

Il genoma del frumento tenero: a breve il sequenziamento completo

by Giuseppe
Morello

Il consorzio internazionale per il sequenziamento del genoma del frumento (**International Wheat Genome Sequencing Consortium, IWGSC**) – di cui fa parte anche il Consiglio per la Ricerca e la sperimentazione in Agricoltura (**CRA**) – ha pubblicato oggi, sulla prestigiosa rivista scientifica internazionale **Science**, la prima bozza della sequenza del **genoma del frumento tenero**, realizzata

attraverso la separazione ed il parziale sequenziamento di ciascuno dei 21 cromosomi. Il frumento ha un genoma con una dimensione pari a cinque volte il genoma umano e a quaranta volte quello del riso.



Questo lavoro contiene nuove scoperte sulla struttura, sull'organizzazione e sull'evoluzione del genoma della specie più coltivata al mondo. Il lavoro descrive i geni del frumento e la loro distribuzione sui cromosomi e fornisce inoltre indicazioni per sviluppare un numero – di fatto illimitato – di marcatori molecolari, che sono lo strumento fondamentale per accelerare il miglioramento genetico del frumento.

Per la prima volta, chi si occupa di selezionare nuove varietà di frumento potrà disporre di conoscenze e strumenti, capaci di identificare in modo rapido e preciso – come mai in passato – i geni che controllano importanti caratteri agronomici (produzione, resistenza a malattie ed a stress abiotici) e qualitativi. Attraverso l'utilizzo di marcatori molecolari, sarà possibile selezionare nuove varietà più produttive, più resistenti alle malattie (limitando il ricorso a trattamenti chimici), più salubri (con meno micotossine) e di superiore livello qualitativo. Il lavoro realizzato sul frumento tenero avrà importanti ricadute, anche nel settore del frumento duro.

L'Italia, con il CRA, ha partecipato grazie ad uno specifico progetto, denominato *MAPPA 5A* e coordinato da Michele Stanca, in cui i ricercatori si sono occupati dell'identificazione di una specifica categoria di geni codificanti per *microRNA*. Si tratta di piccole molecole con funzione regolatrice, presenti sia negli animali che nelle piante, capaci di intervenire in processi fondamentali quali lo sviluppo e la risposta alle malattie ed agli stress abiotici. Nel genoma del frumento è stato trovato un numero di potenziali geni codificanti per *microRNA* molto più elevato di quello trovato in qualunque altra specie (un aspetto connesso alla particolare storia evolutiva del frumento) e la loro identificazione apre nuove possibilità per comprendere e migliorare questa importante specie vegetale.

“La pubblicazione di questa prima bozza della sequenza del genoma del frumento è una pietra miliare verso il completamento della sequenza completa del genoma del frumento, vero obiettivo del consorzio internazionale” ha sottolineato **Luigi Cattivelli**, direttore del Centro del CRA per la genomica vegetale.

“Il frumento è solo l'ultimo passo, in ordine di tempo, di un ambizioso percorso di ricerca, intrapreso da tutto il CRA sul fronte del sequenziamento genetico di diverse specie vegetali, basti ricordare gli agrumi e la pesca – ha commentato il presidente CRA **Giuseppe Alonzo** – L'innovazione e la competitività della nostra agricoltura passano da qui, dalla nostra ricerca”.

Il lavoro è consultabile sul sito della rivista al seguente URL:
<http://www.sciencemag.org/content/345/6194/1251788.abstract>

Giuseppe Morello



Related Posts

None