipa sia alla secrezione che all'endocitosi dalla membrana plasmatica. Di conseguenza, il TGN svolge un ruolo chiave nella crescita e nello sviluppo delle piante. Comprendere come le proteine vengono smistate per la secrezione o il riciclaggio endocitotico nel TGN è fondamentale per chiarire i meccanismi dello sviluppo delle piante. Il gruppo di ricercatori del Dipartimento di Genetica forestale e Fisiologia vegetale dell'Università Svedese di Scienze Agrarie di Umeå aveva precedentemente dimostrato che la proteina ECHIDNA è essenziale per il controllo fitormonale della curvatura dell'ipocotile perché media la secrezione dei componenti della parete cellulare e del trasportatore dell'afflusso di auxina AUXIN RESISTANT 1 (AUX1) dal TGN. Nonostante il ruolo fondamentale di ECHIDNA nel trasporto mediato dal TGN, la sua modalità di azione rimane sconosciuta in *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*). Si è perciò eseguito uno screening del soppressore sul mutante *ech* di *Arabidopsis* e, nella pubblicazione, viene riportata l'identificazione delle proteine TYPHON 1 (TPN1) e TPN2 localizzate nel TGN. Un singolo cambiamento di amminoacido in una delle due proteine TPN causa una soppressione dominante dei difetti del mutante *ech* nella crescita e nella secrezione di AUX1, ripristinando anche la curvatura dell'ipocotile simile agli effetti dell'etilene sul tipo selvatico (WT). È importante notare che le prove genetiche e di biologia cellulare mostrano che TPN1 agisce tramite RAS-ASSOCIATED BINDING H1b (RABH1b), una RAB-GTPasi localizzata nel TGN. Questi risultati forniscono informazioni sul traffico secretorio mediato da ECHIDNA della parete cellulare e dei trasportatori di auxina nel TGN, nonché sul suo ruolo nel controllo della crescita delle piante.

🔑 [A one-way ticket: Wheat roots do not functionally refill xylem emboli following rehydration](#)
Plant Physiology, Volume 196, Issue 4, December 2024

Comprendere la diffusione dell'embolia xilematica nelle radici è essenziale per prevedere la perdita di funzionalità nei sistemi radicali durante la siccità. Tuttavia, il periodo di permanenza dell'embolia radicale per il recupero delle piante dipende dalla capacità delle radici di riempire gli emboli xilematici e riprendere la funzionalità dopo la reidratazione. Utilizzando metodi di MicroCT (Tomografia micro-computerizzata) e colorazione ottica, il gruppo di ricerca australiano ha studiato il recupero dell'embolia nelle radici intatte reidratate di grano (*Triticum aestivum* L. 'Krichauff') esposte a un grave deficit idrico di -3,5 MPa, noto per causare circa il 30% di embolia totale della rete radicale in questa specie. Gli emboli nei vasi xilematici delle radici intatte sono rimasti chiaramente osservabili utilizzando MicroCT dopo la reidratazione notturna. Questo risultato è stato verificato dalla colorazione xilematica del sistema radicale e dalla quantificazione ottica degli emboli, entrambi indicanti una mancanza di recupero funzionale dello xilema radicale 60 ore dopo la risaturazione del suolo. L'assenza di riempimento dello xilema radicale nel grano ha implicazioni sostanziali sul modo in cui comprendiamo il recupero delle piante dopo la siccità. I risultati suggeriscono che l'embolia xilematica provoca danni irreversibili alla connessione idraulica suolo-radice nelle parti interessate della rete radicale.

🔑 [Applications of Artificial Intelligence and Machine Learning in Food Quality Control and Safety Assessment. Food Engineering Reviews](#)
Food Engineering Reviews 16(1), 1-21 (2024)

