

16 febbraio 2011

## IL GENOMA DELLE PIANTE DA FRUTTO DISVELATO COL SEQUENZIAMENTO

La ricerca italiana nel campo delle biotecnologie ha recentemente conseguito un successo di portata internazionale: il sequenziamento del genoma di tre specie arboree da frutto: la vite (2007) con la realizzazione di due progetti, uno ministeriale-universitario italo-francese ("Vigna") ed uno italo-americano dello IASMA di San Michele all'Adige; il melo (2010), con un progetto internazionale interamente gestito dallo stesso IASMA ed infine il pesco (2010/11), ancora in corso, con un progetto italo-americano gestito per l'Italia da CRA di Roma, IGA dell'Università di Udine, Parco Tecnologico Padano di Lodi e varie altre istituzioni di ricerca e universitarie italiane e straniere. Presto arriveranno anche fragola, clementine e olivo (quest'ultimo progetto appena finanziato dal CRA).

I risultati ottenuti, asseverati da prestigiose e referenziate riviste internazionali, sono di grande aiuto alla comunità scientifica internazionale negli studi genetici e fisiologici, soprattutto, ai fini del breeding, nel miglioramento della qualità e nella diversificazione delle produzioni e nella razionalizzazione delle pratiche colturali.

Il melo ha rivelato un genoma costituito da ben 57.400 geni (ripartiti in 17 cromosomi), mentre la vite ne contiene 33.400 (19 cromosomi), il pesco solo 27.800 (in 8 cromosomi). Nel melo però il genoma è il risultato di una complessa fusione con duplicazione cromosomica per autopoliploidismo avvenuta 30-40 milioni di anni fa. Si pensi che questo primato italiano è avvenuto contestualmente al sequenziamento in USA del mais (2010), che ha rivelato e sono stati mappati 32.000 geni su 10 cromosomi.

Per conseguire questo traguardo sono occorsi alcuni anni di lavoro, mobilitando perciò molti centri di ricerca, i più avanzati del mondo, di qua e di là dell'Atlantico, che hanno lavorato in équipe ben coordinate, mobilitando 100-150 ricercatori per ciascun progetto, con

strumentazioni nuovissime che riescono a sequenziare fino a 200 milioni di paia di basi al giorno, che saliranno a 5 miliardi/giorno con la nuova tecnologia "Illumina" – già introdotta in Italia - e pertanto potranno risequenziare in pochissimo tempo le più importanti varietà che caratterizzano ciascuna specie (lavoro necessario per una migliore definizione).

In complesso, nel melo, con l'ausilio di 1.600 marcatori, sono state sequenziate 742 milioni di paia di basi, mentre nel mais sono state 3,4 milioni.

Attualmente, l'individuazione dei geni funzionali utili (compresi i fattori di trascrizione) e il loro mappaggio (cioè la loro localizzazione all'interno di ciascun cromosoma), ne rendono possibile l'utilizzo, sia per l'applicazione della selezione assistita con marcatori molecolari (MAS), che renderà più veloce e assai più efficiente il cosiddetto "breeding convenzionale" (la MAS è già stata iniziata su melo e vite), sia nella scelta delle linee parentali portatrici degli alleli favorevoli codificanti per i caratteri da selezionare, sia per programmare incroci tesi ad esaltare la produttività e la resistenza ad avversità biotiche ed abiotiche, e soprattutto a migliorare le caratteristiche qualitative dei frutti, seguendo non solo i parametri di mercato, ma anche le caratteristiche salutistiche o nutraceutiche dei frutti.

Dunque, la genomica e la post-genomica sono uno strumento della biologia molecolare che ci prepara ad una futura rivoluzione metagenetica dell'agricoltura, allo stesso modo di quanto fece la "rivoluzione verde" del secolo scorso.

Silviero Sansavini



(Foto: archivio Georgofili)