

molto elevata (7,84 Kg), dolce (14° Brix), con bassa acidità (pH 3,34; acidità titolabile 17,9 meq/100g), succosa e spicca. Il sapore, mediamente aromatico, è ottimo. Dopo un periodo di conservazione di 12 giorni i frutti sono sempre esteticamente apprezzabili, sodi e non presentano difetti.

Valutazione della variabilità genetica di alcune cultivar di nespolo del Giappone mediante SSRs e AFLP

Diego Padoan¹, Maria Luisa Badenes², Maria Antonetta Germanà¹ e Francesca Barone¹

diego.padoan@unipa.it

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università di Palermo

² Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Valencia (Spagna)

Il nespolo del Giappone (*Eriobotrya japonica* (Thunb) Lindl) è una specie appartenente alla famiglia delle Rosaceae che esiste nell'area mediterranea come coltivazione alternativa e di nicchia. In Italia, la nespolicoltura è concentrata soprattutto in Sicilia e più precisamente nell'area costiera del palermitano, dove le varietà maggiormente coltivate sono rappresentate da ecotipi locali o selezioni rurali derivanti da libera impollinazione. In un'ottica di miglioramento genetico della varietà e per aiutare la selezione, l'analisi della variabilità genetica è di importanza fondamentale. In questo lavoro, è stata analizzata la variabilità genetica di 20 varietà presenti all'interno di un campo di germoplasma in provincia di Palermo contenente le più comuni e maggiormente rappresentative cultivar all'interno dell'intero Mediterraneo. Inoltre, mediante l'utilizzo combinato dei marcatori molecolari, 16 SSR e 4 AFLPs, si è potuto valutare l'origine ancestrale delle più comuni cultivar utilizzate negli impianti fruttiferi, confermando l'origine cinese del nespolo e la sua introduzione in Europa soltanto nel 18° secolo come pianta prettamente ornamentale.

Effetti dello stress idrico su popolazioni di microRNA conservati e specifici in due diversi genotipi di vite

Chiara Pagliarani¹, Marco Incarbone¹, Claudio Forcato², Marco Vitali¹, Eleonora Logreco¹, Manuela Ferrero¹, Giorgio Valle² e Andrea Schubert¹

chiara.pagliarani@unito.it

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università di Torino

² Centro Ricerche Interdipartimentale Biotecnologie Innovative, Università di Padova

Nelle piante, i microRNA (miRNA) ricoprono un ruolo cruciale nella regolazione di geni coinvolti in processi fisio-

logici e di sviluppo e nella risposta agli stress. In questo lavoro, sono stati studiati gli effetti dello stress idrico sulle popolazioni di miRNA presenti in tessuti di foglia e radice di due distinti genotipi di vite, *Vitis vinifera* cv Cabernet Sauvignon (CS) e il portinnesto M4 (*Vitis vinifera* X *Vitis berlandieri*). Un totale di 24 piante di CS e M4 è stato sottoposto ad un trattamento di stress idrico della durata di 10 giorni. Durante la prova, gli scambi gassosi (g_s) e il potenziale idrico fogliare (Ψ_{leaf}) sono stati misurati giornalmente sulle piante trattate e sulle piante irrigate, al fine di individuare il momento di massimo stress ideale per il campionamento ($g_s < 0.05 \text{ mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ and $\Psi_{leaf} \sim -1.4 \text{ MPa}$). Da tessuti di foglia (F) e radice (R) provenienti da piante in stress e da piante controllo di entrambi i genotipi, è stato estratto l'RNA a basso peso molecolare, impiegato per la preparazione di librerie di cDNA processate tramite sequenziamento SOLiD. I risultati di sequenziamento mostrano 105 miRNA con variazioni di espressione significative dipendenti dal trattamento o dal diverso genotipo. Di queste sequenze, 77 appartengono a miRNA conservati, mentre 28 sono state riconosciute come miRNA specifici di vite. Su alcuni miRNA conservati, tipicamente coinvolti nella risposta a stress abiotici (miR159, miR393, miR156 e miR396), e sui relativi trascritti bersaglio sono state validate le differenze di espressione mediante RT-qPCR. Altre analisi di espressione sono state condotte su 13 miRNA specifici, positivamente o negativamente modulati in presenza di stress o esclusivamente attivati in uno solo dei due genotipi considerati. Allo scopo di completare la caratterizzazione dei nuovi miRNA, si sono inoltre individuate le relative sequenze bersaglio tramite analisi bioinformatica e su queste sono in corso analisi di espressione e 5'RACE. Questo studio è finanziato dal progetto AGER-SERRES n° 2010-2105.

Clementine 'Angiulli' mutazione genetica spontanea dal Clementine 'Comune' a maturazione precoce dei frutti

Girolamo Russo

girolamo.russo@agr.uniba.it

Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari "Aldo Moro"

Nel presente lavoro viene ripartata la valutazione di una nuova mutazione genetica del clementine 'Comune' chiamata clementine 'Angiulli', rinvenuta in agro di Massafra, in provincia di Taranto. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di mettere a confronto le caratteristiche morfologiche e qualitative dei frutti della mutazione spontanea clementine 'Angiulli', con i frutti del clementine 'Comune' al fine di individuare i pregi e l'epoca di maturazione commerciale più idonea dei frutti. Sono state determinate, come da scheda pomologia ufficiale del CRA ex MIPAF, le caratteristiche di frutti e succo: colore della buccia, peso del frutto, diametri equatoriali e longitudinali, spessore della buccia, larghezza dell' asse carpellare, aperture e chiusura