L'articolo analizza in modo approfondito il ruolo dell'intelligenza artificiale e dell'apprendimento meccanico (machine learning) nella gestione della qualità e nella valutazione della sicurezza alimentare, evidenziandone il potenziale rivoluzionario. Grazie a tecnologie come la visione computerizzata (computer vision) e il deep learning, l'intelligenza artificiale e il machine learning permettono l'identificazione dei difetti ed un loro controllo più preciso, così come una maggiore valutazione della coerenza nella produzione e un monitoraggio in tempo reale. Le tecniche di deep learning rappresentano anche dei metodi affidabili per l'individuazione di anomalie consentendo coerenza nella qualità dei lotti lungo la catena di produzione. Queste tecniche sono, inoltre, efficaci nel rilevare rapidamente microrganismi pericolosi, allergeni e contaminanti chimici, riducendo i rischi per la salute dei consumatori. L'articolo affronta anche le sfide che l'impiego di queste tecnologie comporta, come l'interpretabilità dei modelli, la qualità dei dati e la conformità normativa, la minimizzazione dei rischi e discute le prospettive che si aprono nella nutrizione personalizzata, il monitoraggio individuale e la collaborazione globale nel settore alimentare.

🔑 [Malus sieversii: a historical, genetic, and conservational perspective of the primary progenitor species of domesticated apples](#)
Horticulture Research 2025, 12

La melicoltura è uno dei comparti frutticoli più importanti a livello mondiale, il cui peso economico viene stimato in circa 73 miliardi di Euro. La produzione commerciale si basa su un ristretto numero di cultivar che costituiscono anche la base per il miglioramento genetico, ma la limitata diversità genetica e la specializzazione spinta rendono la coltura vulnerabile ad avversità climatiche, malattie e fitofagi. Le specie selvatiche sono una potenziale fonte di geni utili per il miglioramento genetico, ed in particolare

Malus sieversii, principale progenitore della specie coltivata, i cui frutti presentano molte similarità nelle dimensioni e colore con le mele attuali. Tuttavia, questa specie è a rischio di estinzione nelle foreste della catena montuosa del Tian Shan nell'odierno Kazakhstan di cui è originaria, per cui è importante proteggere questi ecosistemi al fine di preservare questa preziosa risorsa genetica. L'articolo di rassegna presenta in modo esaustivo il contesto storico e culturale in cui si è evoluta la specie *M. sieversii*, i benefici per i programmi di miglioramento genetico e le sfide da affrontare per proteggere le foreste di meli selvatici.

LOTTA AI PATOGENI

(biocontrollo)

 [RNA silencing is a key regulatory mechanism in the biocontrol fungus *Clonostachys rosea*-wheat interactions](#)

BMC Biology 22:219, 2024

Il silenziamento dell'RNA mediato da piccoli RNA (sRNA) sta emergendo come un fattore chiave nelle interazioni ospite-parassita. Tuttavia, il suo ruolo nelle interazioni fungo-pianta, rilevanti per il biocontrollo delle malattie delle piante, deve ancora essere chiarito. Questo studio ha avuto per oggetto la regolazione dell'espressione genica endogena e quella tra organismi appartenenti a regni diversi, mediata da Dicer (DCL; ribonucleasi) nel fungo di biocontrollo *Clonostachys rosea* e nelle radici di frumento durante le interazioni. Negli esperimenti condotti dai ricercatori svedesi, il ceppo $\Delta dcl2$ di *C. rosea* ha mostrato una colonizzazione delle radici significativamente più elevata rispetto al WT (tipo selvatico), mentre non sono state osservate differenze significative per i ceppi $\Delta dcl1$. Il doppio RNA-seq ha rivelato la sovraregolazione di CAZymes, trasportatori di membrana e geni codificanti effettori in *C. rosea*, mentre le radici del frumento hanno risposto con la sovraregolazione dei geni correlati allo stress e la sottoregolazione dei geni correlati alla crescita. L'espressione di molti di questi geni è stata sottoregolata nella pianta durante l'interazione con ceppi di delezione DCL, sottolineando l'influenza dei geni fungini DCL sulla risposta di difesa del frumento. Il sequenziamento sRNA ha identificato 18 miRNA del frumento suscettibile a *C. rosea* e tre sono stati previsti per colpire il gene della polichetide sintasi di *C. rosea* pks29. Due di questi miRNA (mir_17532_x1 e mir_12061_x13) sono penetrati in *C. rosea* dalle radici del frumento, come dimostrato con analisi di fluorescenza, e determinando la sottoespressione di pks29, mostrando un plausibile silenziamento dell'RNA, tra organismi appartenenti a regni diversi, di geni di *C. rosea* da parte dei miRNA del frumento.

