



ACCADEMIA DEI GEORGOFILI

OSA-NEWS

Osservatorio Scientifico per l'Agricoltura

Settembre - 2025

PIANTE COLTIVATE ERBACEE E ARBOREE

(fisiologia, genetica, biotecnologia)

👉 Using native and synthetic genes to disrupt inositol pyrophosphates and phosphate accumulation in plants

Plant Physiol., 197, Dicembre 2024

Gli inositolo pirofosfati sono molecole "segnaletiche" di organismi eucariotici recentemente identificati come regolatori chiave dell'omeostasi del fosfato nelle piante. Data l'importanza del fosfato nelle pratiche agronomiche gli Autori hanno cercato di ottenere piante in grado di sequestrare il fosfato e quindi in grado di poter essere utilizzate con successo nella fitodepurazione. Per raggiungere questo obiettivo è stato espresso nelle piante di *Arabidopsis thaliana* e di crescione (*Thlaspi arvense*) un enzima del lievito *Saccharomyces cerevisiae*, esattamente la diadenosina e difosfoinositolo polifosfato fosfoidrolasi (DDP1), in grado di idrolizzare gli inositolo pirofosfati. Il crescione (*Thlaspi arvense*), è una coltura primaverile con un'importanza emergente come coltura per biocarburanti. L'espressione di DDP1 in *Arabidopsis* ha ridotto gli inositolo pirofosfati e attivato geni marcatori della risposta alla carenza di fosfato, aumentando l'accumulo di fosfato. A questi cambiamenti sono corrisposte alterazioni nella crescita delle piante e alla sensibilità al fosfato loro somministrato. Le piante di crescione esprimenti DDP1 hanno mostrato un aumento dell'accumulo di fosfato, suggerendo che queste piante potrebbero potenzialmente contribuire al recupero del fosfato da suoli inquinati da fosfati. È stato anche identificato un gene nativo di *Arabidopsis*, nucleoside diphosphate-linked moiety X 13 (NUDIX13), che codifica per un enzima omologo di DDP1 con una specificità di substrato simile. Le piante transgeniche di *Arabidopsis* che sovraesprimono NUDIX13 presentavano livelli di inositolo pirofosfato inferiori e mostravano fenotipi simili alle piante transgeniche che sovraesprimono DDP1, mentre i mutanti nudix13-1 presentavano livelli aumentati di inositolo pirofosfato. Nel complesso, i dati dimostrano che DDP1 e NUDIX13 possono essere utilizzati in strategie per regolare i livelli di inositolo pirofosfato nelle piante e potrebbero fungere da utili strumenti per la progettazione di piante che consentano il recupero del fosfato da ambienti inquinati.

👉 C4 plants respond to phosphate starvation differently than C3 plants

Plant Physiol., (2025) 198

Dopo 71 anni dalla definizione del percorso di assimilazione del carbonio nelle specie C3, comunemente noto come ciclo di Calvin-Benson che valse il premio Nobel per la Chimica a Melvin Calvin nel 1961,

e a quasi 60 anni dalla scoperta del meccanismo di fissazione della CO₂ nelle specie C4 da parte di Hatch e Slack, la biochimica della fotosintesi presenta ancora numerosi punti irrisolti. Il presente lavoro affronta il tema dell'utilizzazione del fosfato e delle risposte alla carenza di tale ione in specie C3 e C4, confrontando 4 specie appartenenti a 2 generi: *Flaveria* (*F. bidentis* e *F. robusta*) dicotiledoni, e *Panicum* (*P. miliaceum* e *P. bisulcatum*) monocotiledoni. Entrambi i generi *Flaveria* e *Panicum* comprendono specie con meccanismo C3 (*F. robusta*, *P. miliaceum*), C4 (*F. bidentis*, *P. bisulcatum*) oltre a diverse altre con meccanismo intermedio C3-C4, per cui si prestano benissimo come modelli per studiare le modificazioni metaboliche insorte durante l'evoluzione dal meccanismo C3 a quello C4. Le specie coltivate C4 di solito hanno una maggiore produttività di quelle C3, ma la nutrizione minerale e l'assorbimento del fosfato possono giocare un ruolo chiave nel risultato produttivo.

