

Il Crea, Genomics Research Centre, Fiorenzuola d'Arda (Team leader Luigi Cattivelli) ha partecipato al consorzio internazionale coordinato dal DISAFA - Genetica agraria - dell'Università degli Studi di Torino (nell'ambito del Composite Genome Project (CGP), che ha decodificato il genoma del carciofo.

RASSEGNA STAMPA

A cura dell'Ufficio Stampa

25 gennaio 2016

DISAFA: Decodificato il genoma del carciofo

Comunicato stampa: La sequenza del genoma è stata pubblicata nell'ultimo numero della rivista Scientific Reports

Il genoma di carciofo (*Cynara cardunculus* var. *scolymus* L.), di cui l'Italia è il primo paese produttore a livello mondiale, è stato recentemente decodificato ad opera di un consorzio internazionale coordinato dal DISAFA - Genetica agraria - dell'Università degli Studi di Torino (Team leader Prof. Sergio Lanteri), nell'ambito del Compositae Genome Project (CGP). Il progetto è iniziato nel 2011 in collaborazione con il Di3A dell'Università di Catania (Team leader Prof. Giovanni Mauromicale) ed il Genome Center dell'University of California, Davis, (Team leader Prof. Richard Michelmore) a cui, in una seconda fase, si sono associati l'University of British Columbia (Team leader Prof. Loren Rieseberg) ed il **Crea, Genomics Research Centre, Fiorenzuola d'Arda (Team leader Luigi Cattivelli)**.

Il carciofo, così come il cardo coltivato (*C. cardunculus* var. *altilis* DC) sono il risultato di processi di domesticazione indipendenti avvenuti nel bacino del Mediterraneo, luogo di origine della specie, a partire da un comune progenitore: il cardo selvatico [*Cynara cardunculus* var. *sylvestris* (Lamk) Fiori]. La specie, oltre che a scopo alimentare, è sfruttata come fonte di composti ad azione antiossidante, quali fenilpropanoidi e sesquiterpeni lattonici, inulina (un prebiotico estratto dalle radici) ed olio (estratto da semi - acheni) dotato di ottime caratteristiche organolettiche ed utilizzato come biocarburante. Inoltre, studi recenti condotti anche presso il DISAFA, ne hanno evidenziato le ottime potenzialità per la produzione di biomassa quale fonte energetica alternativa.

La sequenza del genoma del carciofo è stata pubblicata nell'ultimo numero della rivista Scientific Reports (Nature Publishing Group) ed i dati riportati nello studio sono disponibili nel sito www.artichokegenome.unito.it e in NCBI. Tale sequenza è la prima, completamente fruibile

dalla comunità scientifica, di una specie coltivata appartenente alla famiglia delle Compositae (Asteraceae), che include specie ampiamente diffuse in coltivazione e di notevole rilevanza economica quali il girasole, la lattuga e la cicoria.

L'assemblaggio copre 725 delle 1.084 Mb che costituiscono il genoma della specie. La sequenza codifica per circa 27.000 geni ed ha un contenuto di elementi ripetuti pari al 58,4%, la cui espansione si stima sia avvenuta circa 2,5 milioni di anni fa. A seguito del risequenziamento di un genotipo di carciofo, di un genotipo di cardo coltivato e della loro progenie F1, il genoma è stato ancorato in 17 pseudomolecole, che corrispondono all'assetto cromosomico aploide della specie. Ciò grazie allo sviluppo della pipeline SOILoCo (Scaffold Ordering by Imputation with Low Coverage), che rappresenta un valido strumento per analisi genomiche anche in altre specie allogame.

La comprensione della struttura del genoma del carciofo è fondamentale per identificare le basi genetiche di caratteri di interesse agronomico e la futura applicazione di programmi di selezione assistita.

CREA

CREA: IL NOSTRO CONTRIBUTO ALLA DECODIFICA DEL GENOMA DEL CARCIOFO

Pubblicato il 26/01/2016 at 15:25



Anche il CREA, il più importante ente italiano di ricerca agroalimentare, ha partecipato al consorzio internazionale, coordinato dall'Università degli Studi di Torino, che, nell'ambito del Compositae Genome Project (CGP), ha sequenziato il genoma del carciofo.

