

## Titolo Assegno: **Genotipizzazione e analisi di diversità genetica in specie da frutto**

Diverse sono le problematiche che negli ultimi decenni affliggono la biodiversità agraria, in special modo quella relativa alle specie arboree da frutto. Questo progetto si propone di supportare la conservazione e la valorizzazione della variabilità genetica oggi presente nel nostro territorio per le specie melo e pero e per il castagno e difendere i genotipi oggi presenti nella nostra dalla possibilità di erosione genetica.

### Attività A1) **Genotipizzazione di accessioni del germoplasma emiliano romagnolo di melo, pero e castagno**

Il Dipartimento ha ampie collezioni di germoplasma di melo e pero che devono essere implementate con le accessioni reperite nel territorio e che devono essere caratterizzate sia dal punto di vista pomologico sia, e soprattutto, genotipizzate con marcatori molecolari, principalmente microsatelliti. Sarà quindi possibile realizzare carte di identità molecolari delle accessioni oggetto di studio che potranno arricchire le schede pomologiche già disponibili. Questi strumenti molecolari dovranno inoltre essere alla base di programmi di valorizzazioni di vecchie varietà quali ad esempio la mela Rosa Romana, che è potenzialmente meritevole per essere reintrodotta nel mercato come prodotto tipico dell'Appennino bolognese.

Analogo è l'approccio alla caratterizzazione molecolare di accessioni castagno. La presenza di parassiti, il ripetersi di eventi meteorologici sfavorevoli e la scelta di cambiare specie coltivate sono la matrice comune che ha, con l'andare del tempo, portato all'abbandono culturale del castagno nei nostri crinali appenninici. Ciò sta portando progressivamente alla perdita di varietà locali, frutto di una tradizione millenaria, con conseguente "erosione" di un patrimonio culturale, culturale, paesaggistico e genetico importante. È quindi di fondamentale importanza preservare la biodiversità degli ecotipi presenti in queste zone in considerazione anche del fatto che potrebbero rappresentare la base di partenza per futuri programmi di selezione utili al rilancio della castagna come prodotto fresco o utilizzare a fini industriali (farine).

### Attività 2) **Genotipizzazione per la certificazione varietale in specie arboree da frutto**

A.2. Il miglioramento genetico nelle specie da frutto ha portato ad una grande disponibilità di nuove varietà negli ultimi anni, varietà che sono caratterizzate da altissimi livelli standard di qualità del frutto. Negli anni si è però assistito ad un progressivo restringimento della base genetica dei programmi di miglioramento genetico per le specie appartenenti alla famiglia delle Rosacee quali il melo, il pero, il pesco, l'albicocco, il ciliegio e il susino. Si rende quindi necessario iniziare una analisi con microsatelliti su queste specie per verificare i livelli di diversità genetica all'interno di

queste specie e l'efficienza di questi marcatori molecolari nelle analisi di certificazione varietale del materiale in propagazione presso i vivai commerciali

## **B) Piano dell'attività 2018-2019**

B1)

Questo progetto intende monitorare l'areale Emiliano Romagnolo per il reperimento di biodiversità ancora presente e non caratterizzata dal punto di vista molecolare per le specie melo, pero e castagno.

- Si preleverà materiale fogliare per le analisi genetiche mirate alla caratterizzazione della biodiversità presente nella nostra Regione. In questo modo sarà possibile conoscere quali varietà siano effettivamente presenti nelle collezioni, quali siano duplicate e quali siano i casi di omonimia e sinonimia
- Si definiranno i profili molecolari delle accessioni presenti nella regione Emilia Romagna per le tre specie e si svilupperanno strumenti per migliorare le attività di certificazione varietale
- Si censiranno individui putativamente ascrivibili alla varietà Rosa Romana e si analizzerà la diversità genetica ancora presente in questo gruppo varietale allo scopo di identificare le piante di riferimento per una futura ripresa dell'attività vivaistica a supporto dei programmi di valorizzazione di questa varietà.

This project intends to monitor the Emilia-Romagna area for finding new biodiversity that is still present but not still characterized from a molecular point of view for the apples, the pears and the chestnuts.

- Leaf material will be collected for DNA extraction and genetic analyzes aimed at characterizing the biodiversity present in our Region. In this way it will be possible to know which varieties are actually present in the germplasm collections, which are duplicated and which are the cases of homonymy and synonymy.
- The molecular profiles of the accessions present in the Emilia Romagna region for the three species will be used for defining tools as support of the varietal certification activities.
- Individuals putatively belonging to the Rosa Romana variety group will be surveyed and the genetic diversity still present in this varietal group will be analyzed in order to identify the reference plants for a future propagation by nurseries as support of programs for the valorization of this variety.

B2. In questo progetto di ricerca si intende inoltre genotipizzare un ampio gruppo di varietà appartenenti alle specie melo, il pero, il pesco, l'albicocco, il ciliegio e susino con un set di 12 microsatelliti, scelti fra quelli accettati per le analisi fingerprinting. La dimensione degli alleli sarà determinata con precisione grazie all'utilizzo di un sequenziatore capillare. Si determinerà quindi una matrice di dati che potrà fungere in futuro anche da dataset per la verifica dei pattern molecolari nella certificazione varietale delle varietà dei fruttiferi. I dati così ottenuti saranno infine utilizzati per una analisi di diversità genetica che evidenzierà la variabilità genetica presente nel pool di varietà delle specie arboree da frutto oggi propagate nei vivai commerciali

A large panel of apple, pear, peach, apricot, cherry and plum varieties will be used to assess the genetic diversity still present among cultivars propagated by nurseries. 12 SSRs loci will be used to determine the allele sizes and produce a matrix of data for the estimation of the genetic diversity still present for the fruit tree species