

BIOAGRIMONT

LA BIODIVERSITÀ AGRARIA
E ALIMENTARE ASSOCIATA
ALLE PRODUZIONI AGRICOLE
E ZOOTECNICHE DI MONTAGNA,
LA CONSERVAZIONE
IN SITU E LA TUTELA
DEL PAESAGGIO AGRARIO



FONDAZIONE
EDMUND MACH



BIOAGRIMONT

LA BIODIVERSITÀ AGRARIA
E ALIMENTARE ASSOCIATA
ALLE PRODUZIONI AGRICOLE
E ZOOTECNICHE DI MONTAGNA,
LA CONSERVAZIONE
IN SITU E LA TUTELA
DEL PAESAGGIO AGRARIO



FONDAZIONE
EDMUND MACH



Bioagrimont : la biodiversità agraria e alimentare associata alle produzioni agricole e zootecniche di montagna, la conservazione in situ e la tutela del paesaggio agrario / [a cura di Emanuele Eccel]. - San Michele all'Adige (TN) : Fondazione Edmund Mach, 2022. - 99 p. : ill. ; 26 cm

ISBN: 9788878430563

1. Biodiversità e agricoltura 2. Piante coltivate - Zone montane - Conservazione 3. Bovini - Razze - Zone alpine - Conservazione
4. Progetto Bioagrimont I. Eccel, Emanuele
639.9



PROVINCIA AUTONOMA DI TRENTO



FONDAZIONE
EDMUND
MACH



BIOAGRIMONT - LA BIODIVERSITÀ AGRARIA E ALIMENTARE ASSOCIATA ALLE PRODUZIONI AGRICOLE E ZOOTECNICHE DI MONTAGNA, LA CONSERVAZIONE IN SITU E LA TUTELA DEL PAESAGGIO AGRARIO

COORDINATRICE DEL PROGETTO E BENEFICIARIA DIRETTA DEL FINANZIAMENTO

Provincia Autonoma di Trento, Servizio Politiche Sviluppo Rurale

A CURA DI
Emanuele Eccel

HANNO PARTECIPATO AL PROGETTO BIOAGRIMONT

Provincia Autonoma di Trento

Servizio Politiche Sviluppo Rurale: Diego Bleggi, Monica Zanettin, Angela Menguzzato

Servizio Sviluppo Sostenibile e Aree Protette: Antonella Agostini

Agenzia Provinciale per la Protezione dell'Ambiente - APPA: Monica Tamanini

Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige - Emanuele Eccel, Erika Partel, Gabriele Iussig, Walter Ventura, Floriana Marin, Paolo Fontana, Davide Andreatta, Heidi C. Hauffe

MUSE, Museo delle Scienze, Trento - Costantino Bonomi

Fondazione Museo Civico di Rovereto - Alessio Bertolli, Filippo Prosser, Giulia Tomasi, Claudio Tomasi

CREA, Trento - Pietro Fusani

Collaboratrici libere professioniste - Katia Zanatta, Serena Dorigotti, Michela Luise

Un particolare ringraziamento va a Federico Bigaran, già direttore dell'Ufficio per le Produzioni Biologiche della Provincia Autonoma di Trento, primo promotore del progetto, e al cui svolgimento ha attivamente collaborato.

CREDITI FOTOGRAFICI

Elisa Bellistri (Copertina), Archivio Ufficio Stampa Provincia autonoma di Trento (Sezione 1), Katia Zanatta (Sezione 2), Elisa Bellistri (Sezione 3), Filippo Prosser (Sezione 4), Serena Dorigotti (Sezione 5).
Le fotografie contenute all'interno delle relazioni sono a cura degli autori, salvo diversa indicazione.

Il progetto Bioagrimont (2021 - 2022) è stato finanziato dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali a seguito del bando 9039508 del 4 agosto 2020, emanato secondo i disposti della Legge 1° dicembre 2015, n. 194 - "Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare" - Art. 10 "Fondo per la tutela della biodiversità di interesse agricolo e alimentare".

Per consultare o scaricare i documenti inerenti al progetto BIOAGRIMONT si rimanda alla pagina web del progetto: <http://www.trentinoagricoltura.it/Trentino-Agricoltura/Produzioni-biologiche/Progetto-BIOAGRIMONT>

Pubblicazione edita da Fondazione Edmund Mach, S. Michele all'Adige (TN).

