

## Su Nature Genetics i segreti del pesco

Un consorzio internazionale, The International Peach Genome Initiative, ha pubblicato sulla rivista Nature Genetics 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. «La disponibilità della sequenza genomica della specie rappresenta una pietra miliare per gli studi di genetica applicata» afferma Ignazio Verde. «L'ampia panoramica dei geni e dei marcatori molecolari individuati – continua Verde – renderà possibile l'utilizzo su larga scala della selezione assistita con marcatori 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». 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 – spiega Michele Morgante - di ricostruire l'impatto dei processi di addomesticamento e di selezione portati avanti dall'uomo sulla variabilità presente oggi nel pesco. Questo lavoro 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>