

Un consorzio internazionale, *The International Peach Genome Initiative* (IPGI), ha pubblicato sulla rivista *Nature Genetics* (24 marzo) la sequenza completa del genoma del pesco (Prunus persica). Il progetto, nato in Italia nel 2005 con il progetto DRUPOMICS e poi sfociato nel 2008 in una partnership Italia-USA, ha visto la partecipazione anche di istituzioni cilene, spagnole e francesi per un totale di 53 ricercatori appartenenti a più di 20 istituzioni.

In cabina di regia Ignazio Verde del Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura - Centro di Ricerca per la Frutticoltura di Roma, Michele Morgante dell'Istituto di Genomica Applicata e dell'Università di Udine, Francesco Salamini del Parco Tecnologico Padano di Lodi nonché presidente della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige, Albert Abbott della Clemson University e Daniel Rokhsar e Jeremy Schmutz del DOE Joint Genome Institute in California.

L'utilizzo di particolari metodologie di sequenziamento e di materiali appropriati ha consentito all'IPGI di ottenere una sequenza di alta qualità di cui il 99,3% è posizionata sui cromosomi della specie. Lo studio fornisce una dettagliata panoramica delle regioni funzionali del genoma del pesco individuando 27.852 geni tra i 230 milioni di nucleotidi (1/3 di quelli del melo e 1/13 di quello dell'uomo). Tra questi, 672 geni correlati non solo ai caratteri di qualità (maturazione, aroma, contenuto zuccherino), ma anche alla forma della pianta e del frutto. Un importante risultato scaturito dalla ricerca riguarda l'individuazione di circa un milione di varianti genetiche (marcatori molecolari) che hanno consentito di condurre uno studio dettagliato sulla biodiversità nel pesco e specie affini ricostruendo la storia evolutiva di questa pianta.

La compagine di ricerca italiana ha lavorato all'interno del progetto DRUPOMICS – "Sequenziamento del genoma del pesco ed utilizzo della sequenza in programmi di miglioramento della qualità del frutto del pesco e della resistenza alle malattie" – finanziato dal Ministero per le Politiche Agricole, Alimentari e Forestali, e coordinato da Ignazio Verde del Centro di Ricerca per la Frutticoltura di Roma e formato da ricercatori dell'Istituto di Genomica Applicata di Udine, del Parco Tecnologico Padano di Lodi, dell'Università di Udine, dell'Università di Bologna, dell'Università di Milano e della Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa,

contribuendo al raggiungimento di questo prestigioso traguardo.

"Avendo recentemente completato con successo lo studio di un temibile parassita del kiwi, il CRA è oggi in grado di annunciare un altro grande successo della propria ricerca: la decodifica del genoma del pesco che darà ricadute nella gestione delle produzioni peschicole in condizioni ambientali e climatiche fortemente dipendenti dal cambiamento climatico in corso", dichiara il Presidente del Consiglio della Ricerca e Sperimentazione in Agricoltura Prof. Giuseppe Alonzo. "Queste ricerche sono condotte con l'obiettivo – prosegue il Presidente del CRA – di rendere i prodotti dell'agricoltura in grado di sopportare maggiormente gli stress e nel contempo fornire al consumatore un prodotto con più alte qualità nutrizionali e salutistiche".

"La disponibilità della sequenza genomica della specie rappresenta una pietra miliare per gli studi di genetica applicata" afferma Ignazio Verde ricercatore del CRA e primo firmatario del lavoro. "L'ampia panoramica dei geni e dei marcatori molecolari individuati renderà possibile l'utilizzo su larga scala della selezione assistita con marcatori – continua Verde – al fine di ottenere varietà migliorate nelle loro caratteristiche qualitative, con proprietà benefiche alla salute dell'uomo, per la loro adattabilità ai cambiamenti climatici e per la resistenza ai principali parassiti della specie con costi ridotti e in tempi più brevi".

"Il Parco Tecnologico Padano di Lodi continua, con il pesco, le collaborazioni al decifra mento di genomi animali e vegetali. Risale infatti a soli pochi mesi fa la pubblicazione su Nature del genoma del suino dove, anche il quel caso, il Parco di Lodi ha dato il suo contributo. Si sottolinea il valore applicativo di queste iniziative che, in particolare nel settore vegetale, a livello internazionale vedono l'Italia in una posizione di rilievo" sottolinea Francesco Salamini, responsabile dell'Unità del Parco Tecnologico Padano e principale promotore del progetto DRUPOMICS. E' anche Presidente della Fondazione Edmund Mach di Trento e si interessa attivamente della decifrazione dei genomi di piante da frutto.

L'attività italiana si è indirizzata anche alla valutazione della biodiversità all'interno della specie. "L'analisi della diversità genetica presente fra varietà di pesco e fra esse e le specie selvatiche più vicine, realizzata presso l'Istituto di Genomica Applicata facendo uso delle più moderne metodologie di sequenziamento di nuova generazione e di analisi bioinformatiche, ha consentito di ricostruire l'impatto dei processi di addomesticamento e di selezione portati avanti dall'uomo sulla variabilità presente oggi nel pesco", dichiara Michele Morgante direttore scientifico dell'IGA. "Questo lavoro – prosegue Morgante – conferma le grandi potenzialità offerte dagli ultimi sviluppi nel sequenziamento e nell'analisi computazionale per comprendere quali siano le basi genetiche della diversità degli organismi viventi e come si modificano nel corso del tempo anche in seguito all'intervento umano".

Il lavoro è consultabile sul sito della rivista al seguente URL: http://dx.doi.org/doi:10.1038/ng.2586