Invisibili ma importanti: il ruolo della diversità genetica e dei microrganismi nella zootecnia di montagna

Cos'è la biodiversità?

Un elevato livello di biodiversità, definita come numero di specie (animali o vegetali), risulta cruciale per il funzionamento degli ecosistemi e per la loro resilienza ai cambiamenti globali. L'attuale pandemia ci ha insegnato in maniera netta che la sopravvivenza dell'umanità dipende dall'integrità della biodiversità, che serve a mantenere la nostra salute e la qualità di vita. Questa stessa biodiversità svolge anche una funzione importante a sostegno dell'agricoltura. Tuttavia, la biodiversità, sia in natura che negli agroecosistemi, si sta riducendo con tassi mai registrati nel passato.

Pertanto, per lo sviluppo di strategie finalizzate alla gestione e alla valorizzazione di questa risorsa, la ricerca alla Fondazione Mach mira a misurare la biodiversità e a capire l'impatto dei cambiamenti nella biodiversità sui nostri ecosistemi. Nell'agricoltura, queste ricerche possono portare, per esempio, ad un miglioramento nella sicurezza alimentare, nella produzione zootecnica e nel benessere animale.

Ma oltre alla biodiversità delle specie della flora e della fauna, ci sono altre due categorie di biodiversità che sono ugualmente importanti al benessere degli ecosistemi, ma quasi invisibili: la biodiversità genetica e la microbiodiversità.

La *biodiversità genetica*, o variabilità genetica totale contenuta nel DNA di tutti gli individui di una specie, è essenziale in natura per permettere agli organismi ad adattarsi ai cambiamenti nel loro ambiente, a combattere nuovi patogeni o a cambiare comportamento per evitare predatori o habitat non idonei. Questa diversità genetica è anche alla base delle strategie convenzionali di miglioramento genetico nell'ambito dell'agronomia, per esempio, per ottenere nuove cultivar resistenti ai cambiamenti climatici, o per migliorare la produzione di carne o latte delle razze tipiche.

Invece la *microbiodiversità* include tutti i microrganismi nascosti nel suolo, sulle radici delle piante, e nell'intestino di tutti gli organismi che vivono sotto e sopra il suolo, incluso il bestiame, la fauna selvatica, e noi stessi. I ricercatori da tutto il mondo hanno capito di recente che questi microrganismi, o microbiota, sono cruciali per la fertilità del suolo, nonché per la crescita e la salute della vegetazione, della fauna, e anche dell'uomo. Quindi, la perdita della microbiodiversità, a causa delle nostre azioni (es. distruggendo gli ecosistemi naturali, o utilizzando in maniera inappropriata i pesticidi o gli antibiotici), potrebbe mettere a rischio il nostro benessere e quello degli ecosistemi di cui dipendiamo.

Per illustrare l'importanza di questo lavoro, sono qui riassunti tre esempi di progetti di ricerca che stiamo svolgendo alla Fondazione E. Mach.



HEIDI C. HAUFFE*

Fondazione Edmund Mach,
Centro Ricerca e Innovazione

FRANCESCA ALBONICO

Fondazione Edmund Mach,
Centro Ricerca e Innovazione

GIULIO GALLA

Fondazione Edmund Mach,
Centro Ricerca e Innovazione

MATTEO KOMJANC

Fondazione Edmund Mach,
Centro Ricerca e Innovazione

ERIKA PARTEL

Fondazione Edmund Mach,
Centro Trasferimento Tecnologico

*Dopo il conseguimento della Laurea in Zoologia (1989) e il Dottorato di Ricerca in Biologia Evoluzionistica (1993) all'Università di Oxford, UK, si è dedicata a promuovere l'eccellenza nella ricerca in Trentino, dove nel 1997 ha fondato un gruppo di ricerca presso il Centro di Ecologia Alpina (trasferito alla Fondazione E. Mach nel 2008) dedicato allo studio della genetica di conservazione della fauna alpina. È autrice di numerose pubblicazioni scientifiche con colleghi da tutto il mondo.