La specie *F. bidentis*, dicotiledone con meccanismo C4, presenta un accumulo di fosfato dalle radici al germoglio e maggiore traslocazione verso la chioma probabilmente a causa della maggiore richiesta di tale ione nelle foglie con meccanismo C4. La disponibilità di fosfato è risultata limitante per la fotosintesi solo per *F. bidentis*, che mostra quindi una più elevata sensibilità alla fame fosfatica delle altre specie, ma tale risultato è emerso solo nella zona piatta delle curve di risposta alla CO₂ mentre l'efficienza di carbossilazione è rimasta invariata in condizioni di carenza fosfatica. La carenza di fosfato ha indotto l'espressione di geni chiave coinvolti nell'utilizzazione di tale ione in tutte le 4 specie, mentre l'elevata induzione di microRNA399 abbinata alla repressione del gene PHOSPHATE2 è stata particolarmente rilevante nella monocotiledone C4. In tale specie l'elevato livello di induzione di microRNA399 sembra responsabile per il suo migliore adattamento alla carenza fosfatica rispetto alla dicotiledone C4. Sembra che nelle monocotiledoni il meccanismo fotosintetico C4 aumenti il fabbisogno di fosfato nella foglia e che le specie C4 lo rispondono in maniera da compensare tale carenza o subiscono una certa inibizione della fotosintesi. Tuttavia, in tali specie C4 l'assorbimento di fosfato rimane inalterato anche in condizioni di carenza, mentre risulta maggiore in specie C3 rispetto alle piante di controllo non carenti. Dal punto di vista metabolico gli zuccheri diminuiscono nel genere *Flaveria*, ma aumentano nel genere *Panicum* se la concentrazione di fosfato diventa limitante, e le chiare differenze nella concentrazione di altri metaboliti (primari, amido e geni coinvolti nella sintesi lipidica) sono attribuibili alle specie piuttosto che al meccanismo fotosintetico. In definitiva, le specie C4 sembrano avere un maggior fabbisogno di fosfato e fosforo nel germoglio e tale carattere potrebbe dipendere dalla maggiore richiesta per i processi di trasporto nella foglia C4. Dal punto di vista agronomico intervenire sulla nutrizione fosfatica e conoscere la sensibilità delle diverse specie coltivate può prevenire situazioni limitanti per la produttività.

◀ Membranous translation platforms in the chloroplast of *Chlamydomonas reinhardtii* *Plant Physiol.*, 197, 4, 2025.

I cloroplasti hanno una complessa struttura molecolare che comporta l'assemblaggio anche di circa 3000 diverse specie di proteine utili non solo per la biogenesi dell'organello, ma anche l'omeostasi proteica e per le funzioni specifiche di tali organelli. Gran parte delle proteine plastidiali è codificata dal genoma nucleare, sintetizzata dai ribosomi 80S citosolici e infine trasportata nel cloroplasto attraverso la doppia membrana organellare. Altre proteine del cloroplasto sono codificate dal genoma dell'organello e sintetizzate dai ribosomi plastidiali 70S di tipo batterico. A queste ultime appartengono le subunità polipeptidiche di membrana dei complessi di trasporto degli elettroni fotosintetici e dell'ATP sintasi, che sono incorporate nelle membrane delle vescicole tilacoidali all'interno dello stroma del cloroplasto. Sebbene sia opinione diffusa indicherebbero altre piattaforme per la traduzione, individuate nei cianobatteri. Anche all'interno del cloroplasto dell'alga unicellulare *Chlamydomonas reinhardtii* esiste

una "zona di traduzione" (zona T), specializzata per la sintesi e l'assemblaggio delle unità del fotosistema e della clorofilla ed è localizzata in modo diverso rispetto alla membrana tilacoidale nel cloroplasto. Le membrane interessate sono state individuate nella zona T, e indicate con il nome di "membrana a bassa densità" (LDM) e "membrana di traduzione dei cloroplasti" (CTM). Tali membrane sono non-canonicali e si localizzano in altra area del cloroplasto. I risultati, ottenuti dagli esperimenti riferiti, sono coerenti con un ruolo della LDM nelle fasi preliminari della traduzione e della CTM per il completamento della traduzione. Gli Autori, sulla base dei precedenti risultati, propongono un modello di biogenesi del complesso fotosintetico coerente con una "catena di montaggio" spaziotemporale che coinvolge LDM e CTM in una sequenza di eventi che avrebbe come punto di arrivo la costituzione della membrana tilacoidale.

👉 The UV-B photoreceptor UVR8 interacts with the LOX1 enzyme to promote stomatal closure through the LOX-derived oxylipin pathway

The Plant Cell, 37, April 2025

Le piante, mediante vari fotorecettori, percepiscono più aspetti dello stimolo luminoso quali la quantità, qualità, durata e direzione del medesimo, modificando il loro sviluppo durante tutto il ciclo vitale. I fotorecettori della luce rossa/rosso lontana sono i fitocromi, mentre i criptocromi, le fototropine e le ZEITLUPE sono i fotorecettori per la luce blu/ultravioletta-A. Il fotorecettore per la luce ultravioletta-B (da 280 a 315 nm) è UV RESISTANCE LOCUS 8 (UVR8) che risulta evolutivamente conservato tra le specie vegetali. A differenza degli altri tipi di fotorecettori, che percepiscono il particolare settore di lunghezze d'onda luminose tramite specifici cromofori legati covalentemente, UVR8 intercetta la luce UV-B tramite le proprie molecole di triptofano.