Nella discussione dei risultati gli autori delineano alcuni approfondimenti sui meccanismi alla base dell'interazione tra funghi di biocontrollo e radici delle piante. Lo studio offre certamente evidenze importanti circa il ruolo della regolazione dell'espressione genica mediata da sRNA nelle interazioni di *C. rosea*-frumento e fornisce prove preliminari del silenziamento dell'RNA tra piante e funghi di biocontrollo, rappresentando uno dei primi risultati di relazione di questo tipo operante a livello di organismi inter-regno.

Senza dubbio questi risultati si inseriscono nel più generale quadro del contenimento della lotta antiparassitaria senza ricorrere all'uso delle sostanze chimiche che così tante apprensioni suscita tra i consumatori e anche in gran parte dei ricercatori.

SCIENZE ANIMALI

(zootecnia; nutrizione animale; miglioramento genetico)

🔵 [Evaluation of ruminal methane and ammonia formation and microbiota composition as affected by supplements based on mixtures of tannins and essential oils using Rusitec](#)

Journal of Animal Science and Biotechnology, 2024, 15-48

Gli integratori dietetici a base di estratti di tannini o oli essenziali (EOC) si sono rivelati una promettente strategia per ridurre l'impatto ambientale dell'allevamento di ruminanti. In particolare, questo aspetto è molto evidente nelle emissioni di gas-climalteranti come metano, anidride carbonica e protossido di azoto. In un precedente lavoro sono state identificate e selezionate le migliori miscele di integratori, capaci di mitigare la produzione, e quindi l'emissione, di metano e ammoniaca nel tratto gastro-intestinale dei ruminanti. Tra queste miscele, quella costituita da estratti di quebracho e un blend di oli essenziali composti da carvacrolo, timolo e eugenolo (Q-2) e quella costituita da estratto di castagno e un blend di oli essenziali di origano, timo e limonene (C-10) sono stati considerati nel presente lavoro. Nello specifico, l'effetto di questi integratori è stato valutato mediante simulazioni ruminali in vitro, basate sulla moderna tecnica nota come Rusitec. In questo lavoro, le due diete formulate con i due integratori sono state messe a confronto con una dieta priva di integratori (controllo negativo, NC) e con una dieta integrata con il supplemento commerciale Agolin® Ruminant (controllo positivo, PC). Le formulazioni sono state fermentate in liquido ruminale, che è stato analizzato a 5 e 10 giorni di incubazione per la determinazione di pH, ammoniaca, profilo dei protozoi e composizione dei gas prodotti. I residui degli alimenti sono stati raccolti per la determinazione della degradabilità ruminale. Al decimo giorno di incubazione, i campioni di liquido ruminale sono stati utilizzati per la caratterizzazione delle comunità di batteri, archea e funghi, mediante il sequenziamento delle subunità di ampliconi del 16S rRNA and 26S ribosomale. Riguardo alla durata del periodo di fermentazione, Q-2, C-10 e PC hanno mostrato un'identica efficienza nella mitigazione dell'ammoniaca (-37% per Q-2, -34% per PC) e del metano (-12% per C-10, -12% per PC). Il PC è stato responsabile di una minore degradabilità della razione e di un arricchimento di batteri e funghi, mentre le diete con Q-2 e C-10 hanno influito sulla diversità microbica, rispetto a NC. Tutti gli integratori hanno mostrato un potenziale di mitigazione per la formazione di metano e ammoniaca, però le differenze tra Q-2//C-10 e PC, indicano differenti meccanismi di azione. L'elevata defaunazione ruminale causata da PC suggerisce conseguenze sugli effetti mitiganti, spiegabile con un cambiamento nella degradabilità della fibra NDF, anche se ulteriori indagini devono essere fatte.

