

Ignazio Verde Curriculum Vitae

Ignazio Verde si è laureato in Scienze agrarie nel 1987 presso l'Università di Palermo. Dal febbraio 1989 al gennaio 1990 ha lavorato come borsista in Viticoltura presso l'Istituto di Coltivazioni Arboree dell'Università di Palermo. Ha ottenuto una posizione di ricercatore permanente nel 1990 presso il L'Istituto Sperimentale per la Frutticoltura di Roma (Italia), uno dei centri dell'attuale Consiglio di ricerca agricola ed economia (CREA). Attualmente ha una posizione di ricercatore senior. Dall'ottobre 1992 al febbraio 1993 e dal dicembre 2001 al giugno 2002 ha lavorato come *Visiting Scientist* alla Clemson University per dare un contributo alla costruzione di mappe di associazione e mappe di trascrizione in pesco (*Prunus persica*).

I suoi principali interessi scientifici in questi anni sono stati gli studi di genetica e genomica delle specie del genere *Prunus*, in particolare del pesco. Ha collaborato allo sviluppo della mappa di riferimento di *Prunus* (TxE) ottenuta nell'ambito di un progetto europeo. I principali risultati riguardano l'isolamento dei marcatori molecolari, la costruzione di mappe genetiche, l'analisi QTL, l'analisi della diversità genetica e, più recentemente, il sequenziamento dell'intero genoma della pesca, l'analisi del genoma di *Prunus* attraverso approcci NGS, l'analisi dei trascrittomi, la genomica funzionale e comparativa e la clonazione genica. Ha partecipato a diversi progetti nazionali ed europeo coordinando due consorzi internazionali, l'International Peach Genome Initiative (IPGI) che ha sequenziato, analizzato e rilasciato la sequenza del genoma del pesco, e l'International Peach SNP Consortium (IPSC) che ha ottenuto e rilasciato l'array IPSC 9K SNP, un importante strumento per analisi genetiche in pesco. Ha collaborato all'isolamento dei geni causali per tre importanti tratti in pesco: *PpCCD4* che controlla la colorazione della polpa, *PpeMYB25* che è responsabile del tratto pesco / nettarina e il fattore di trascrizione NAC che controlla la data di maturità in pesco. Uno dei suoi principali interessi scientifici attuali è lo studio della diversità genetica nella pesca, il modo in cui l'attività umana (addomesticamento e allevamento) l'ha plasmata e come può essere sfruttata per migliorare l'industria della pesca.

Dal 2018 è il coordinatore scientifico del progetto italiano (RGV FAO) che ha come scopo la conservazione, la caratterizzazione, lo scambio e l'uso sostenibile delle risorse genetiche vegetali per la l'alimentazione e l'agricoltura (PGRFA) che recepisce e implementa a livello nazionale il Trattato Internazionale sulle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura della FAO.

Di recente guida il sotto-progetto (BIOSOSFRU) nell'ambito del progetto di bandiera italiano Biotech con l'obiettivo di applicare le nuove tecniche di miglioramento genetico (NBT) alle specie da frutto come *Prunus*, *Malus*, *Pyrus*, *Fragaria* e *Actinidia*.

Ha partecipato a numerosi simposi e conferenze tenendo anche relazione ad invito.

Pubblicazioni principali

Rajapakse S, Belthoff LE, He G, Estager AE, Scorza R, Verde I, Ballard RE, Baird WV, Callahan A, Monet R, Abbott AG (1995) Genetic linkage mapping in peach using morphological, RFLP and RAPD markers Theoretical and Applied Genetics 90: 503-510

Joobeur T, Viruel MA, de Vicente MC, Jauregui B, Ballester J, Dettori MT, Verde I, Truco MJ, Messeguer R, Batlle I, Quarta R, Dirlwanger E, Arús P (1998) Construction of a saturated linkage map for *Prunus* using an almond x peach F2 progeny Theoretical and Applied Genetics 97:1034–1041