La luce ultravioletta-B induce la chiusura degli stomi e quindi necessita del fotorecettore UVR8, ma anche dell'ossido nitrico (NO). Rimangono comunque molte incertezze circa la completa pathway di segnalazione; è stata questa la motivazione della sperimentazione che è stata condotta usando piante di *Arabidopsis thaliana*. La luce UV-B induce l'espressione di *LIPOXYGENASE 1 (LOX1)* che catabolizza gli acidi linoleico e α -linolenico producendo derivati della ossilipina. La fotoattivazione di UVR8 interagisce con LOX1 aumentando la sua attività. La distruzione dei siti di contatto tra UVR8-LOX1 previene l'aumento dell'attività di LOX1 determinata da UVR8 e compromette la chiusura stomatica a seguito della esposizione agli UV-B.

Complessivamente i risultati di queste ricerche hanno condotto alla scoperta di un modulo di segnalazione UV-B che possiamo definire non-canonicali, costituito dal fotorecettore UVR8 e dalla lipossigenasi citoplasmatica in grado di mediare le risposte stomatiche alla luce UV-B.

👉 Mechanisms of plant acclimation to multiple abiotic stresses

Communications Biology, 8, 655, 2025

L'aumento delle temperature globali e dell'incidenza di eventi meteorologici estremi legati al cambiamento climatico pongono serie sfide alla sicurezza alimentare. Secondo un recente rapporto pubblicato dall'Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC), gli stress abiotici, associati agli eventi climatici estremi, come ondate di calore, siccità, inondazioni e tempeste, causano sempre più ingenti perdite dei raccolti. Per migliorare la resilienza delle colture a modelli meteorologici irregolari, è essenziale una comprensione completa delle risposte delle piante allo stress e dei meccanismi di acclimatazione.

Le attuali conoscenze in questo settore si basano principalmente su studi sperimentali che utilizzano piante esposte a singoli stress. Tuttavia le piante in campo, raramente subiscono stress abiotici isolati. Ad esempio, caldo e siccità si verificano spesso simultaneamente e gli episodi di siccità e inondazione si verificano frequentemente in sequenza. Gli stress abiotici concomitanti spesso causano effetti distinti sulle piante rispetto agli stress individuali. Una recente meta-analisi, che ha valutato oltre 120 pubblicazioni concernenti le risposte delle colture allo stress combinato da calore e siccità, ha rivelato che lo stress combinato ha causato in media il doppio della diminuzione della resa (rispetto al controllo) se confrontato con l'esposizione al solo stress da calore. L'ultimo decennio ha visto notevoli progressi nella nostra comprensione della resilienza delle piante ai multi-stress. Questi stress hanno sottolineato l'importanza di replicare le combinazioni di stress che si verificano in campo e hanno rivelato come le risposte di acclimatazione siano governate da reti molecolari altamente coordinate e complesse, soprattutto quando coesistono più fattori di stress. In questo articolo viene fornita innanzitutto una breve sintesi delle attuali conoscenze sulle risposte delle piante a singoli stress abiotici, con particolari attenzioni alle temperature estreme e alle precipitazioni (inondazioni e siccità), seguita da una panoramica completa delle recenti scoperte che contribuiscono ad una comprensione meccanicistica su come le piante si acclimatano agli stress combinati. Infine, vengono discusse le sfide future e si propongono prospettive per la ricerca sulle risposte multi-stress nelle piante. La ricerca futura dovrebbe inoltre concentrarsi su come gli stress combinati influenzino la produttività in diverse specie vegetali, comprese le colture agronomicamente rilevanti. Siccome le risposte delle piante agli stimoli ambientali si verificano in modo dose-dipendente, le modalità di acclimatazione per stress abiotici di gravità più lieve potrebbero differire da quelle in condizioni più severe. Comunque l'identificazione di geni ortologhi, che condividono la funzionalità e un antenato comune, è spesso considerata un primo passo per il trasferimento di conoscenze dalle specie modello alle colture. Tramite la combinazione con tecniche di editing genomico si spera di ottenere colture agricole moderne dotate di una ampia resilienza a molteplici stress combinati.

Versatile application of CRISPR-based programmable T-DNA integration in plants *Plant Biotechnol J.* 2025

