

Titolo del Progetto: Approcci molecolari per ottenere resistenza a maculatura bruna in pero

Il progetto si occupa della caratterizzazione di una regione genomica del pero che controlla la suscettibilità alla maculatura bruna.

A) Fine mapping della regione che controlla la suscettibilità a maculatura bruna in pero

Le informazioni di mappa ottenute sulle progenie Abate Fétel × Max Red Bartlett (AFxMRB) e Abate x Cocomerina Precoce saranno utilizzate per un approccio di fine mapping volto a identificare il gene di suscettibilità in Abate Fétel. A supporto di questa attività, i dati SNP raccolti su un panel di genotipi utilizzando l'array di pero Axiom 70K, saranno utilizzati per eseguire un'analisi GWAS per confermare l'associazione della regione con la suscettibilità e ridurre il numero di geni candidati putativi. Tutti i dati saranno validati sulla sequenza genomica di Abate Fétel disponibile presso il DISTAL. Verrà eseguita un'analisi trascrittomica con campioni prelevati da piante di Abate Fétel inoculate artificialmente con conidi di *Stemphylium vesicarium* per l'integrazione dei dati genomici. Tutta questa ricerca ha lo scopo di identificare il gene di suscettibilità di Abate Fétel per ulteriori applicazioni.

B) Approcci di DNA editing per silenziare geni candidati per la suscettibilità a maculatura bruna

I migliori geni candidati identificati nel punto A saranno manipolati mediante l'approccio CRISPR-CAS9 per silenziare questi geni e ottenere nuove piante di Abate Fétel resistenti alla maculatura bruna. Le piantine saranno propagate *in vitro* e utilizzate come materiale vegetale per l'editing del DNA. Le migliori linee rigenerate saranno sequenziate nei domini mutati per validare i risultati dell'editing del DNA.

Project title: Molecular approaches to obtain resistance to brown spot in pear

The project deals with the characterisation of a pear genomic region that control susceptibility to brown spot.

A) Fine mapping of the region controlling susceptibility to brown spot in pear

The mapping info obtained on the progenies Abate Fétel × Max Red Bartlett (AFxMRB) and Abate x Cocomerina Precoce will be used for a fine mapping approach aimed to identify the susceptibility gene in Abate Fétel. As support of this activity SNP data collected on a panel

of genotypes by using the Axiom 70K pear array, will be used to perform a GWAS analysis for confirming the association of the region with susceptibility and reducing the number of putative candidate genes. All data will be validated on the Abate Fetel genomic sequence available at DISTAL. A transcriptomic analysis with samples collected from Abate Fetel plants artificially inoculated by *Stemphylium vesicarium* will be performed for integrating genomic data. All this research is aimed to identify the Abate Fetel susceptibility gene for further applications.

B) DNA editing approaches for the silencing of candidate genes for susceptibility to brown spot

The best candidate genes identified at the point A will be manipulated by CRISPR-CAS9 approach for silencing these genes and obtain new plants of Abate Fetel that are resistant to brown spot. Plantlets will be propagated in vitro and used as plant material for DNA editing. The best regenerated lines will be sequenced in the mutated domains for validating the results of DNA editing.