Ufficio Stampa della Provincia autonoma di Trento
Piazza Dante 15, 38122 Trento
Tel. 0461 494614 - Fax 0461 494615
uff.stampa@provincia.tn.it

COMUNICATO n. 3423 del 30/11/2021

Lo studio, realizzato dall'Università di Catania e dalla Fondazione Edmund Mach, è stato pubblicato sulla rivista internazionale Tree Genetics and Genomes

Sequenziato il genoma del limone varietà "Femminello Siracusano"

L'Università di Catania e la Fondazione Edmund Mach hanno sequenziato per la prima volta il genoma del limone.
I risultati della ricerca – supportata anche dal Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA-OFA, sede di Acireale) e dalla Hunan Agricultural University (Cina) - sono stati pubblicati sulla rivista scientifica "Tree Genetics and Genomes".
Da oggi, quindi, il codice genetico del limone, varietà "Femminello Siracusano", è disponibile alla comunità scientifica internazionale.
La conoscenza dell'esatta posizione e della funzione dei geni (circa 35mila) fornirà, ai ricercatori di tutto il mondo, utili informazioni per lo studio di caratteri di interesse agronomico.

Il lavoro ha beneficiato della integrazione delle competenze dei due principali enti coinvolti (FEM e UNICT), riguardanti le tecniche di sequenziamento da un lato (la FEM ha già sequenziato i genomi di numerose specie, vite, melo, fragola, lampone, pero, noce, ma anche Drosophila suzukii, Plasmopara viticola e abete bianco) e dall'altro, la profonda conoscenza del germoplasma agrumicolo nonché lo studio di importanti caratteri di interesse agronomico mediante approcci di genomica funzionale (da parte di UNICT).
La combinazione di tali informazioni con i dati disponibili di altri agrumi hanno permesso la decodifica quasi del tutto completa delle due copie di ciascuno dei nove cromosomi che compongono il genoma del limone.
La conoscenza dei geni alla base dei caratteri di interesse agronomico avrà, inoltre, importanti ricadute sul settore produttivo limonicolo, per accelerare sensibilmente i processi di selezione di varietà di limone naturalmente resistenti a malattie (con particolare interesse all'individuazione di geni di resistenza per la malattia del malsecco), dotate di una elevata rifiorenza (importante per la produzione dei limoni "verdelli") e ad elevato valore salutistico e nutraceutico.
La scelta della varietà da sequenziare è ricaduta sul Femminello siracusano maggiormente diffusa negli areali di produzione siciliani (che da sola rappresenta il 90% circa della produzione nazionale) grazie alle caratteristiche di pregio del frutto ed all'elevata produttività della pianta.
Il genoma di limone si aggiunge agli altri genomi del genere Citrus ad oggi sequenziati (arancio dolce, clementine, cedro, pummelo) e rappresenta un ulteriore tassello a sostegno dell'ipotesi sulla storia evolutiva degli agrumi. Le analisi delle sequenze genomiche hanno, infatti, confermato l'origine ibrida del limone derivante dall'incrocio tra il cedro e l'arancio amaro (a sua volta originatosi dall'incrocio tra mandarino e pummelo).
Lo studio è stato realizzato dai ricercatori Alessandra Gentile, Chiara Catalano, Stefano La Malfa, Gaetano Distefano e Mario Di Guardo del Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente dell'Università di Catania, Marco Moretto, Mirko Moser, Michela Troggio, Alessandro Cestaro e Luca Bianco della Fondazione Edmund Mach, Marco Caruso del Crea e Ziniu Deng della Hunan Agricultural University grazie al contributo di due progetti europei: 'Sviluppo di induttori di resistenza a patogeni vascolari degli

agrumi (S.I.R.P.A.) misura PO FESR Sicilia 2014 - 2020, Asse 1, Azione 1.1.5; Fruit Crops Resilience to Climate Change in the Mediterranean Basin (FREECLIMB) Topic 1.2.1 PRIMA.

'Tree Genetics and Genomes' volume 17, Article number: 46 (2021)
"The haplotype-resolved reference genome of lemon (Citrus limon L. Burm f.)"
Di Guardo M., Moretto M., Moser M., Catalano C., Troggio M., Deng Z., Cestaro A., Caruso M., Distefano G., La Malfa S., Bianco L. and Gentile A., Tree Genetics & Genomes

Link alla ricerca https://link.springer.com/article/10.1007/s11295-021-01528-5

In foto il sequenziatore Oxford Nanopore Minion utilizzato per leggere le sequenze di DNA e la varietà di limone sequenziata

Con preghiera di pubblicazione

Ufficio Stampa
Università di Catania
Alfio Russo
Contatti: alfio.russo@unict.it
3331828195

Ufficio Comunicazione e relazioni esterne Fondazione Edmund Mach
Silvia Ceschini
Contatti: silvia.ceschini@fmach.it 3397392973

(sc)