Il forte interesse che suscita questo articolo è fondamentalmente dovuto alla dimostrazione che risolve uno dei problemi più cruciali limitanti l'uso della biotecnologia vegetale tramite *Agrobacterium tumefaciens*. Pur considerato uno strumento straordinario per la capacità di trasferire DNA in numerosissime specie è purtroppo limitato nell'uso per vari difetti, tra i quali l'inserzione casuale del T-DNA nell'ospite che lo riceve. Sfruttando le potenzialità della nucleasi Cas9, scoperta che ha portato al Nobel le scienziate Doudna e Charpentier, gli autori hanno dimostrato l'enzima fondante lo strumento CRISPR/Cas per il genoma editing, incrementa enormemente la capacità di trasferire il T-DNA dall'Agrobatterio alla pianta ospite in maniera sito specifica. L'esperimento, quasi interamente eseguito in *Arabidopsis*, è stato ripetuto con successo almeno con uno dei costrutti usati nella crucifera anche in riso. Sostanzialmente, partendo da un costrutto complesso che voleva dimostrare come un peptide di 53 aminoacidi identificato quale adattatore fuso con la sequenza del gene VirD2 di Agrobatterio essenziale nell'integrazione del T-DNA, gli autori hanno rilevato come l'intera proteina Cas9 accoppiata alla sua sequenza target, trasferite precedentemente nella pianta ospite, favoriscano ancora di più la "precision target" del T-DNA da parte di VirD2. L'esperimento che ha avuto successo con tre tipologie di costrutti ha funzionato per una equiparazione eseguita per la prima volta indirizzando la Cas9: (a) interrompendo un gene quindi "silenzandolo" con la Cas9 a seguito del doppio break nel DNA (Double Sequence Break, DSB), (b) inserendo una sostituzione allelica nel DSB o (c) una sostituzione con una versione mutata, il tutto nello stesso background genetico, ovvero nessuna altra differenza tra i genomi dei tre

individui comparati a parte questa. Successivamente è stato silenziato con successo un gene con inserimento mirato in un esone (AGAMOUS) di un altro gene sovraespresso (RUBY) in grado di sovraesprimere il gene inserito. Infine, è stato inserito in maniera mirata il promotore 35S CaMV per sovraesprimere un gene target, con successo in tutti e tre gli esperimenti. Il sistema, battezzato CRISTTIN ovvero “CRISPR-aided Target T-DNA INsertion”, apre a nuove prospettive nell’utilizzo del T-DNA transfer in pianta poiché uno dei maggiori limiti del sistema Agrobatterio era proprio l’inserzione casuale e non controllata del T-DNA, superabile oggi con questo sistema. Un’ultima nota rilevante la merita la prospettiva di ridefinizione di TEA (Tecnologie di Evoluzione Assistita) che nella definizione di NGT2 prevede l’inclusione per trasferimento di T-DNA all’interno di sequenze codificanti in questa categoria, declassandola da NGT1 a NGT2 (quindi OGM), ogni qualvolta che il T-DNA si inserisce casualmente in una sequenza codificante del genoma ospite. Con questa tecnologia tutto ciò diventa irrilevante poiché il trasferimento del T-DNA diventa specifico e mirato, quindi recuperando molti risultati oggi NGT2 elevandoli con buona probabilità a NGT1, evitando l’inserimento casuale in sequenze codificanti.

👉 CRISPR/Cas9-mediated knockouts of the *ALG3* and *GNTI* in *N. benthamiana* and their application to pharmaceutical production

Plant Biotech J, 2025

L’elevato potenziale delle piante quali sistemi di produzione altamente efficaci ed economici per produrre bio-farmaci è noto da tempo e già stato utilizzato con successo. La scoperta del sistema CRISPR/Cas9 ha incrementato le opportunità per precisione ed efficienza del sistema mutato. Inoltre, la possibilità di “spegner” funzioni di geni della pianta “bio-factory” risulta ancora maggiore dell’inserimento di geni esogeni per la produzione di molecole innovative o anticorpi mono o policlonali efficaci. Uno dei limiti delle proteine prodotte in pianta è dato dalla presenza di epitopi N-glicosilati tipici del mondo vegetale che spesso sono causa di reazioni di risposta del sistema immunitario umano che li neutralizza rendendo inefficace/inutilizzabile la molecola prodotta in pianta dall’uomo. Per rendere più “umano-compatibili” molecole proteiche senza tipici epitopi vegetali, come lo beta1,2-xylosio o l’alfa1,3-fucosio, ed arricchendole di una omogenea N-glicolizzazione ad es. con mannosio (M3 o M5) sono stati scelti due geni da mutare *ALG3* e *GNTI* per i ruoli dimostrati rispettivamente nelle glicolazioni nel Reticolo Endoplasmatico o nell’apparato del Golgi. Il sistema vegetale scelto è la *N. benthamiana* sia per l’efficace sistema produttivo che per la presenza di un solo gene funzionale per entrambi i geni scelti nonostante allotetraploidia. In particolare, si sono prodotti mutanti *alg3* e *gntI* e doppi mutanti *alg3/gntI* che hanno dato risultati confortanti, pur diversi, oltre a chiarire aspetti di fisiologia cellulare nella maturazione di proteine N-glicosilate con prevalenza di molecole di mannosio, con percentuali elevatissime. Mutanti delle tre tipologie sono stati testati con espressione in via transiente di due tipologie di molecole, Varililumab (anticorpo anti-CD27) e beta-glucocerebrosidase (GCase). I risultati sono stati distinti per le due biofarmacomolecole. Nel caso del Varililumab *alg3* ed il doppio mutante hanno dato scarsità di N-glicolazione, il mutante *gntI* rivela completa assenza di epitopi vegetali. Mentre il mutante *alg3* o il doppio mutante producono essenzialmente epitopi con tre molecole di mannosio (M3) il mutante *gntI* produce proteine N-glicosilate con elevate quantità di catene con 5 molecole di mannosio in tutte e 4 le posizioni attese. Tuttavia, numerosi difetti nella crescita e sviluppo della pianta non consentono di proporre *alg3* ed il doppio mutante per la produzione di questo biofarmaco. Nel caso del GCase i risultati sono stati decisamente più promettenti, data la piena N-glicolizzazione con molecole di mannosio, in particolare per la produzione di enzimi lisosomali e relative terapie, o produzione di proteine farmaceutiche che richiedono mannosoglicani