RENDENAGEN: Indagine genetica sulla biodiversità e storia evolutiva della Razza Rendena

Il progetto Rendenagen è condotto in collaborazione con le Università di Piacenza e Pavia, con il supporto di ANARE, della Federazione Provinciale Allevatori di Trento, e dell'Università di Padova.

Questo progetto di ricerca sta analizzando il DNA dei bovini di razza Rendena (Foto 1) confrontandolo con quello di molte altre razze per cercare di ricostruire la storia di questi animali.

Il DNA genomico è contenuto nel nucleo delle cellule animali e contiene circa 22.000 geni, che sono responsabili del funzionamento delle cellule, e quindi dell'animale. Quando questo DNA è trasmesso dai genitori ai figli, la sua sequenza potrebbe variare leggermente, attraverso un processo chiamato mutazione, quindi il DNA è un tipo di archivio molecolare della storia dei bovini che trasmettono queste 'variazioni' alle generazioni successive. Questo processo di differenziazione molecolare è relativamente veloce e ha avuto luogo principalmente durante e dopo il recente processo di domesticazione, colonizzazione e diffusione degli animali domestici in diverse regioni e continenti. Quindi, studiare quante e quali mutazioni caratterizzano un individuo permette di risalire alla storia genetica degli antenati.

Per il progetto Rendenagen, sono stati raccolti campioni di sangue da 138 individui da più di 30 aziende zootecniche dalla Val Rendena. In laboratorio, il DNA genomico è stato estratto dal sangue e sequenziato.

I primi risultati indicano la presenza di una notevole diversità genetica nella razza Rendena, indice di una buona gestione della razza ma anche di una storia complessa. Il DNA suggerisce un'origine soprattutto centro europea e una storia in comune con altre razze alpine. Anche se il genoma delle Rendena è chiaramente originale, è stato influenzato dalla Bruna Alpina Svizzera, in accordo con i dati storici che descrivono un parziale rinsanguamento della Rendena con animali importati dalla Svizzera nel 1700, dopo un'epidemia di peste bovina. Il DNA indica però la presenza anche di varianti rare, molto poco frequenti o addirittura assenti nei bovini del centro Europa e presenti nei bovini del centro-sud Italia. È possibile che queste varianti siano state ereditate dalle prime popolazioni bovine che hanno colonizzato da sud la Val Rendena a seguito di



Foto 1
Bovini della razza Rendena.
Copyright Franco Frisanco

antiche migrazioni umane. Ricerche sono in corso per individuare i geni che permettono a questa razza di essere adatta a produrre in ambiente montano, che potrebbero essere importanti per adattare la selezione delle razze alpine ai cambiamenti climatici che andiamo ad incontrare.

MASTIRISK: Un approccio multidisciplinare per prevedere il rischio di mastite subclinica

La mastite è causa di significative perdite economiche per le aziende zootecniche. Le attuali cure si basano su intensi trattamenti antibiotici che, oltre a dimostrarsi talvolta inefficaci, possono contribuire alla diffusione dell'antibiotico-resistenza tra le comunità batteriche. Quindi, il principale obiettivo di questo progetto di ricerca è quello di migliorare la prevenzione della mastite negli allevamenti delle vacche da latte, al fine di aumentare non solo la loro produttività, ma anche il loro benessere e la loro longevità.

Utilizzando moderne tecniche molecolari e matematiche, è possibile identificare la maggior parte dei batteri presenti nel latte, sia quelli protettivi che quelli potenzialmente patogeni. Questo consente di studiare come la microflora del latte cambia durante lo sviluppo della mastite. Confrontando la comunità di batteri presenti nelle mammelle mastitiche e sane, sarà possibile stimare il rischio di sviluppo della malattia utile per attivare contromisure terapeutiche alternative e tempestive.

Quattro aziende zootecniche trentine sono state coinvolte nel progetto. Per un gruppo di 30 animali sottoposti allo studio, si è provveduto a campionare il latte prodotto dai 4 quarti che compongono la mammella immediatamente dopo il parto e ad intervalli regolari di 2 settimane per i successivi 4 mesi, o fino alla comparsa della mastite. Abbiamo utilizzato la conta delle cellule somatiche per individuare gli animali (e i quarti) che hanno sviluppato mastite subclinica. Per gli animali mastitici, e un gruppo di animali sani, il DNA di tutti i batteri del latte è stato estratto e sequenziato (Foto 2).

