

Senza più segreti il super genoma dell'albero di Natale

Università di Udine e Iga hanno collaborato alla mappatura
I risultati serviranno a migliorare le coltivazioni intensive

di Federica Barella

Nuovo successo e nuovo importante risultato dell'università di Udine e dell'Istituto di genomica applicata (Iga), sotto la direzione del professor Michele Morgante, nell'ambito del mondo della ricerca applicata alla botanica, alla selvicoltura e allo sviluppo di alcune particolari coltivazioni. Queste due realtà friulane hanno infatti partecipato, nel contesto di un consorzio di ricerca internazionale, al più grande sequenziamento di genoma finora mai realizzato, quello dell'abete rosso, denominato scientificamente "picea abies", ma noto a tutti come "albero di Natale".

Un sequenziamento che oltre a incrementare il sapere scientifico servirà anche a potenziare e migliorare la coltivazione di questo tipo di albero, molto "sfruttato" nei paesi del nord Europa, del Canada e in parte degli Usa. Proprio per questo Ateneo friulano e Iga hanno collaborato



CARDIOPATIE

Tele-assistenza, sperimentazione in Ass4

Tele-assistenza e tele-vigilanza per ammalati cardiopatici. Ma anche possibilità, in casi di emergenza, di poter accedere in tempo reale ai dati essenziali dei pazienti. Sono le principali iniziative che Ass 4 Medio Friuli sperimenterà per conto della Regione nell'ambito del progetto

europeo "E-health", avviato con partner veneti, emiliani e sloveni. La collaborazione della Ass 4 con i dodici partner, già coinvolti nel progetto, si concentrerà sullo sviluppo del "Patient Summary" (il documento che sintetizza la "storia sanitaria" di un paziente).

negli ultimi due anni (unici partner italiani) con università e centri di ricerca svedesi, canadesi e belgi, grazie a un progetto finanziato dal governo di Stoccolma con 15 milioni di euro.

Un progetto che ora è approdato al suo primo risultato, con il completamento della mappa del genoma, e la pubblicazione dei dati, proprio ieri, sulla rivista scientifica internazionale "Nature".

In particolare il ruolo dei ricercatori dell'ateneo di Udine e

dell'Iga è stato quello di analizzare i dati di sequenza per comprendere la composizione del genoma in termini di Dna "spazzatura", ovvero di Dna più vecchio, originatosi decine di milioni di anni fa, che solitamente nelle altre piante si "perde", ma che in questo caso continua a "resistere" tanto da poter arrivare a dire che l'abete rosso non è soltanto un fossile botanico ma anche un fossile molecolare. Scopo dei ricercatori udinesi era quello di costruire poi un model-



lo per l'evoluzione del genoma dell'abete rosso.

Il genoma di questa pianta (che tradizionalmente viene utilizzata per gli addobbi durante il periodo delle festività invernali, da qui il nome di "albero di Natale"), si è originato oltre 300 milioni di anni fa, con una dimensione di 20 miliardi di basi di Dna, a fronte del genoma umano che conta "appena" 3 miliardi di basi. Quello dei ricercatori è stato dunque un lavoro monumentale, facilitato soltanto

dall'uso di alcune nuove tecnologie di sequenziamento del Dna, denominate "Next Generation Sequencing", che hanno diminuito costi e aumentato notevolmente la velocità del processo.

I risultati del sequenziamento saranno ora di grande aiuto per accelerare il miglioramento genetico della specie. Questo ne favorirà il processo di "addomesticamento" per una selvicoltura di tipo intensivo con sempre maggiore prodotti-

vità e minore impatto ambientale attraverso nuovi schemi di incrocio e selezione delle piante più promettenti. In molti paesi europei e nordamericani, infatti, l'abete è la principale specie utilizzata nella selvicoltura intensiva fornendo sia legname da opera e costruzione sia cellulosa.

© RIPRODUZIONE RISERVATA



www.messaggeroveneto.it