

# I segreti della Corvina rivelati dal sequenziamento del suo genoma e dall'analisi del trascrittoma: l'innovazione incontra il territorio

Massimo Delledonne<sup>1</sup> e Mario Pezzotti<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Biotecnologie e <sup>2</sup>Dipartimento di Scienze, Tecnologie e Mercati della Vite e del Vino dell'Università degli Studi di Verona.

Se l'anno 2007 non resterà nella storia come una grande annata viti-vinicola, di certo sappiamo che è stato l'anno cruciale per la ricerca viticola. Nel 2007 infatti sono stati pubblicati i risultati del sequenziamento e dell'analisi dettagliata del genoma della vite (Jaillon et al., 2007; Velasco et al., 2007). Le due iniziative, una italo-francese e l'altra italo-americana, hanno decodificato rispettivamente il genoma di PN 40024, un clone sperimentale non coltivato di Pinot Nero, e l'altra di ENTAV 115, clone di largamente diffuso di Pinot Nero. Questi risultati, di grande valenza internazionale e motivo di orgoglio, costituiscono la base di partenza per gli studi futuri e consentiranno l'adozione di metodologie innovative di genomica applicata per sviluppare e rafforzare la viticoltura italiana del XXI secolo. Il genoma rappresenta il potenziale di una cellula, di un individuo, di una specie, la cui manifestazione dipende dalle complesse interazioni tra le componenti genetiche e ambientali. Dalla conoscenza del genoma della vite possono essere sviluppati strumenti tecnologici e realizzate applicazioni importantissime, quali: riclassificare con precisione il germoplasma coltivato e selvatico; caratterizzare ed identificare con certezza i cloni delle varietà coltivate; individuare i tratti genetici responsabili di caratteristiche di qualità e resistenza; effettuare il miglioramento genetico assistito in tempi brevi. L'efficacia degli strumenti genomici è senza dubbio maggiore e risolutiva se essi vengono applicati a genotipi di cui si conosce dettagliatamente il codice genetico. Per questo motivo i genomi dei cloni sequenziati dalle due iniziative internazionali sono da ritenersi di riferimento, mentre risulta molto importante dotarsi ora dei genomi dei cloni e delle varietà di maggiore interesse economico per la loro ampia diffusione o per la loro tipicità.

A tal fine, abbiamo scelto di decodificare il **genoma della varietà autoctona Corvina**, attraverso l'analisi della sequenza del suo clone più diffuso nell'areale veronese (**clone 48**), per identificarne

e studiarne le caratteristiche di tipicità ed unicità e fornire alla viticoltura veronese gli strumenti genomici più efficaci per la sua caratterizzazione e il suo miglioramento genetico. L'Università di Verona ha acquisito in comproprietà con Istituto di Genomica Applicata (IGA) un sequenziatore di ultima generazione della ditta Illumina (Genome Analyzer II, GAI□) in grado di decodificare un genoma in tempi ragionevolmente limitati. Il DNA su cui è stata effettuata la sequenza genomica è stato estratto da foglie di piante del clone 48 della varietà Corvina, allevate nella serra sperimentale dell'Università di Verona. L'analisi comparativa della sequenza della Corvina, prendendo in esame grandi frammenti nucleotidici, ha evidenziato che la varietà veronese rispetto al clone di PN 40024 manca di alcune zone e ne contiene alcune in più. Lo studio della diversità nucleotidica fornisce una foto istantanea dell'evoluzione del genoma e riflette una storia ricca di selezioni, ricombinazioni ed eventi di incrocio. Inoltre, la diversità nucleotidica di un genoma è la maggiore fonte della complessa variazione dei tratti fenotipici. A livello delle regioni codificanti e regolatrici di un genoma, la maggior parte della variabilità genetica è dovuta a sostituzioni di una singola base (SNP: single nucleotide polymorphism) o a piccole inserzioni/delezioni. Se si considerano solo gli SNP, la varietà Corvina rispetto a PN 40024 ne contiene oltre 1.5 milioni, 1 ogni 300 paia di basi. Inoltre, sempre attraverso confronto con il genoma di riferimento, è stato identificato un gruppo di geni unici di presenti solo nel genoma di Corvina.

Per comprendere, oltre alla struttura del genoma, anche la sua attività, è stata sviluppata presso l'Università di Verona una piattaforma di analisi dell'espressione genica, grazie al sostegno della Fondazione CARIVERONA. Questa struttura ha reso possibile lo studio dell'espressione genica globale nei vari organi e tessuti del clone 48 in diverse condizioni ambientali e di sviluppo, producendo, per la prima volta al mondo, un atlante di espressione della vite, che individua la parte di pianta ed il momento biologico nei quali i singoli geni sono specificamente attivi. Questa ricerca consente di monitorare l'attività del genoma nella sua interazione con l'ambiente, permettendo quindi anche di definire le condizioni ottimali per la coltivazione e la produzione di un'uva di qualità. Consegnare alla realtà produttiva veronese e al suo territorio i risultati di questa ricerca è per noi e per i nostri collaboratori motivo di grande soddisfazione e ci fornisce le motivazioni per il proseguimento della fattiva interazione instaurata.

## Bibliografia

Jaillon et al. (2007) French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization. The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature*. Sep 27;449(7161):463-7. Epub 2007 Aug 26.

Velasco et al. (2007) A high quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety. *PLoS One*. 2007 Dec 19;2(12):e1326.

Verona, 26 febbraio 2010