

SEQUENZIAMENTO DEL GENOMA DEL NOCE PER AIUTARE I PRODUTTORI CALIFORNIANI

La California produce il 99% delle noci coltivate negli Stati Uniti. La ricerca potrebbe dare un ulteriore impulso alla crescente industria da 1,6 miliardi di dollari, mettendo a disposizione alberi di noce resistenti ai principali patogeni presenti nel suolo.

Il genere *Juglans* comprende alberi monoici, impollinati dal vento, con genomi altamente eterozigoti. Questi fattori complicano l'assemblaggio della sequenza genomica. I genomi degli ibridi interspecifici sono composti da genomi aploidi di specie parentali. Si sfrutta questa caratteristica negli ibridi interspecifici per evitare l'eterozigosi.

I ricercatori dell'Università della California di Davis hanno sequenziato un ibrido interspecifico *Juglans microcarpa* × *J. Regia*, usando una nuova combinazione di sequenziamento a singola molecola e tecnologie ottiche di mappatura del genoma.

Gli assemblaggi risultanti di entrambi i genomi erano completi, inclusi la struttura dei cromosomi e le regioni del centromero.

La ricerca ha evidenziato che i genomi di *Juglans* si sono evoluti mediante una duplicazione del genoma intero risalente alla fine del Cretaceo-Paleocene e consistono in due sottogenomi.

Data l'importanza degli ibridi *J. microcarpa* × *J. Regia*, come potenziali portainnesti di noce, sono stati catalogati i geni di resistenza alle malattie nei genomi dei genitori e studiata la loro distribuzione cromosomica. Sono anche stati stimati i tassi di evoluzione molecolare per le piante perenni legnose e impiegati nella stima dei tempi di divergenza dei genomi di *Juglans* e di altre piante perenni legnose.

Le sequenze di genoma assemblate delle due specie di noce serviranno a identificare i marcatori genetici che i selezionatori potranno utilizzare per sviluppare nuove varietà con migliore resistenza agli agenti patogeni e ai parassiti.

[Vedi articolo](#)