Nello specifico, il CREA, con il suo Centro di ricerca per la Genomica vegetale, ha contribuito all'attività di annotazione dei geni sul genoma, cioè a quella parte del lavoro di sequenziamento in cui si dà un nome e, quando possibile, una presunta funzione ai vari geni. In particolare, i ricercatori CREA hanno identificato una specifica categoria di geni, quelli 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 carciofo

sono stati trovati 73 differenti microRNA, alcuni dei quali presenti in decine o centinaia di copie nel genoma.

Un risultato importante, appena pubblicato su Scientific Reports – la prestigiosa rivista del gruppo Nature – non solo per la nostra ricerca, ma anche per la nostra agricoltura. Basti pensare che l'Italia è il primo produttore mondiale di carciofi e che questa coltura tipica, con le sue peculiari caratteristiche organolettiche, è al centro di tanti piatti e ricette della nostra cultura alimentare, dal Piemonte alla Sicilia.

“La decodifica del suo genoma – afferma Luigi Cattivelli, direttore del CREA Genomica Vegetale che ha contribuito al progetto – è un passo fondamentale per comprendere le basi genetiche dei caratteri di interesse agronomico come le resistenze alle malattie, ma anche per identificare i geni che controllano le particolari caratteristiche nutrizionali ed organolettiche, molto apprezzate in cucina. Queste conoscenze – conclude lo studioso – permetteranno di migliorare le varietà coltivate, ma anche di difendere le peculiarità delle varietà più pregiate”.

Ora, il prossimo obiettivo degli scienziati sarà il sequenziamento del grano duro, un'altra tipica coltura italiana. A tal fine, il CREA, è impegnato sia con il suo Centro di Genomica sia con quello di Cerealicoltura, in un consorzio internazionale che comprende, tra i partner italiani, anche CNR, Università di Bologna, ENEA.

RASSEGNAS

CREA: il nostro contributo alla decodifica del genoma del carciofo



STAMPÀ

Anche il [CREA](#), il più importante ente italiano di ricerca agroalimentare, ha partecipato al consorzio internazionale, coordinato dall'Università degli Studi di Torino, che, nell'ambito del *Compositae Genome Project* (CGP), ha sequenziato il genoma del carciofo.

Nello specifico, il CREA, con il suo Centro di ricerca per la Genomica vegetale, ha contribuito all'attività di annotazione dei geni sul genoma, cioè a quella parte del lavoro di sequenziamento in cui si dà un nome e, quando possibile, una presunta funzione ai vari geni.

In particolare, i ricercatori CREA hanno identificato una specifica categoria di geni, quelli 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 carciofo sono stati trovati 73 differenti microRNA, alcuni dei quali presenti in decine o centinaia di copie nel genoma.

Un risultato importante, appena pubblicato su *Scientific Reports* - la prestigiosa rivista del gruppo *Nature* - non solo per la nostra ricerca, ma anche per la nostra agricoltura. Basti pensare che l'Italia è il primo produttore mondiale di carciofi e che questa coltura tipica, con le sue peculiari caratteristiche organolettiche, è al centro di tanti piatti e ricette della nostra cultura alimentare, dal Piemonte alla Sicilia.

"La decodifica del suo genoma – afferma **Luigi Cattivelli**, direttore del CREA Genomica Vegetale che ha contribuito al progetto - è un passo fondamentale per comprendere le basi genetiche dei caratteri di interesse agronomico come le resistenze alle malattie, ma anche per identificare i geni che controllano le particolari caratteristiche nutrizionali ed organolettiche, molto apprezzate in cucina. Queste conoscenze – conclude lo studioso - permetteranno di migliorare le varietà coltivate, ma anche di difendere le peculiarità delle varietà più pregiate".

Ora, il prossimo obiettivo degli scienziati sarà il sequenziamento del grano duro, un'altra tipica coltura italiana. A tal fine, il CREA, è impegnato sia con il suo Centro di Genomica sia con quello di Cerealicoltura, in un consorzio internazionale che comprende, tra i partner italiani, anche CNR, Università di Bologna, ENEA.

