



Scuola Superiore  
Sant'Anna  
di Studi Universitari e di Perfezionamento

***La più grande operazione del genere mai realizzata: è pari a 7 volte quello umano; il ricercatore Andrea Zuccolo: “Vi spiego qual è stato il mio contributo nel team di 56 ricercatori provenienti da 23 centri di ricerca e da 9 nazioni”***

## **Su Nature il sequenziamento del genoma dell'abete rosso, con il contributo della Scuola Superiore Sant'Anna**

Il più **grande sequenziamento di genoma realizzato finora** ha interessato l'**abete rosso** (*Picea abies*) e il relativo paper è stato appena pubblicato su **Nature**. Nel progetto di sequenziamento, guidato dalle istituzioni svedesi “Umea Plant Science Center” e “Science for Life Laboratory” di Stoccolma, sono stati coinvolti **56 ricercatori** provenienti da **23 centri distribuiti in nove nazioni** e, fra le istituzioni italiane interessate dal progetto, un **importante contributo** è stato fornito dalla **Scuola Superiore Sant'Anna**, con la partecipazione del **ricercatore Andrea Zuccolo**, afferente all'**Istituto di Scienze della Vita**. Le altre due istituzioni italiane che hanno partecipato al progetto sono l'Istituto di Genomica Applicata e l'Università di Udine.

La **sequenza del genoma** dell'abete rosso è la **prima** prodotta per una **gimnosperma**. Le **conifere**, della cui famiglia fa parte l'**abete rosso** che tutti conosciamo per essere addobbato in occasione delle **festività natalizie**, hanno dominato le foreste per oltre **200**

**milioni di anni** e rivestono un'enorme **importanza ecologica ed economica**. Le foreste di conifere coprono estesissime aree nell'emisfero settentrionale e svolgono un ruolo centrale in numerosissimi ecosistemi, contribuendo ampiamente ad una larga frazione della **fotosintesi terrestre** e della **biomassa**. Non bisogna poi dimenticare la rilevanza economica delle conifere in numerose **economie**.

Il sequenziamento dell'enorme genoma dell'abete rosso (**20 miliardi di nucleotidi**, con una dimensione pari a circa **sette volte** quella dell'**intero genoma umano**) ha condotto all'identificazione di 28354 geni. “Il numero – spiega Andrea Zuccolo - non differisce in maniera sostanziale da quello che caratterizza il genoma della pianta modello *Arabidopsis thaliana*. Tuttavia – aggiunge - le dimensioni dei due genomi sono separate da due ordini di grandezza essendo il **genoma** dell'abete rosso **almeno 100 volte** più grande di quello di *Arabidopsis thaliana*. Nel lavoro pubblicato si dimostra come almeno il 70 per cento del genoma dell'abete sia composto da un numero elevatissimo di copie di elementi mobili”. I compiti che hanno visto particolarmente coinvolta la Scuola Superiore Sant'Anna sono stati l'**identificazione**, la **caratterizzazione** e la **quantificazione** della **frazione altamente ripetitiva** del genoma dell'abete e delle altre gimnosperme sequenziate a bassa copertura nell'ambito dello stesso progetto: *Pinus sylvestris*, *Abies sibirica*, *Juniperus communis*, *Taxus baccata* e *Gnetum gnemon*.

Il paper è consultabile sul sito di Nature:

<http://dx.doi.org/10.1038/nature12211>

---

Scuola Superiore Sant'Anna – [www.sssup.it](http://www.sssup.it) ; [www.facebook.it/scuolasuperioresantanna](http://www.facebook.it/scuolasuperioresantanna) ; Twitter @ScuolaSantAnna

Ufficio Informazione e Comunicazione Istituzionale

Giornalista Responsabile: Dott. Francesco Ceccarelli

P.zza Martiri della Libertà 33 - 56127 Pisa - Tel. +39 050 883378 Mobile +39 348 7703786