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. 1539 del 06/06/2017

Nature Genetics pubblica la ricerca sul risequenziamento del codice genetico del melo

Melo, scoperte le regioni del genoma responsabili dello sviluppo del frutto

Un'importante ricerca scientifica è stata pubblicata online ieri dalla prestigiosa rivista Nature Genetics. Un team di 25 ricercatori di Fondazione Edmund Mach, INRA di Angers, Università di Wageningen e Max Planck Institut di Tubinga ha risequenziato 64 genomi di melo attualmente coltivati in Europa, rappresentativi della variabilità del germoplasma del melo del Vecchio Continente, e ha messo in luce le parti del genoma responsabili dello sviluppo del frutto.
La ricerca, realizzata grazie a tecnologie molecolari di ultimissima generazione da un gruppo di ricercatori francesi, italiani, olandesi, tedeschi e sudafricani, consentirà al mondo scientifico di ottenere maggiori informazioni sui cromosomi del melo, perfezionare e velocizzare le attività di miglioramento genetico mirato ad ottenere varietà migliorative rispetto a quelle attualmente coltivate.

L'importante lavoro, reso possibile da un progetto europeo nell'ambito del 7° programma quadro e da un progetto francese, rappresenta, dunque, la base su cui si fonderanno tutti gli studi futuri sullo sviluppo del frutto.
La prestigiosa rivista scientifica che nel 2010 dedicò la copertina al sequenziamento del genoma melo ad opera dalla Fondazione Mach, torna dunque ad attrarre l'interesse della comunità scientifica internazionale.
“L’allora prestigioso risultato è stato bissato con questa collaborazione che – spiega Riccardo Velasco, responsabile del dipartimento di Genomica e Biologia delle Piante da Frutto FEM e co-firmatario dell’articolo – oltre ad aver prodotto numerose pubblicazioni sulla variabilità esistente nel panorama del melo europeo ed aver prodotto oltre 20 mappe genetiche utilizzate anche in questa pubblicazione, ha messo le basi per il sequenziamento di un melo dal genoma “sintetico”, originato dalla varietà Golden Delicious”.
Questo melo artificiale, era stato ottenuto in Francia (INRA, Angers) negli anni Settanta dal professor Yves Lespinasse: ha i cromosomi a due a due identici (doppio aploide) e questo ha consentito ai ricercatori di assemblare un genoma pressoché perfetto. Il sequenziamento e l’assemblaggio di questo genoma artificiale, oggetto della pubblicazione scientifica, ha migliorato ulteriormente la ricostruzione dei cromosomi rispetto a 7 anni fa.
Fondamentale in questa ricerca è stata la preparazione e l'esperienza che la ricercatrice Michela Troggio e il team degli altri ricercatori FEM Luca Bianco, Diego Micheletti e Gareth Linsmith, hanno messo a disposizione del progetto, portando prossima alla perfezione la lettura del corredo cromosomico di questo melo artificiale. La sua origine dalla Golden Delicious e le dimensioni del suo genoma, 50 milioni di nucleotidi in meno del melo coltivato, hanno facilitato il lavoro dei ricercatori fino al raggiungimento del risultato riconosciuto dalla prestigiosa rivista.
Dall’articolo emergono interessantissimi dati sulle regioni del genoma che giocano un ruolo fondamentale nello sviluppo del frutto, in particolare nel confronto tra le mele prodotte da una normale Golden e due di questi doppi aploidi che producono mele in miniatura.
Un altro aspetto interessante e, per certi aspetti curioso, è dato dalla comparazione con il DNA del pero, dal quale si è scoperto che risale a 25 milioni di anni fa la separazione filogenetica tra le due piante. Ma questa è

solo una piccola curiosità di un imponente lavoro che avrà forte ripercussioni sul miglioramento genetico per ottenere, ad esempio, varietà di maggior qualità, ma che al contempo richiedano un minor uso di antiparassitari.

La pubblicazione scientifica
Nature Genetics
“High-quality de novo assembly of the apple genome and methylome dynamics of early fruit development” ovvero “Assemblaggio di alta qualità del genoma del melo e analisi del metiloma nelle fasi precoci di sviluppo del frutto”
Nicolas Daccord, Jean-Marc Celton, Gareth Linsmith, Claude Becker, Nathalie Choisne, Elio Schijlen, Henri van de Geest, Luca Bianco, Diego Micheletti, Riccardo Velasco, Erica Adele Di Pierro, Jérôme Gouzy, D Jasper G Rees, Philippe Guérif, Hélène Muranty, Charles-Eric Durel, François Laurens, Yves Lespinasse, Sylvain Gaillard, Sébastien Aubourg, Hadi Quesneville, Detlef Weigel, Eric van de Weg, Michela Troggio & Etienne Bucher (2017-06-05)

http://hdl.handle.net/10449/42064

()