Data di pubblicazione: 27/01/2016

Università degli Studi di Torino: Decodificato il genoma del carciofo



STAMPA

Il genoma di **carciofo** (*Cynara cardunculus* var. *scolymus* L.), di cui l'Italia è il primo paese produttore a livello mondiale, è stato recentemente decodificato ad opera di un consorzio internazionale coordinato dal **DISAFA - Genetica agraria - dell'Università degli Studi di Torino** (Team leader Prof. Sergio Lanteri), nell'ambito del Compositae Genome Project (CGP). Il progetto è iniziato nel 2011 in collaborazione con il Di3A dell'Università di Catania (Team leader Prof. Giovanni Mauromicale) ed il Genome Center dell'University of California, Davis, (Team leader Prof. Richard Michelmore) a cui, in una seconda fase, si sono associati l'University of British Columbia (Team leader Prof. Loren Rieseberg) ed il **Crea**, Genomics Research Centre, Fiorenzuola d'Arda (Team leader Luigi Cattivelli).

Il carciofo, così come il cardo coltivato (*C. cardunculus* var. *altilis* DC) sono il risultato di processi di domesticazione indipendenti avvenuti nel bacino del Mediterraneo, luogo di origine della specie, a partire da un comune progenitore: il cardo selvatico [*Cynara cardunculus* var. *sylvestris* (Lamk) Fiori].

La specie, oltre che a scopo alimentare, è sfruttata come fonte di composti ad azione antiossidante, quali fenilpropanoidi e sesquiterpeni lattonici, inulina (un prebiotico estratto dalle radici) ed olio (estratto da semi - acheni) dotato di ottime caratteristiche organolettiche ed utilizzato come biocarburante. Inoltre, studi recenti condotti anche presso il DISAFA, ne hanno evidenziato le ottime potenzialità per la produzione di biomassa quale fonte energetica alternativa. La sequenza del genoma del carciofo è stata pubblicata nell'ultimo numero della rivista *Scientific Reports* (Nature Publishing Group) ed i dati riportati nello studio sono disponibili nel sito www.artichokegenome.unito.it e in NCBI. Tale sequenza è la prima, completamente fruibile dalla comunità scientifica, di una specie coltivata appartenente alla famiglia delle Compositae (Asteraceae), che include specie ampiamente diffuse in coltivazione e di notevole rilevanza economica quali il girasole, la lattuga e la cicoria. L'assemblaggio copre 725 delle 1.084 Mb che costituiscono il genoma della specie. La sequenza codifica per circa 27.000 geni ed ha un contenuto di elementi ripetuti pari al 58,4%, la cui espansione si stima sia avvenuta circa 2,5 milioni di anni fa. A seguito del risequenziamento di un genotipo di carciofo, di un genotipo di cardo coltivato e della loro progenie F1, il genoma è stato ancorato in 17 pseudomolecole, che corrispondono all'assetto cromosomico aploide della specie. Ciò grazie allo sviluppo della pipeline SOILoCo (Scaffold Ordering by Imputation with Low Coverage), che rappresenta un valido strumento per analisi genomiche anche in altre specie allogame. La comprensione della struttura del genoma del carciofo è fondamentale per identificare le basi genetiche di caratteri di interesse agronomico e la futura applicazione di programmi di selezione assistita.

AGRA PRESS

RICERCA: DAL CREA CONTRIBUTO A DECODIFICA GENOMA CARCIOFO

560 - 26:01:16/15:23 - roma, (agra press) - anche il Crea ha partecipato al consorzio internazionale, coordinato dall'universita' degli studi di torino, che, nell'ambito del compositae genome project (cgp), ha sequenziato il genoma del carciofo. piu' specificatamente, il centro di ricerca per la genomica vegetale del consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria ha contribuito all'attivita' di annotazione dei geni sul genoma, cioe' a quella parte del lavoro di sequenziamento in cui si da' un nome e, quando possibile, una presunta funzione ai vari geni. si tratta - sottolinea il crea - di un "risultato importante, appena pubblicato su 'scientific reports', prestigiosa rivista del gruppo 'nature', non solo per la nostra ricerca, ma anche per la nostra agricoltura. basti pensare che l'italia e' il primo produttore mondiale di carciofi". "la decodifica del genoma del carciofo - afferma luigi CATTIVELLI, direttore del crea genomica vegetale, che ha contribuito al progetto - e' un passo fondamentale per comprendere le basi genetiche dei caratteri di interesse agronomico, come le resistenze alle malattie, ma anche per identificare i geni che controllano le particolari caratteristiche nutrizionali ed organolettiche, molto apprezzate in cucina". "queste conoscenze - conclude lo studioso - permetteranno di migliorare le varieta' coltivate, ma anche di difendere le peculiarita' delle varieta' piu' pregiate".