

Il più grande sequenziamento di genoma realizzato finora ha interessato l'abete rosso (Picea abies) e il relativo paper è stato appena pubblicato su Nature. Nel progetto di sequenziamento, guidato dalle istituzioni svedesi "Umea Plant Science Center" e "Science for Life Laboratory" di Stoccolma, sono stati coinvolti 56 ricercatori provenienti da 23 centri distribuiti in nove nazioni e, fra le istituzioni italiane interessate dal progetto, un importante contributo è stato fornito dalla Scuola Superiore Sant'Anna, con la partecipazione del ricercatore Andrea Zuccolo, afferente all'Istituto di Scienze della Vita.

Le altre due istituzioni italiane che hanno partecipato al progetto sono l'Istituto di Genomica Applicata e l'Università di Udine. La sequenza del genoma dell'abete rosso è la prima prodotta per una gimnosperma. Le conifere, della cui famiglia fa parte l'abete rosso che tutti conosciamo per essere addobbato in occasione delle festività natalizie, hanno dominato le foreste per oltre 200 milioni di anni e rivestono un'enorme importanza ecologica ed economica. Le foreste di conifere coprono estesissime aree nell'emisfero settentrionale e svolgono un ruolo centrale in numerosissimi ecosistemi, contribuendo ampiamente ad una larga frazione della fotosintesi terrestre e della biomassa. Non bisogna poi dimenticare la rilevanza economica delle conifere in numerose economie.

Il sequenziamento dell'enorme genoma dell'abete rosso (20 miliardi di nucleotidi, con una dimensione pari a circa sette volte quella dell'intero genoma umano) ha condotto all'identificazione di 28354 geni. "Il numero – spiega Andrea Zuccolo - non differisce in maniera sostanziale da quello che caratterizza il genoma della pianta modello Arabidosis thaliana. Tuttavia – aggiunge - le dimensioni dei due genomi sono separate da due ordini di grandezza essendo il genoma dell'abete rosso almeno 100 volte più grande di quello di Arabidopsis thaliana. Nel lavoro pubblicato si dimostra come almeno il 70 per cento del genoma dell'abete sia composto da un numero elevatissimo di copie di elementi mobili". I compiti che hanno visto particolarmente coinvolta la Scuola Superiore Sant'Anna sono stati l'identificazione, la caratterizzazione e la quantificazione della frazione altamente ripetitiva del genoma dell'abete e delle altre gimnosperme sequenziate a bassa copertura nell'ambito dello stesso progetto: Pinus sylvestris, Abies sibirica, Juniperus communis, Taxus baccata e Gnetum gnemon.

Il paper è consultabile sul sito di Nature: http://dx.doi.org/10.1038/nature12211