

2 marzo 2011

Svelato il genoma della fragola

Con la pubblicazione del genoma della fragola sulla rivista **Nature Genetics** si vedono realizzati gli obiettivi della vasta comunità internazionale delle *Rosaceae* (RosIGI, *Rosaceae* International Genomics Initiative), nata a metà degli anni '90, con l'intento di sequenziare i genomi delle più rappresentative specie da frutto di questa famiglia botanica: melo, pesco e fragola.

Il congresso più importante nel campo della genetica e genomica di piante e animali (Plant and Animal Genome Conference, San Diego California) ne ha sancito alla sua 19° edizione il successo ed il plauso della comunità scientifica. Di fatto, è la prima famiglia botanica ad avere 3 genomi sequenziati, oltre a quelli del pero, del lampone e del ciliegio in arrivo presumibilmente nel corso del 2011, che consentiranno studi di genomica comparata molto approfonditi e presumibilmente fruttuosi come mai realizzati fino ad oggi.

Il genoma della fragola è il più piccolo genoma di pianta coltivata fino ad ora decodificato, con una dimensione stimata di circa 210 milioni di basi. Sono stati identificati al momento 34.809 geni nell'oltre 98% del genoma assemblato, di cui il 92% assegnato ai

relativi cromosomi. Si tratta del primo genoma portato a termine interamente con la tecnologia 454/Roche ed assemblato *de novo* con un elevato grado di precisione. Di particolare interesse, si segnalano i geni coinvolti nei percorsi metabolici dei composti aromatici e altri metaboliti secondari che caratterizzano la specie, oltre che nella fragola, oggetto di miglioramento genetico nelle piante da frutto della stessa famiglia, come appunto melo e pesco. Le potenzialità che adesso si aprono al miglioramento genetico assistito dai marcatori molecolari (MAS) nonché ad applicazioni biotecnologiche sono pressoché illimitate.

Roberto Viola



(foto: archivio Georgofili)