FUNGHI E AMBIENTE

👉 FungAMR: a comprehensive database for investigating fungal mutations associated with antimicrobial resistance

Nature Microbiology (2025)

La resistenza agli antimicrobici (AMR) è un problema globale sempre più serio, e non riguarda solo i batteri: anche i funghi stanno diventando più difficili da combattere. Per usare al meglio i farmaci antifungini che abbiamo a disposizione, servono strumenti rapidi e affidabili per individuare e monitorare le mutazioni che rendono i funghi resistenti.

Per questo è nato FungAMR, un archivio che raccoglie e organizza in modo accurato i dati provenienti da 501 studi scientifici sulle mutazioni legate alla resistenza nei funghi pericolosi sia per la salute umana sia per l'agricoltura. In totale, il database conta oltre 35.000 voci, che coprono 208 farmaci, 246 geni e 95 specie fungine. Ogni voce contiene informazioni su quale gene è coinvolto, quale mutazione è presente e come questa influenza sulla sensibilità al farmaco, con un punteggio che indica quanto sono solide le prove scientifiche a supporto.

Analizzando questi dati sono emersi schemi comuni: alcune mutazioni compaiono in specie diverse, rendendole resistenti in modi simili. Alcune portano addirittura a resistenza crociata, cioè proteggono i funghi da più tipi di farmaci contemporaneamente.

Insieme al database è stato sviluppato anche uno strumento, ChroQueTas, che permette di analizzare i genomi fungini e individuare automaticamente le mutazioni legate alla resistenza. FungAMR è disponibile online all'interno del Comprehensive Antibiotic Resistance Database (CARD) e rappresenta una nuova risorsa importante per chi studia come contrastare la resistenza agli antifungini.

👉 Transposons and accessory genes drive adaptation in a clonally evolving fungal pathogen

Nature Communication 16, 6982 (2025)

I genomi dei patogeni fungini a riproduzione clonale sono spesso suddivisi in una parte conservata (core), e in regioni accessorie (ARs) specifiche della linea evolutiva, ricche di elementi trasponibili (TEs). Si ritiene che le ARs e i TEs favoriscano l'adattamento del patogeno, ma le prove sperimentali dirette sono scarse.

Utilizzando un approccio di evoluzione sperimentale con successivo sequenziamento, è stato osservato che subculture seriali del patogeno fungino *Fusarium oxysporum*, inoculato su piante di pomodoro o allevato in coltura axenica, portava rapidamente a un aumento della fitness in condizioni selettive.

Le inserzioni dei TEs sono risultate il tipo predominante di mutazioni nelle linee evolute, con un singolo TE non autonomo di tipo hAT che rappresentava il 63% degli eventi osservati. I TEs si inseriscono preferenzialmente in siti caratterizzati da trimetilazione della lisina 27 dell'istone H3, un marcitore tipico delle ARs.

Durante l'adattamento su piastra si sono osservati percorsi evolutivi ricorrenti che hanno portato a una proliferazione maggiore accompagnata da una minore virulenza. In modo inatteso, le mutazioni adattative nei geni accessori hanno avuto un forte impatto su funzioni "core" come crescita, sviluppo, comunicazione cellulare (quorum sensing) e virulenza.

In sintesi, gli esperimenti condotti nel lavoro hanno mostrato che gli elementi trasponibili (TEs) e le regioni accessorie (ARs) sono la forza evolutiva principale che permette a un fungo patogeno di adattarsi rapidamente all'ambiente. Questa scoperta è importante per sviluppare nuove strategie per contrastare le malattie fungine che, con il cambiamento climatico, le condizioni ambientali difficili e il passaggio tra ospiti diversi (piante e animali), stanno diventando un problema crescente sia in agricoltura sia in medicina.

.

👉 [Mycological curriculum for education and discovery](#) *PLOS Pathogens* 21(7): e1013303

I funghi sono organismi fondamentali e incredibilmente diversi, ma rimangono ancora poco studiati. La maggior parte dei loro gruppi non ha un genoma di riferimento, e questo limita la nostra comprensione del loro ruolo negli ecosistemi e delle loro potenzialità in medicina e biotecnologia. Inoltre, mancano percorsi formativi dedicati alla biologia e alla genomica dei funghi, creando un “collo di bottiglia” che ostacola la crescita di una nuova generazione di micologi.

