

27 marzo 2014

Mauro Mandrioli

Genomi giganti alla riscossa



Sequenziato il genoma più grande del mondo: è di una conifera

Quando nel giugno del 2000 Francis Collins del National Human Genome Research Institute (NHGRI) e John Craig Venter di Celera hanno annunciato il completamento del progetto di sequenziamento del genoma umano, la comunità scientifica ha avuto la prima dimostrazione sperimentale del fatto che potessero essere sequenziati (ed assemblati correttamente!) anche genomi di grandi dimensioni. Prima del genoma umano (3 gigabasi, Gb), erano stati sequenziati infatti genomi di dimensioni decisamente inferiori, tra cui i genomi dei lieviti *Saccharomyces cerevisiae* e *Schizosaccharomyces pombe* (di meno di 15 megabasi, Mb), quello del nematode *Caenorhabditis elegans* (100 Mb) e la sequenza completa del genoma del moscerino della frutta *Drosophila melanogaster* (poco meno di 120 Mb). Nel corso dell'ultimo decennio si è data grande enfasi al fatto che le metodiche di sequenziamento sono divenute sempre più

efficaci ed economiche, ma forse non si è data una adeguata attenzione al fatto che tale progresso tecnologico sta portando al sequenziamento anche di genomi grandi (per non dire enormi!). Ne è un esempio il genoma della conifera *Pinus taeda*, recentemente pubblicato sulla rivista [Genome Biology](#) che con le sue 23.2 Gb è circa 7 volte più grande del genoma umano.

Un ulteriore aspetto di interesse è che, come già fatto per il genoma del [panda gigante](#) (2 Gb), il progetto genoma è stato condotto avvalendosi delle nuove tecnologie di sequenziamento massivo che permettono di sequenziare un genoma in modo estremamente più veloce ed economico rispetto alla tecnologia Sanger usata sinora.

Se per decenni la scelta dei modelli biologici di cui sequenziare il genoma è stata soggetta al vincolo delle dimensioni del genoma, l'articolo di Neale et al. su [Genome Biology](#) mostra invece come ad oggi siamo pienamente entrati nel secolo della genomica per tutti. Colpisce infine notare che nel 2004 era stata pubblicata [la prima sequenza completa del genoma di un albero](#), il pioppo nero americano, che era stata annunciata come un grande successo poiché il genoma del pioppo (480 Mb) era grande circa quattro volte quello di *Arabidopsis thaliana* (140 Mb), la prima pianta sequenziata. A distanza di 10 anni è stato sequenziato con successo un genoma circa 50 volte più grande quello del pioppo... non male come risultato!

Mauro Mandrioli

da [Il gene irriverente](#)

Riferimenti:

Neale, D., Wegrzyn, J., Stevens, K., Zimin, A., Puiu, D., Crepeau, M., Cardeno, C., Koriabine, M., Holtz-Morris, A., et al. (2014). Decoding the massive genome of loblolly pine using haploid DNA and novel assembly strategies. *Genome Biology*, 15 (3) DOI: 10.1186/gb-2014-15-3-r59

Credit: Soil-Science.info, da Wikimedia Commons

Condividi:



Biologia molecolare

Botanica e Zoologia