- Testolin R, Marrazzo T, Cipriani G, Quarta R, Verde I, Dettori MT, Pancaldi M, Sansavini S (2000) Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars *Genome* 43: 512–520
- Dettori MT, Quarta R, Verde I (2001) A peach linkage map integrating RFLPs, SSRs, RAPDs and morphological markers *Genome* 44: 783–790
- Horn R, Lecouls AC, Callahan A, Dandekar A, Garay L, McCord P, Howad W, Chan H, Verde I, Ramaswamy K, Main D, Jung S, Georgi L, Forrest S, Mook J, Zhebentyayeva T, Yu Y, Kim HR, Jesudurai C, Sosinski B, Arús P, Baird V, Parfitt D, Reighard G, Scorza R, Tomkins J, Wing R, Abbott AG (2005) Candidate gene database and transcript map for peach, a model species for fruit trees *Theoretical and Applied Genetics* 110: 1419-1428
- Verde I, Lauria M, Dettori MT, Vendramin E, Balconi C, Micali S, Wang Y, Marrazzo MT, Cipriani G, Hartings H, Testolin R, Abbott AG, Motto M, Quarta R (2005) Microsatellite and AFLP markers in the *Prunus persica* [L. (Batsch)] x *P. ferganensis* BC1 linkage map: saturation and coverage improvement *Theoretical and Applied Genetics* 111: 1013-1021.
- Blenda AV, Verde I, Georgi LL, Reighard GL, Forrest SD, M. Muñoz-Torres, Baird WV, Abbott AG (2007) Construction of a genetic linkage map and identification of molecular markers in peach rootstocks for response to Peach Tree Short Life Syndrome *Tree Genetics and Genomes* 3: 341-350
- Vendramin E, Dettori MT, Giovinazzi J, Micali S, Quarta R, Verde I* (2007) A set of EST-SSRs isolated from peach fruit transcriptome and their transportability across *Prunus* species *Molecular Ecology Notes* 7: 307-310;
- Testone G, Condello E, Verde I, Caboni E, Iannelli MA, Bruno L, Mariotti D, Bitonti MB, Giannino D (2009) The peach (*Prunus persica* [L.] Batsch) homeobox gene *KNOPE3*, which encodes a class 2 knotted-like transcription factor, is regulated during leaf development and triggered by sugars *Molecular Genetics and Genomics* 282: 47–64.
- Verde I, Bassil N, Scalabrin S, Gilmore B, Lawley CT, Gasic K, Micheletti D, Rosyara UR, Cattonaro F, Vendramin E, Main D, Aramini V, Blas AL, Mockler TC, Bryant DW, Wilhelm L, Troggio M, Sosinski B, Aranzana MJ, Arus P, Iezzoni A, Morgante M, Peace C (2012) Development and evaluation of a 9K SNP array for peach by internationally coordinated SNP detection and validation in breeding germplasm. *PLoS ONE* 7(4): e35668
- Jung S, Cestaro A, Troggio M, Main D, Zheng P, Cho IH, Folta KM, Sosinski B, Abbott AG, Arus P, Shulaev V, Verde I, Morgante M, Rokhsar DS, Velasco V, Sargent D (2012) Whole Genome Comparisons of *Fragaria*, *Prunus* and *Malus* Reveal Different Modes of Evolution Between Rosaceous Subfamilies *BMC Genomics* 2012, 13:129.
- Arús P, Verde I, Sosinski B, Zhebentyayeva T, Abbott AG (2012) The peach genome *Tree Genetics and Genomes* 8: 531-547.
- Testone G, Condello E, Verde I, Nicolodi C, Caboni E, Dettori MT, Elisa Vendramin E, Bruno L, Bitonti MB, Mele G, Giannino D (2012) The peach (*Prunus persica* L. Batsch) genome harbours ten KNOX genes, which are differentially expressed in stem development, and the class 1 KNOPE1 regulates elongation and lignification during primary growth *Journal of Experimental Botany* 63: 5417–5435
- Verde I, Abbott AG, Scalabrin S, Jung S, Shu S, Marroni F, Zhebentyayeva T, Dettori M T, Grimwood J, Cattonaro F, Zuccolo A, Rossini L, Jenkins J, Vendramin, E, Meisel L A, Decroocq V, Sosinski B, Prochnik S, Mitros T, Policriti A, Cipriani G, Dondini L, Ficklin S, Goodstein D M, Xuan P, Del Fabbro C, Aramini V,

Copetti D, Gonzalez S, Horner D S, Falchi R, Lucas S, Mica E, Maldonado J, Lazzari B, Bielenberg D, Pirona R, Miculan M, Barakat A, Testolin R, Stella A, Tartarini S, Tonutti P, Arús P, Orellana A, Wells C, Main D, Vizzotto G, Silva H, Salamini F, Schmutz J, Morgante M, Rokhsar DS (2013) The high quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution. *Nature Genetics*. 45 (5) 487-496.

Falchi, R, Vendramin, E, Zanon, L, Scalabrin, S, Cipriani, G, Verde, I, Vizzotto, G and Morgante, M (2013) Three distinct mutational mechanisms acting on a single gene underpin the origin of yellow flesh in peach *The Plant Journal*, 76: 175–187.

Pirona R, Eduardo I, Pacheco I, Da Silva Linge C, Miculan M, Verde I, Tartarini S, Dondini L, Pea G, Bassi D, Rossini L (2013) Fine mapping and identification of a candidate gene for a major locus controlling maturity date in peach *BMC Plant Biology* 2013, 13:166.