Utilizzando la bioinformatica, stiamo studiando come le comunità batteriche nel latte cambiano nel tempo durante lo sviluppo del-

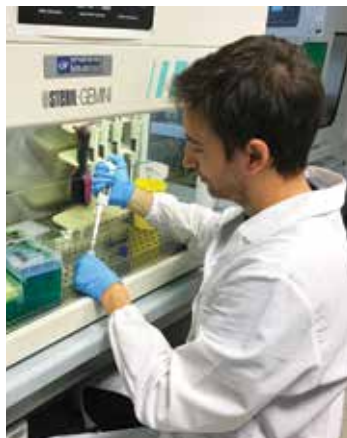


Foto 2

Il campionamento per il progetto MASTIRISK presso un'azienda zootecnica trentina (sinistra), e le analisi genetiche alla Piattaforma di DNA Animale, Ambientale e Antica della Fondazione E. Mach (destra)



Foto 3

Siti di campionamento nei pascoli alpini per il progetto MICROVALU, sopra la città di Glorenza, Val Venosta

.....

la mastite. Lo scopo finale è di individuare un cambiamento nel numero o nella composizione di particolari microbi che potrebbe predire lo sviluppo della patologia mastitica. Una volta validata la sua applicabilità, il test molecolare potrebbe diventare uno strumento a disposizione degli allevatori, rappresentando un sistema efficace di prevenzione, evitando l'uso eccessivo degli antibiotici, e con ripercussioni utili sia per l'economia dell'azienda agricola che per il benessere animale.

Questo progetto è stato finanziato da CARITRO, la Federazione Provinciale Allevatori, CONCAST e la Fondazione Mach.

MICROVALU: La biodiversità dei pascoli alpini

L'ecosistema dei pascoli alpini è un complesso habitat multidimensionale nel quale centinaia di specie animali e vegetali interagiscono tra loro e con un grande numero di batteri, funghi e virus (sia commensali che patogeni), formando una rete relazionale che si estende sia sopra che all'interno del suolo. Negli ecosistemi, i microrganismi contribuiscono a processi essenziali quali la mineralizzazione di nutrienti e la degradazione di sostanze potenzialmente dannose. Mentre il ruolo degli animali è stato studiato per decenni, la funzione della 'microbiodiversità' nel mantenimento di questi ecosistemi, in particolare in relazione alla fertilità del suolo e alla sua resilienza, è largamente sconosciuta.

Il progetto MICROVALU, finanziato dall'EUREGIO Science Fund, è una collaborazione scientifica tra la Fondazione E. Mach, l'EURAC e l'Università di Innsbruck. La sua finalità è di predire l'impatto dei cambiamenti climatici sugli agro-ecosistemi alpini mediante la sinergia tra ambiti di ricerca diversi e innovativi, quali la chimica del suolo e l'ecologia microbica, della flora e della fauna alpina.

Presso il sito di ricerca socio-ecologica a lungo termine nella Val Venosta, sopra Glorenza, a 4 altitudini diverse (1000m, 1500m, 2000m e 2500m; Figura 3), abbiamo campionato 6 matrici diverse: il suolo, la rizosfera (cioè il suolo intorno alle radici delle piante), gli animali invertebrati (sia microfauna, come i nematodi e i collemboli, che macrofauna, cioè lombrichi e coleotteri), e i pellet fecali sia di animali selvatici (come la lepre) che animali da reddito (bovini di latte).

L'estrazione del DNA e l'identificazione di batteri e funghi presenti in ciascun campione è in corso d'opera mediante l'utilizzo di tecnologie di sequenziamento presenti presso la FEM e protocolli specifici sviluppati da noi per il confronto dei dati originati dalle diverse tipologie di campioni. La modellizzazione dei dati genomici con i dati meteorologici, ambientali e chimici del suolo permetterà l'identificazione dei fattori biotici e abiotici che determinano la diversità e la composizione delle comunità animali e microbiche e di predire come queste saranno influenzate dai cambiamenti climatici.

La migliore comprensione degli effetti operati da fattori biotici e abiotici sulla biodiversità e il significato delle sovrapposizioni delle composizioni ci insegnerà come e perché queste comunità sono interconnesse, e avrà una grande importanza nella gestione futura degli agro-ecosistemi alpini.