🔵 [Unraveling metabolic stress response in dairy cows: genetic control of plasma biomarkers throughout lactation and the transition period](#)

Journal of Dairy Science, 107, 2024

Il parto è un periodo critico per le bovine da latte, caratterizzato da importanti cambiamenti fisiologici e da stress metabolico. Quest'ultimo, soprattutto se non di rapida risoluzione, rappresenta una potenziale minaccia per il benessere animale e per la sostenibilità degli allevamenti da latte, comportando, per esempio, una diminuzione dell'ingestione di alimenti, alterazioni nella funzionalità epatica e una riduzione dell'immunocompetenza. Mitigare lo stress metabolico è possibile grazie ai moderni progressi nelle tecnologie di allevamento, management e alimentazione, che permettono di monitorare in tempo reale la salute e il comportamento degli animali e di intervenire tempestivamente quando sia necessario. Tuttavia, i cambiamenti climatici in corso stanno mettendo ulteriormente a dura

prova la salute degli animali e la sostenibilità degli allevamenti, richiedendo interventi a lungo termine. Una soluzione potrebbe essere quella di affiancare al corretto management animali geneticamente resilienti, capaci quindi di rispondere meglio allo stress metabolico o di riprendersi più velocemente da questo. Selezionare ed allevare animali in grado di rispondere efficacemente allo stress potrebbe essere una strategia a lungo termine, sostenibile e conveniente per migliorare la resilienza e il benessere dei sistemi zootecnici. Nello studio in oggetto, le concentrazioni ematiche di 29 biomarcatori sono state utilizzate come endofenotipi candidati per la risposta allo stress metabolico in un'analisi di associazione genomica (GWAS) basata su singoli SNP, geni e aptotipi. Lo studio ha coinvolto 739 bovine da latte di razza Holstein clinicamente sane e 88.271 varianti. Associazioni genetiche significative sono state trovate in tutti e tre gli approcci GWAS per la concentrazione plasmatica di γ -glutamyl transferasi sul cromosoma BTA17, per la paraoxonasi su BTA4 e per la fosfatasi alcalina e zinco su BTA2. Le loro concentrazioni sono informative principalmente riguardo a stress ossidativo (paraoxonasi e GGT), processo infiammatorio (paraoxonasi e zinco) e funzionalità epatica (GGT e alcalino-fosfatasi). Su questi cromosomi, sono stati eseguiti studi di associazione basati sul singolo SNP e sui geni, confermando i precedenti risultati. I segnali identificati per paraoxonasi, γ -glutamyl transferasi, e fosfatasi alcalina erano in prossimità dei geni codificanti per la loro sintesi. L'ereditarietà di questi quattro biomarcatori variava da moderata ad alta (da 0,39 a 0,54). I risultati hanno mostrato un controllo genetico significativo per paraoxonasi, gamma-glutamyl transferasi (GGT), alcalino-fosfatasi e zinco, sia in animali sani in lattazione medio-avanzata sia in animali in periparto (e dunque in stato di stress metabolico). I quattro biomarcatori, aventi ereditabilità medio-alta, risultano essere sotto il controllo di pochi geni con largo effetto, posizionati in una (nel caso di GGT e zinco) o due (per paraoxonasi e alcalino-fosfatasi) regioni genomiche ben definite. Inoltre, per GGT, paraoxonasi e alcalino-fosfatasi le regioni genomiche individuate comprendono il gene che codifica direttamente per la proteina biomarcatore. In conclusione, comprendere meglio il controllo genetico sottostante la risposta allo stress metabolico può suggerire nuovi approcci per favorire la resilienza delle vacche da latte.

Influence of microclimatic conditions on dairy production in an Automatic Milking System: Trends and Time-Series Mixer predictions

