

E 85 scienziati svelano il Dna del melo

*Tempi più rapidi e maggiori possibilità d'ottenere i risultati desiderati nei processi di miglioramento varietale. Piante più produttive, più semplici d'allevare (anche perché meno bisognose d'interventi in campo) e più resistenti alle malattie e agli attacchi dei parassiti, a tutto vantaggio dell'ambiente. Frutti di migliore qualità dal punto di vista sia organolettico che nutrizionale ed estetico. Sono queste le principali ricadute della decodificazione del genoma del melo e, in particolare, di quello della varietà **Golden Delicious**, fra le prime tre coltivate nel mondo e, in assoluto, la più diffusa in Italia e in Trentino. L'operazione è stata fatta da un team di 85 scienziati di diverse università e centri di ricerca italiani ed esteri, con la collaborazione dell'americana **Myriad Genetics**, coordinato da **Riccardo Velasco**, Phd in biologia molecolare*

*delle piante a capo del Dipartimento genetica e biologia molecolare della Fondazione Edmund Mach-Istituto agrario **San Michele all'Adige** (Fem-Iasma). «Degli oltre 57 mila geni contenuti nel genoma del melo, il numero più elevato riscontrato nel genoma delle piante fin qui considerate», spiega a ItaliaOggi Velasco, «abbiamo approfondito l'analisi di quelli che hanno rilevanza da un punto di vista agronomico. Per esempio, quelli responsabili dei fattori di trascrizione, che sono oltre 4 mila, e quelli correlabili alle resistenze a patogeni, circa mille. Abbiamo inoltre identificato alcune famiglie di geni correlabili con lo sviluppo delle mele. Nell'articolo pubblicato sulla rivista **Nature Genetics**, sono anche riportate 3 milioni di posizioni del genoma, ossia marcatori molecolari, utilizzabili come riferimento per orientarsi nel genoma del melo e per scoprire le funzioni dei suoi geni». Velasco, per la cronaca, ha già partecipato al lavoro di sequenziamento del vitigno pinot nero.*

Luisa Contri