Per affrontare questi problemi è stato sviluppato Myco-Ed, un programma educativo che unisce formazione e ricerca attraverso il sequenziamento e l’analisi dei genomi fungini. Con Myco-Ed, gli studenti possono contribuire direttamente alla scienza mentre si preparano a carriere nel campo della biologia dei funghi, migliorando al tempo stesso le risorse disponibili per la comunità scientifica.

Il programma è già stato sperimentato in 12 istituzioni accademiche degli USA (15 corsi), dalle piattaforme online fino alle Università di ricerca R1 (contraddistinte da una attività di ricerca di livello molto elevato), producendo centinaia di nuove osservazioni sui funghi e numerosi genomi di riferimento di alta qualità.

MATERIALI E TECNOLOGIE PER L’AGRICOLTURA

👉 [Near-Infrared reflective greenhouse covering: a novel strategy for electricity-free cooling](#) *Agricultural Science and Technology* (2024) 4:1

Il raffreddamento delle serre impone un alto consumo di energia elettrica e quindi elevate emissioni di CO₂ necessarie per produrre elettricità. Il polietilene a bassa densità (LDPE) è un materiale ampiamente utilizzato per le coperture serricole grazie alla stabilità delle sue prestazioni, alla bassa condutività termica, alla resistenza alla corrosione chimica, alla trasparenza rispetto alle lunghezze d’onda dello spettro solare, alla possibilità di essere riciclato a fine ciclo come buste per il packaging e film pacciamanti a basso impatto ambientale. Il diossido di Titanio (TiO₂) è un composto inorganico che ha la capacità di riflettere la radiazione infrarossa, per cui inglobando delle particelle di TiO₂ (fino al 5% in peso del materiale nella pellicola LDPE) gli autori hanno aumentato la riflettanza della radiazione compresa tra 780 a 2800 nm ed ottenuto un sensibile raffreddamento senza consumo di elettricità. La riflettanza dipende dalla grandezza delle particelle e dall’indice di rifrazione. La dimensione ottimale delle particelle di TiO₂ si ha quando il loro diametro è circa la metà della lunghezza d’onda della luce. Il materiale LDPE-TiO₂ con riflettanza del 54% ha determinato una diminuzione della temperatura di 6,7 °C rispetto al semplice film LDPE. Per quanto riguarda le proprietà reologiche, la resistenza alla deformazione e la riflettanza della radiazione infrarossa del polimero LDPE-TiO₂ aumentano con la percentuale di TiO₂ nel materiale (da 0,5 a 5% in peso), l’allungamento al punto di rottura diminuisce con la percentuale di TiO₂, la forza tensile è massima nel film con 1,5% di TiO₂. Gli autori quantificano anche il risparmio in termini energetici di elettricità pari a 2151912.3 MW h all’anno per le colture protette in Cina, corrispondenti ad una riduzione di emissioni di CO₂ all’anno. Le proprietà del LDPE-TiO₂ rendono questo materiale di grande interesse per la sostenibilità ambientale delle serre destinate al vivaismo e alle produzioni ortoflorofrutticole.

SCIENZE ANIMALI

(zootecnia; nutrizione animale; miglioramento genetico)

In questo numero sono affrontati aspetti sulla nutrigenomica dei ruminanti

👉 **Growth Performance, Dietary Energetics, Blood Metabolites, Carcass Traits, Meat Quality, and Gene Expression of Lambs Supplemented with a Polyherbal Phytopreventive Additive**

Veterinary Sciences, 11, 520, 2025

L'uso indiscriminato di antibiotici come promotori di crescita negli animali da reddito ha portato a problemi di resistenza batterica, spingendo il settore verso soluzioni naturali e sostenibili. Tra queste, gli additivi fitogenici si stanno dimostrando validi sostituti grazie alle loro proprietà salutistiche e nutrizionali.

Nel presente lavoro è stato testato un additivo fitogenico poli-erbale (PPA) composto da diverse piante medicinali (*Andrographis paniculata*, *Azadirachta indica*, *Achyranthes aspera*, *Trachyspermum ammi*, noto con il nome di BioCholine®, che favorisce la salute epatica, la digestione e l'efficienza alimentare. L'integrazione di BioCholine® a diversi dosaggi (2,5 – 5,0 – 7,5 g/kg DM) è stata testata su agnelli da ingrasso per 56 giorni, con valutazioni su performance zootecniche, efficienza energetica, metaboliti ematici, caratteristiche qualitative della carcassa ed espressione genica.

I risultati hanno rilevato un aumento dell'ingestione di sostanza secca e una migliore efficienza alimentare con dosi elevate di BioCholine® (7,5 g/kg DM). Questo aspetto è legato ad un miglior utilizzo dell'energia alimentare come conseguenza di una maggiore sintesi proteica della Leptina a livello muscolare. Contemporaneamente, non è stato osservato alcun impatto negativo sul benessere o sulla variabilità tra individui. L'utilizzo di BioCholine®, inoltre, non inaltera lo spessore del grasso, la resa della carcassa e misure morfometriche. Medesimo risultato si è osservato sulla qualità della carne, con valori inalterati di pH, colore, ritenzione idrica o composizione chimica. Anche i parametri ematologici sono rimasti nella norma, anche se si è osservata una riduzione significativa di glucosio, acido urico, creatinina e bilirubina, indicando potenziale effetto epatoprotettivo e antiossidante.

