

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. 1849 del 11/07/2024

Un importante risultato della ricerca genetica condotta presso la Fondazione Edmund Mach

Sequenziato presso i laboratori di S. Michele il genoma del castagno europeo

Dopo vite, melo, fragola, lampone, pero, noce, *Drosophila suzukii*, *Plasmopara viticola*, abete bianco e limone, la Fondazione Mach ha decifrato un altro codice genetico, quello del castagno europeo.

L'importante studio, appena pubblicato sulla prestigiosa rivista "BMC Genomic Data", è il risultato di un progetto coordinato da FEM sul genoma del castagno europeo che vede la cooperazione di CNR Porano, CNR di Firenze, Università Politecnica delle Marche, Università di Torino, Università di Bologna, National Biodiversity Future Centre di Palermo. Enti e università accomunati dalla necessità, assieme al mondo della produzione castanicola, di avere un genoma di castagno europeo (*C. sativa*), che fino ad oggi non era disponibile.

Tale genoma potrà essere un'importante risorsa per studiare in maniera più approfondita la storia evolutiva e i processi di domesticazione di questa specie, per chiarire le basi genetiche della resistenza/suscettibilità a patogeni e stress ambientali, e per svolgere attività di selezione e miglioramento delle varietà di castagno, sia presso la Fondazione Mach, in collaborazione con le realtà castanicole trentine, che presso altre realtà di ricerca e realtà nazionali ed internazionali.

"Tale attività di ricerca è stata resa possibile dalla creazione di un "crowdfunding" ed alla stipula del relativo accordo di ricerca e cooperazione tecnologica denominato "European Chestnut Genome" – Chest-Gen (2022)" sottolinea la responsabile della ricerca, dott.sa Luisa Palmieri, autrice della pubblicazione con Luca Bianco, Paolo Fontana, Mirko Moser, Mickael Malnoy, Cristiano Vernesi, Stefano Piazza e Diego Micheletti.

Per la Fondazione Mach, il lavoro è stato coordinato dall'Unità Biotecnologie dei Prodotti Naturali, con la partecipazione delle Unità di Biologia Computazionale, Biotecnologie Vegetali, Genetica e Miglioramento Genetico dei Fruttiferi ed Ecologia Forestale.

È questo il primo genoma di *Castanea sativa* sequenziato ed assemblato a livello cromosomico, mentre sono già disponibili genomi per altre specie quali *C. crenata* e *C. mollissima*, che concorrono con *sativa* sul mercato. Il genere *Castanea* appartiene alla famiglia delle Fagaceae. Il castagno presenta un importante valore economico, sia per la produzione di frutti sia per il suo legno. Tali caratteristiche, il crescente interesse del mondo scientifico e produttivo e le scarse conoscenze su tale specie attualmente a disposizione, hanno favorito la creazione di un consorzio di ricerca per il sequenziamento di un genoma di castagno europeo (*C. sativa*) – cv. 'Chiusa Pesio', attualmente non ancora disponibile. (sc)

BMC Genomic Data

The de novo, chromosome-level genome assembly of the sweet chestnut (*Castanea sativa* Mill.) Cv.

Marrone Di Chiusa Pesio

<https://rdcu.be/dLC5d>

(sc)