

Conservazione della biodiversità: dalla genetica alla genomica delle popolazioni naturali

Dott. Ettore Randi

Laboratorio di Genetica, Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Via Cà
Fornacetta, 9, 40064 Ozzano dell'Emilia (BO)
ettore.randi@isprambiente.it

La biologia della conservazione è nata dall'esigenza di contrastare, a livello scientifico, le conseguenze dei cambiamenti ambientali determinati dalle pressioni antropiche sulla biodiversità. Anche se la priorità rimane contrastare l'erosione della biodiversità e l'estinzione di specie minacciate, la biologia della conservazione si occupa ora delle più ampie problematiche della evoluzione biologica nella prospettiva di un futuro che sarà sempre più condizionato dalle attività umane a cui le altre specie dovranno in qualche modo adattarsi. I programmi di genetica della conservazione hanno utilizzato un numero limitato di markers molecolari, supposti "neutrali" (di solito, brevi sequenze del mtDNA e pochi microsatelliti), per descrivere la diversità genetica nelle popolazioni naturali e per ricostruirne la storia filogenetica o demografica. Lo sviluppo (tuttora in corso) delle tecnologie di sequenziamento di nuova generazione apre la possibilità di una rapida transizione dalla genetica alla genomica delle popolazioni applicata alla conservazione. I metodi della genomica promettono di ottenere informazioni anche sui genomi di organismi non-modello, incluse popolazioni e specie di interesse conservazionistico. Le tecniche di sequenziamento di nuova generazione consentono di identificare varianti di sequenze di geni funzionali che possono essere selezionate e quindi coinvolte in processi di adattamento. E' possibile sequenziare interi trascrittomi e quindi studiare quei meccanismi che sono coinvolti nei processi di adattamento delle popolazioni ai cambiamenti ambientali. I metodi della metagenomica consentono poi di passare dallo studio delle popolazioni allo studio di intere comunità. Gli studi di genomica in specie modello sono spesso utilizzabili come punto di partenza per elaborare progetti di ricerca in popolazioni naturali di specie non-modello. Nel mio intervento presenterò i risultati di programmi di ricerca che interessano popolazioni naturali di carnivori ed ungulati, che utilizzano metodologie e banche di dati di genomica generate nelle corrispondenti specie domestiche.