A livello nutrigenomico, la BioCholine® ha ridotto la replicazione del DNA, con un minor stress cellulare e una maggiore stabilità genomica. Inoltre, si è osservata una riduzione del metabolismo tirosina che porta ad un ridotto stress ossidativo e bisogno di detossificazione. Positivo è anche il significativo calo dell'espressione del sistema IgA intestinale, associato ad una possibile riduzione dell'infiammazione intestino-fegato. Contemporaneamente si è avuto un aumento dell'ossidazione fosforilativa con una miglior produzione di ATP e utilizzo dei nutrienti e dell'espressione di Atp5l, associata ad una maggiore sintesi energetica mitocondriale.

In conclusione, BioCholine® è un additivo naturale, efficace e sicuro per l'ingrasso degli agnelli, con effetti positivi su crescita e resa alimentare, qualità della carne, salute epatica e metabolica, stabilità genetica e ossidativa.

👉 **Extruded linseed alone or in combination with fish oil modifies mammary gene expression profiles in lactating goats**

Animal, 12, 1564-1575, 2018

La composizione degli acidi grassi (FA) nel latte è fortemente influenzata dalla nutrizione. Nei ruminanti, l'integrazione con semi oleosi ricchi in acidi grassi polinsaturi (PUFA) □-3 (es. lino) e olio di pesce è utilizzata per migliorare la qualità nutrizionale del latte, con effetti documentati in bovine da latte ma meno noti nella capra.

L'obiettivo di questo studio è stato quello di analizzare gli effetti molecolari di diete integrate con semi di lino estrusi (EL) e con semi di lino estrusi più olio di pesce (ELFO). Le due diete sono state messe a confronto con una dieta priva di integrazioni che fungeva da confronto (CTRL). In particolare, sono stati valutati gli effetti sull'attività mammaria delle capre, attraverso l'analisi dell'espressione genica (trascrittometrica) e in relazione alla produzione e composizione del latte.

Quattordici capre in un disegno sperimentale a quadrato latino 3×3 sono state divise in tre gruppi e sul loro tessuto mammario, raccolto alla macellazione, è stata fatta un'analisi trascrittometrica.

Dai risultati è emerso che l'integrazione con lino estruso aumenta la percentuale e resa del grasso nel latte, mentre ELFO annulla questo effetto. Considerando i singoli acidi grassi, la dieta EL riduce la percentuale di acidi grassi a media catena, con il contemporaneo incremento di C18:0 e C18:1 a isomeria cis. Al contrario, la dieta ELFO favorisce l'incremento del contenuto di acido linoleico coniugato (CLA) e degli isomeri trans-C18:1, dovuto ad un rallentamento del processo di biodiogenazione ruminale.

A livello di espressione genica non si è osservato alcuno effetto significativo su geni lipogenici chiave (FASN, SCD1), salvo osservare una tendente riduzione di SCD1 con ELFO, ACSBG1 rispetto alla dieta CTRL.

Grazie a questo lavoro è stato possibile individuare nuovi possibili marker candidati per la regolazione lipidica nella ghiandola mammaria. Dall'analisi trascrittometrica sono stati individuati 344 geni differenzialmente espressi dal confronto tra EL e CTRL e 314 tra ELFO e CTRL. Vanno segnalate in particolare alcune vie metaboliche interessanti. La prima vede l'attivazione del metabolismo del trasporto lipidico con la dieta EL, ma non con quella ELFO. Emerge anche che la via PI3K/Akt/mTOR, coinvolta nella regolazione lipogenica. Tra i geni chiavi coinvolti vanno segnalati IL7 (Immunoregolazione della caseina, down-regolato con EL/ELFO), DGKD (coinvolto nella crescita cellulare, down-regolato con EL), FABP1 (coinvolto nel trasporto degli acidi grassi, down-regolato con ELFO), PPARG e SREBF1 (c oinvolti nella regolazione della lipogenesi, up-regolati solo con ELFO), LALBA (coinvolta nella sintesi del lattosio, up-regolata con ELFO).

In conclusione, l'integrazione con lino migliora la composizione lipidica del latte e modula vie legate al metabolismo lipidico. L'aggiunta di olio di pesce (ELFO) annulla alcuni effetti positivi su composizione del latte e riduce l'espressione di geni chiave. Nessun impatto diretto su geni lipogenici noti, ma emerge un ruolo del rimodellamento ghiandolare e del metabolismo proteico. Le prospettive future sono quelle di approfondire il ruolo di ACSBG1, AZGP1, IL7, e le implicazioni delle vie mTOR e apoptotiche sulla salute mammaria a lungo termine.