Computers and Electronics in Agriculture, 229, 2025

Lo stress da caldo, aggravato dai cambiamenti climatici, rappresenta una sfida significativa per l'industria lattiero-casearia. I progressi nell'Intelligenza Artificiale offrono strumenti per proiettare le condizioni future sulla base di dati storici, fornendo risorse cruciali per affrontare gli impatti dello stress da caldo. Il presente studio valuta e prevede l'impatto delle condizioni microclimatiche sulla produzione di latte delle vacche da latte, utilizzando dati raccolti da Sistemi di Mungitura Robotizzati. In un periodo di 6 anni e 7 mesi, sono state analizzate le relazioni temporali tra proteine del latte, grassi, produzione, temperatura e l'Indice di Temperatura-Umidità (THI). L'analisi di correlazione incrociata ha rivelato che, all'aumentare del THI, si verifica una diminuzione corrispondente del contenuto di proteine e grassi, con un ritardo di 5 giorni per le proteine. È stato introdotto l'uso innovativo del Time-Series Mixer (TSMixer), un algoritmo avanzato di deep learning, per prevedere l'evoluzione a lungo termine della produzione di latte e della sua qualità con alta risoluzione temporale. TSMixer ha previsto efficacemente la proteina, i grassi, la produzione di latte e la temperatura del latte giornaliera su un orizzonte temporale di due mesi con alta precisione (valori di R^2 di 0.83, 0.81 e 0.80). Ha superato i modelli di base, catturando comportamenti lineari e periodici semplici, dimostrando superiori capacità predittive, specialmente per le vacche primipare. TSMixer avanza le previsioni sulla produzione di latte offrendo previsioni giornaliere ad alta risoluzione sia per il rendimento che per la qualità del latte, a differenza dei modelli tipici di deep learning che si concentrano su previsioni a bassa risoluzione e a lungo termine.

Il suo utilizzo di reti neurali a più strati lo rende adatto per il deployment in tempo reale nei sistemi di mungitura robotizzata, aiutando gli agricoltori a prevedere le performance individuali delle vacche.

📄 [Caveolin 1 ameliorates nonesterified fatty acid-induced oxidative stress via the autophagy regulator beclin 1 in bovine mammary gland epithelial cells](#)

Journal of Dairy Science, 108, 928-942 (2025)

Le alte concentrazioni plasmatiche di acidi grassi non esterificati (NEFA) durante la chetosi aumentano l'assorbimento da parte della ghiandola mammaria e compromettono l'autofagia, causando stress ossidativo. La caveolina 1 (CAV1) è strettamente correlata all'autofagia e gioca un ruolo nella regolazione dello stress ossidativo. L'obiettivo di questo studio è stato esplorare il potenziale ruolo della CAV1 nello stress ossidativo e nell'autofagia in condizioni di alte concentrazioni di NEFA nella linea cellulare immortalizzata di epitelio mammario bovino (MAC-T). Sono state raccolte biopsie di tessuti della ghiandola mammaria e campioni di sangue da vacche sane (n = 15) e vacche clinicamente chetosiche (n = 15) della razza Frisona, a 3-10 giorni (media = 6) di lattazione. Rispetto alle vacche sane, le vacche chetosiche avevano una minore ingestione giornaliera di cibo (DMI), una minore produzione giornaliera di latte, e una minore glicemia sierica, con concentrazioni più elevate di NEFA e BHB sierici, accompagnate da un maggiore contenuto di grasso e da una minore concentrazione di proteine nel latte. Il malondialdeide (MDA) era maggiore, ma le attività della superossido dismutasi (SOD), della catalasi e della glutatione perossidasi erano inferiori nelle vacche con chetosi clinica. Nei tessuti mammari delle vacche con chetosi clinica è stata riscontrata una quantità inferiore delle proteine CAV1, beclin 1, del gene relativo all'autofagia 5 (ATG5) e della proteina legata ai microtubuli 1 catena leggera 3 (LC3), insieme ad una maggiore abbondanza proteica di sequestosoma-1 (SQSTM1, noto anche come p62). In vitro, le cellule MAC-T sono state trattate con 0, 0.6 e 1.2 mM di NEFA per 12 ore o trattate con 1.2 mM di NEFA per vari tempi (0, 0.5, 1, 2, 4, 8, 12 e 24 ore). Rispetto al gruppo con 0 mM di NEFA, le abbondanze proteiche di CAV1, beclin 1, ATG5 e LC3 erano maggiori nelle cellule MAC-T trattate con 0.6 mM di NEFA, ma inferiori nel gruppo trattato con 1.2 mM di NEFA. L'abbondanza proteica di p62 era inferiore con 0.6 mM di NEFA ma superiore con 1.2 mM di NEFA. In risposta all'aumento delle dosi di NEFA, l'abbondanza di mRNA di CAV1, la capacità antiossidante totale e l'attività di SOD diminuivano, mentre i livelli di specie reattive dell'ossigeno e il contenuto di MDA aumentavano. Le abbondanze proteiche di CAV1 e beclin 1 raggiungevano il picco a 0.5 ore, le abbondanze proteiche di ATG5 e LC3 raggiungevano il picco a 1 ora, e queste proteine iniziavano a diminuire ai tempi successivi del trattamento con NEFA, con effetti sia lineari che quadratici. L'abbondanza proteica di p62 diminuiva, raggiungendo il minimo a 4 ore in modo lineare e quadratico. Il silenziamento di CAV1 nelle cellule MAC-T aggravava la diminuzione dell'espressione di beclin 1 indotta da 1.2 mM di NEFA, comprometteva l'autofagia e aumentava lo stress ossidativo grave, mentre l'overespressione di CAV1 alleviava questi effetti. Il pretrattamento delle cellule MAC-T con RNA interferente per beclin 1 (si-beclin 1) e l'overespressione di CAV1, seguiti dal trattamento con 1.2 mM di NEFA, determinavano l'inversione dell'autofagia indotta da CAV1, aggravando così lo stress ossidativo. In generale, questi dati suggeriscono che CAV1 protegge le cellule epiteliali mammarie bovine dallo stress ossidativo indotto dai NEFA potenziando l'espressione di beclin 1 e attivando l'autofagia.

