

13 giugno 2012

## SEQUENZIATO PER LA PRIMA VOLTA IL GENOMA DEL PERO

\*\*\*



Un consorzio internazionale, composto da sette Università e istituti, ha completato la prima sequenza genomica del pero. *Pyrus spp.* è uno degli alberi da frutto più importanti e più antichi, coltivato nelle regioni temperate, che ha avuto probabile origine durante il periodo Terziario (65-55 milioni di anni fa) nel sud-ovest della Cina. Geneticamente è molto diversificato, con oltre 5.000 cultivar e accessioni presenti in tutto il mondo che possono essere suddivise in due gruppi principali, le pere europee, o occidentali, e le pere asiatiche, o "orientali".

Da quando il progetto di sequenziamento del genoma del pero è stato avviato, nel mese di aprile 2010, il consorzio ha dedicato grandi sforzi al sequenziamento, assemblaggio e annotazione de novo. Lo sforzo congiunto ha prodotto una sequenza del genoma diploide di alta qualità per l'importanza commerciale della cultivar asiatica "Suli", *P. bretschneideri* Rehd. cv. Dangshansuli.

E' stato assemblato il 97,1% del totale del genoma. Tali porzioni assemblate sono allineate e orientate ai loro corrispondenti 17 cromosomi, utilizzando una mappa genetica ad alta densità.

Il professor Shaoling Zhang, lo scienziato responsabile del progetto di sequenziamento del genoma del pero alla Nanjing Agricultural University, ha detto: "Il sequenziamento completo del genoma del pero fornisce agli scienziati una solida base scientifica per esplorare le complesse caratteristiche genetiche alla base del frutto del pero, come ad esempio i geni chiave correlati a colore, gusto, conservazione, resistenza alle malattie e agli insetti, nonché alla produttività. Inoltre, la sequenza genomica offre una nuova preziosa risorsa per tracciare la storia evolutiva della pera".

L'accesso ai dati genomici del pero è ora disponibile online: [peargenome.njau.edu.cn](http://peargenome.njau.edu.cn)

da: Freshplaza.it. 8 giugno 2012

Foto: agrifutur.com