👉 Fish oil-induced milk fat depression and associated downregulation of mammary lipogenic genes in dairy ewes

Journal of Dairy Science, 99, 7971-7981. 2016

La milk fat depression (MFD) è una sindrome caratterizzata da una riduzione della sintesi del grasso nel latte, comunemente osservata nelle vacche da latte. È ampiamente accettato che sia causata da alterazioni della fermentazione ruminale, che portano alla formazione di acidi grassi bioattivi con effetti antilipogenici a livello mammario, in particolare l'isomero C18:2 trans-10, cis-12. Tuttavia, i meccanismi molecolari alla base di questa condizione non sono ancora completamente chiariti, soprattutto nei piccoli ruminanti come le pecore, dove i dati sono scarsi e inconsistenti. Nel presente studio si è ipotizzato che la MFD indotta da lipidi di origine marina (olio di pesce, FO) nelle pecore sia associata a modifiche nella composizione degli acidi grassi del latte e alla down-regulazione dell'espressione genica dei principali geni lipogenici, con una risposta trascrizionale che avviene precocemente, mentre la riduzione del grasso nel latte si manifesta più tardi.

Le pecore sono state alimentate per 30 giorni con una dieta contenente l'1,7% della sostanza secca sotto forma di olio di pesce. Sono state determinate la composizione degli acidi grassi del latte e l'abbondanza dell'mRNA di geni chiave coinvolti nella lipogenesi mammaria,

La riduzione del contenuto di grasso del latte è stata evidente solo dopo 30 giorni (−25%), nonostante si osservassero già dopo 7 giorni aumenti di acidi grassi con azione anti-lipogenica come il C18:2trans-10,cis-12. Questa fase precoce è stata accompagnata da una down-regolazione coordinata di numerosi geni lipogenici, suggerendo che la MFD potrebbe essere mediata da meccanismi trascrizionali. La down-regolazione ha interessato geni implicati in varie fasi della sintesi del grasso nel latte: ACSS1 (coinvolta nell'attivazione degli acidi grassi), ACACA e FASN (coinvolti nella sintesi degli acidi grassi), LPL e FABP3 (coinvolti nell'assorbimento e trasporto dei lipidi), SCD1 (coinvolta nella desaturazione) e AGPAT6 (uno dei tre enzimi coinvolti nell'esterificazione dei trigliceridi). Il gene SREBF1 (Sterol Regulatory Element-Binding Transcription Factor 1) è risultato significativamente down-regolato, suggerendone un ruolo centrale nella MFD ovina. Il coinvolgimento di PPARG è possibile, ma meno evidente, anche per la sua possibile regolazione post-trascrizionale. Altri fattori, come INSIG1, potrebbero modulari l'attivazione di SREBF1, come già dimostrato nei bovini.

Rispetto alle vacche da latte, le pecore mostrano risposte trascrizionali meno marcate o inconsistenti a simili trattamenti. Inoltre, la MFD ovina è talvolta associata anche a una lieve riduzione delle proteine del latte, cosa non comune nelle vacche.

La MFD indotta da olio di pesce nelle pecore da latte sembra essere mediata da meccanismi trascrizionali, in particolare dalla down-regolazione coordinata di geni chiave per la lipogenesi mammaria. Il fattore di trascrizione SREBF1 emerge come potenziale regolatore centrale di questa risposta. Tuttavia, non è possibile stabilire una relazione causale definitiva tra la down-regolazione genica e la ridotta sintesi del grasso nel latte. Ulteriori ricerche sono necessarie, anche per chiarire le differenze di risposta tra specie.

NORMATIVA

[La Commissione autorizza una nuova varietà di soia OGM](#)

Il 4 luglio 2025, la Commissione europea ha autorizzato l'uso di una nuova varietà di soia geneticamente modificata in alimenti e mangimi, a seguito dell'esito positivo della valutazione scientifica dell'Autorità europea per la sicurezza alimentare (EFSA), che ha concluso che è sicura quanto la sua controparte convenzionale.

Questa procedura di valutazione completa e rigorosa garantisce un elevato livello di protezione della salute umana e animale e dell'ambiente. La decisione della Commissione consente solo l'importazione di questa varietà di soia OGM per l'uso in alimenti e mangimi, ma non la coltivazione nell'UE.

L'autorizzazione è valida per 10 anni e qualsiasi prodotto derivato da questa varietà sarà soggetto alle rigide norme dell'UE in materia di etichettatura e tracciabilità. La Commissione aveva l'obbligo giuridico di pronunciarsi su questa autorizzazione, poiché gli Stati membri non avevano raggiunto una maggioranza qualificata né a favore né contro l'autorizzazione.

La decisione di esecuzione è la 1321/2025 della Commissione Europea, che autorizza l'immissione in commercio di prodotti contenenti, costituiti o derivati da soia geneticamente modificata MON 87705 × MON 87708 × MON 89788 in conformità al regolamento (CE) n. 1829/2003 del Parlamento europeo e del Consiglio.