



di Marcello Pagliai e  
Stefano Mocali

26 novembre 2014

## **METAGENOMICA: UNA NUOVA FRONTIERA ANCHE NELLO STUDIO DEL SUOLO**

\*\*\*



Col termine “Metagenomica” s’intende l’analisi diretta del DNA totale estratto da un campione ambientale. Quest’analisi ha lo scopo non solo di definire i genomi di tutti gli abitanti microbici di un certo ambiente ma anche le loro funzioni potenziali. La caratterizzazione e l’analisi dei genomi microbici del suolo è, attualmente, l’approccio scientificamente più avanzato per poterne studiare le funzioni e sfruttarne le potenzialità applicative (fertilità, cicli biogeochimici, biorisanamento, produzione di nuovi antibiotici, ecc.). Finora la metagenomica è stata applicata ad ambienti relativamente semplici o particolarmente specializzati (es. acque di mare, apparato gastro-intestinale umano, ecc.); tuttavia lo sviluppo delle nuove tecnologie di sequenziamento (NGS) rende adesso possibile anche il completo sequenziamento del metagenoma del suolo che, da un punto di vista microbiologico, è certamente l’ambiente più complesso.

La conoscenza del metagenoma del suolo aprirà la strada alla comprensione del ruolo dei microrganismi nella funzionalità del suolo stesso e nei suoi processi, nella sua fertilità e sostenibilità, permettendo di affrontare in modo scientifico fenomeni come l’impoverimento e l’erosione del suolo che minacciano vaste aree coltivabili del pianeta. E’, infatti, ampiamente riconosciuto che l’intensificarsi dei processi produttivi in agricoltura ha causato una perdita di biodiversità microbica del suolo e che i maggiori processi di degradazione sono riconducibili ad una drastica riduzione di attività biologica.

Ma per quanto tecnologicamente possibile, il sequenziamento del metagenoma del suolo richiederà comunque uno sforzo scientifico ed economico notevole se si pensa che in un grammo di terreno sono presenti miliardi di microrganismi appartenenti a qualche migliaia di specie diverse. La vera sfida sarà perciò legata più alla capacità di analizzare ed interpretare l'immensa quantità di informazioni contenute nel metagenoma del suolo piuttosto che limitarsi ad estrarlo e a sequenziarlo. Non basta, infatti, procurarsi dei libri e metterli su uno scaffale per conoscere una materia, è necessario leggerli, metterli in ordine e comprenderne il contenuto. E per riuscire a leggere e comprendere il "libro della metagenomica" si deve ricorrere alla bioinformatica. Il sequenziamento del metagenoma è infatti, solo la prima tappa del processo conoscitivo, a cui deve far seguito l'analisi bioinformatica e l'interpretazione dei dati ottenuti. La scienza del suolo ha quindi a disposizione un nuovo e potente strumento d'indagine di cui, in futuro, non potrà più fare a meno. E il futuro è già adesso.