

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. 3271 del 18/12/2019

La FEM ha coordinato il gruppo internazionale che ha decodificato il codice genetico del pero Bartlett identificando circa 37.400 geni

Decifrati i 17 cromosomi del pero: un altro grande successo della ricerca FEM

Dopo vite, melo, fragola, *Drosophila suzukii*, *Plasmopara viticola* e abete bianco, arriva un altro importante successo targato Fondazione Edmund Mach: la decodifica completa dei 17 cromosomi del genoma del pero, cultivar Bartlett. La FEM ha coordinato il team internazionale di esperti che ha appena pubblicato questo importante risultato, una risorsa fondamentale per lo studio del pero negli anni a venire, sulla rivista *GigaScience*. Una prima versione più frammentata del genoma era stata realizzata qualche anno fa nell'ambito di un gruppo di ricerca in cui era presente FEM, ma ora il lavoro è molto più completo e ha permesso di decifrare la struttura di tutti i 17 cromosomi che risultano così identificati con più precisione. L'attività di ricerca, finanziata in parte anche dalla Provincia autonoma di Trento, conferma l'alto grado di ripetitività di questo genoma e riporta una altissima corrispondenza con il genoma di melo e pero asiatico, individuando circa 37.400 geni codificanti proteine

"Questo progetto - spiega il Presidente FEM, **Andrea Segrè** - è innanzi tutto un'ulteriore testimonianza dell'alto valore scientifico della ricerca nel settore della genomica che si realizza nei nostri laboratori, nonché del network internazionale in cui siamo inseriti. Il pero non solo è una coltura di rilevanza nazionale ma anche è stata molto diffusa in passato sul nostro territorio e potrebbe rappresentare in futuro un'ulteriore ricchezza ampliando la biodiversità produttiva del Trentino. Inoltre questo studio ci ha permesso di acquisire delle conoscenze tecnico-scientifiche che poi possiamo trasferire su altre specie di rilevanza economico-agricola del nostro territorio".

Il team internazionale guidato dalle unità di biologia computazionale e genomica strutturale del Centro Ricerca e Innovazione FEM ha incluso ricercatori provenienti da importanti realtà come l'Università di Ghent (Belgio), Università della California Davis (USA), l'Institute for Plant and Food Research (Nuova Zelanda), l'INRA (Francia), l'Università di Tubingen (Germania), l'Università di Wageningen (Olanda) e, per l'Italia, il CREA.

Il pero riveste una grande importanza fra le colture frutticole a livello nazionale con una superficie di quasi 30 mila ettari, e che vede l'Emilia Romagna come principale regione di coltivazione. La coltura del pero nelle zone di fondovalle ha rappresentato per la frutticoltura trentina una realtà di tutto rispetto, progressivamente ridimensionata a favore del melo. Nelle aziende della Fondazione sono in corso da anni alcune prove sperimentali, anche per questa specie frutticola, in cui si approfondiscono alcune tematiche legate allo studio delle forme di allevamento e alla produttività di alcune combinazioni di varietà e portinnesto.

"Il lavoro, durato due anni, è partito grazie ad un rapporto stretto di collaborazione con l'Università della California (Davis), dove due delle dottorande della scuola di dottorato FEM hanno effettuato un periodo di post-doc - spiegano i ricercatori-. Presa la decisione di affrontare questo lavoro di sequenziamento abbiamo contattato i vari partner per proporre la collaborazione e così abbiamo realizzato questo consorzio dedicato al sequenziamento ed assemblaggio del genoma del pero europeo". Lo sforzo dei ricercatori si è avvalso delle più moderne tecnologie di sequenziamento ed assemblaggio per ricostruire la sequenza dei 17 cromosomi della cv. Bartlett con una qualità di gran lunga superiore a quanto non fosse disponibile in

precedenza per questa importante pianta da frutto.

I dati sono disponibili e facilmente accessibili per l'intera comunità scientifica nel portale di riferimento per le rosacee, the Genome database for Rosaceae gestito dalla Washington State University oltre che sulla banca dati della rivista. (sc)

GigaScience

Assemblaggio del genoma di un doppio aploide di pero 'Bartlett' a livello cromosomico

Pseudo-chromosome length genome assembly of a double haploid 'Bartlett' pear (Pyrus communis L.)

Gareth Linsmith, Stephane Rombauts, Sara Montanari, Cecilia H Deng, Jean-Marc Celton, Philippe Guérif, Chang Liu, Rolf Lohaus, Jason D Zurn, Alessandro Cestaro, Nahla V Bassil, Linda V Bakker, Elio Schijlen, Susan E Gardiner, Yves Lespinasse, Charles-Eric Durel, Riccardo Velasco, David B Neale, David Chagné, Yves Van de Peer, Michela Troggio, Luca Bianco, Pseudo-chromosome-length genome assembly of a double haploid "Bartlett" pear (Pyrus communis L.), GigaScience, Volume 8, Issue 12, December 2019, giz138

Clicca qui per leggere l'articolo scientifico

<https://openpub.fmach.it/handle/10449/58678#.XfNqGehKi70>

Interviste Video e Audio

[Andrea Segrè](#), [Claudio Moser](#)

[Intervista Segrè](#)[Intervista Moser](#)

(sc)