📄 [Multiple-trait genomic prediction for swine meat quality traits using gut microbiome features as a correlated trait](#)

Journal of Animal Breeding and Genetics, 142, 1-129 (2025)

Caratteri come la qualità e la composizione della carne stanno diventando sempre più importanti nella produzione moderna di carne suina; tuttavia, è difficile includerli nelle valutazioni genetiche a causa dei costi elevati per la fenotipizzazione. Combinare informazioni genomiche con selezione indiretta a tratti multipli utilizzando tratti indicatori più economici rappresenta un'alternativa per un miglioramento genetico continuo ed economico. Inoltre, le informazioni sul microbioma intestinale stanno diventando più accessibili da misurare grazie al sequenziamento mirato dell'rRNA, e le sue applicazioni nell'allevamento animale stanno acquisendo rilevanza. In questo studio, è stata esaminata l'utilità delle informazioni microbiche come tratto correlato nella selezione della qualità della carne nei suini. Questo studio ha incorporato dati fenotipici che comprendono mazzatura, colore, tenerezza, muscolo del lombo e profondità del grasso dorsale, insieme alla caratterizzazione del microbiota intestinale (rettale) attraverso il sequenziamento dell'rRNA 16S in tre distinti momenti della curva di crescita dell'animale. Per valutare l'utilità dell'uso delle informazioni genomiche dell'ospite e del microbiota intestinale nella selezione di tratti difficili da registrare in individui incrociati, sono stati impiegati stime del progresso genetico e convalida incrociata. I primi passaggi hanno coinvolto la stima dei componenti di varianza utilizzando modelli a tratti multipli su un dataset di addestramento, dove sono stati inclusi le 25 principali unità tassonomiche operative (OTU) associate a ciascun tratto di qualità della carne e momento temporale. Il secondo passo ha confrontato l'abilità predittiva dei modelli a tratti multipli che incorporano un numero diverso di OTU con i modelli a singolo tratto su un set di validazione. I risultati hanno dimostrato il vantaggio di includere informazioni genomiche per alcuni tratti, mentre in alcuni casi le informazioni sul microbioma intestinale si sono rivelate vantaggiose, in particolare per la marmorizzazione e il pH. Lo studio suggerisce ulteriori indagini sull'architettura genetica condivisa tra le caratteristiche microbiche e i tratti, considerando la natura compositiva e ad alta dimensione dei dati microbici. Questa ricerca propone un metodo semplice per migliorare i programmi di allevamento dei suini al fine di migliorare tratti difficili da registrare, come la qualità della carne, incorporando informazioni sul microbioma intestinale.

Queste segnalazioni bibliografiche sono state curate dagli accademici: Amedeo Alpi, Riccardo Gucci, Riccardo Velasco, Maria Lisa Clodoveo, Sabrina Sarrocco e Giuseppe Conte.