Vendramin E, Pea G, Dondini L, Pacheco I, Dettori MT, Gazza L, Scalabrin S, Strozzi F, Tartarini S, Bassi D, Verde I, Rossini L (2014) A Unique Mutation in a MYB Gene Cosegregates with the Nectarine Phenotype in Peach *PLoS ONE* 9(3): e90574.

Bianchi VJ, Rubio M, Trainotti L, Verde I, Bonghi C, Martinez-Gomez P (2015) *Prunus* transcription factors: Breeding perspectives *Frontiers in Plant Science* 6, 443

MT Dettori, S Micali, J Giovinazzi, S Scalabrin, I Verde, G Cipriani (2015) Mining microsatellites in the peach genome: development of new long-core SSR markers for genetic analyses in five *Prunus* species *SpringerPlus* 4 (1), 1-18

Wells CE, Vendramin E, Jimenez Tarodo S, Verde I, Bielenberg DG (2015) A genome-wide analysis of MADS-box genes in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] *BMC Plant Biology* 15:41

Micheletti D, Dettori MT, Micali S, Aramini V, Pacheco I, Da Silva Linge C, Foschi S, Banchi E, Barreneche T, Quilot-Turion B, Lambert P, Pascal T, Iglesias I, Carbó J, Wang L, Ma R, Li X, Gao Z, Nazzicari N, Troglio M, Bassi B, Rossini L, Verde I, Laurens F, Arús P, Aranzana MJ (2015) Whole-Genome Analysis of Diversity and SNP-Major Gene Association in Peach Germplasm *PLoS ONE* 10 (9): e0136803.

Cirilli M, Geuna F, Babini AR, Bozhkova V, Catalano L, Cavagna B, Dallot S, Decroocq V, Dondini L, Foschi S, Ilardi V, Liverani A, Mezzetti B, Minafra A, Pancaldi M, Pandolfini T, Pascal T, Savino VN, Scorza R, Verde I, Bassi D (2016). Fighting Sharka in Peach: Current Limitations and Future Perspectives *Frontiers in Plant Science* 7:1290

Verde I, Jenkins J, Dondini L, Micali S, Pagliarani G, Vendramin E, Paris R, Aramini V, Gazza L, Rossini L, Bassi D, Troglio M, Shu S, Grimwood J, Tartarini S, Dettori MT, Schmutz J (2017) The Peach v2.0 release: high-resolution linkage mapping and deep resequencing improve chromosome-scale assembly and contiguity. *BMC Genomics* 18:225 DOI: 10.1186/s12864-017-3606-9

Biscarini F, Nazzicari N, Bink M, Arús P, Aranzana MJ, Verde I, Micali S, Pascal T, Quilot-Turion B, Lambert P, et al. (2017) Genome-enabled predictions for fruit quality traits from repeated records in European peach progenies. *BMC Genomics* 18:432 DOI 10.1186/s12864-017-3781-8

Hernández Mora JR, Micheletti D, Bink M, Van de Weg E, Cantín C, Nazzicari N, Caprera A, Dettori MT, Micali S, Banchi E, Campoy JA, Dirlwanger E, Lambert P, Pascal T, Troglio M, Bassi D, Rossini L, Verde I, Quilot-Turion B, Laurens F, Arús P, Aranzana MJ. (2017) Integrated QTL detection for key breeding traits in multiple peach progenies. *BMC Genomics* 18:404 DOI 10.1186/s12864-017-3783-6

Gervasi F, Ferrante P, Dettori MT, Scortichini M, Verde I (2018). Transcriptome reprogramming of resistant and susceptible peach genotypes during *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* early leaf infection. *PLoS one* 13 (4), e0196590.

Verde I (2018) Il pesco. In "Miglioramento Genetico delle Piante Agrarie", editori Lorezetti F, Albertini E, Frusciante L, Rosellini D, Russi L, Tuberosa R, Veronesi F. Edagricole pag 392-394. ISBN 978-88-506-5509-0.

Aranzana MJ, Decroocq V, Dirlewanger E, Eduardo I, Gao ZS, Gasic K, Iezzoni A, Jung S, Peace C, Prieto H, Tao R, Verde I, Abbott AG, Arús P (2019). *Prunus* genetics and applications after de novo genome sequencing: achievements and prospects. *Horticulture Research* 6:58.

Nuñez-Lillo G, Balladares C, Pavez C, Urra C, Sanhueza D, Vendramin E, Dettori MT, Arús P, Verde I, Blanco-Herrera F, Campos-Vargas R, Meneses C (2019) High-density genetic map and QTL analysis of soluble solid content, maturity date, and mealiness in peach using genotyping by sequencing. *Scientia Horticulturae* 257: 108734

F.to
Ignazio Verde