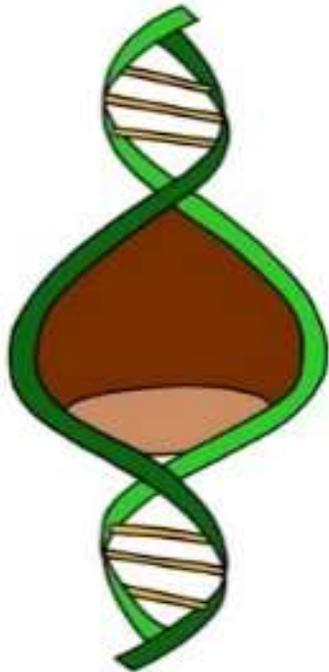


ANALISI GENETICA SUL CASTAGNO

Sara Alessandri, Luca Dondini

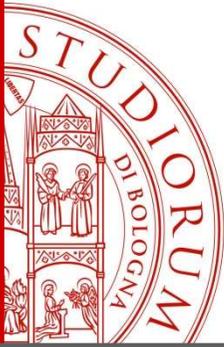
Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari (DISTAL)



DIVERSITÀ GENETICA DELLE VARIETÀ DI CASTAGNO DELL'EMILIA ROMAGNA

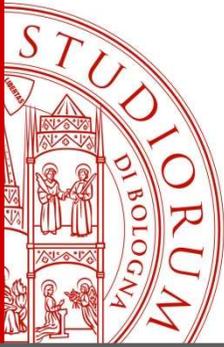
BIODIVERSAMENTE
CASTAGNO

Bologna 15/02/202

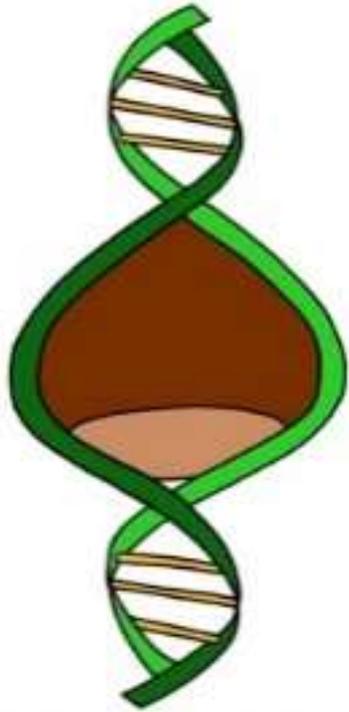


Obiettivi del Lavoro

- Analizzare con marcatori molecolari la diversità genetica nelle accessioni raccolte presso il Parco didattico sperimentale del Castagno a Granaglione (BO), la collezione di Zocca (MO), il CPM di Zocca, le aziende partner del progetto (La Martina, Tizzano, Teggiolina e Antico Bosco) e Paloneta (RA).
- Caratterizzare il germoplasma del castagno ed identificare i casi di sinonimia e omonimia fra le diverse accessioni conservate.
- Definire un **pool di marcatori** altamente polimorfici in grado di discriminare le diverse accessioni di castagno da poter utilizzare in futuro per la certificazione varietale
- Conservare la biodiversità castanicola nelle aziende partner del progetto



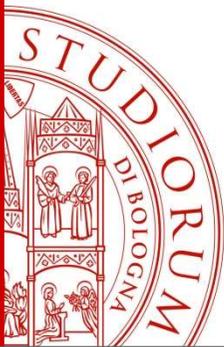
Le Collezioni



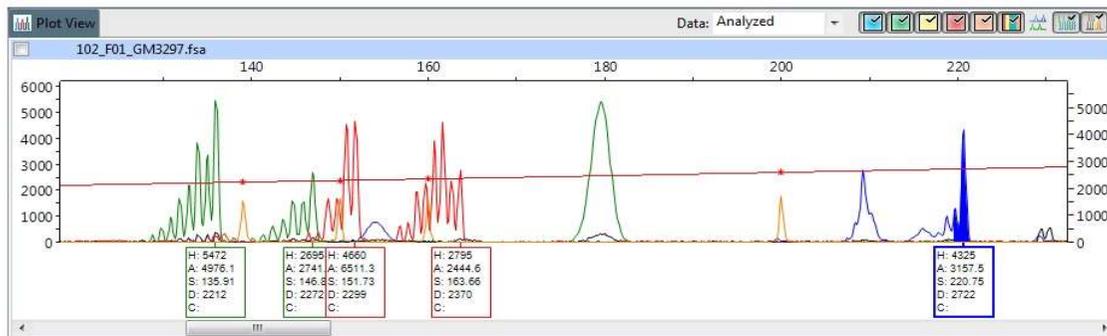
**BIODIVERSAMENTE
CASTAGNO**



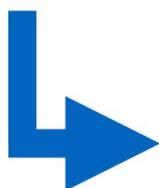
**Centro di Studio e Documentazione
sul Castagno**
Chestnut Study and Documentation Centre



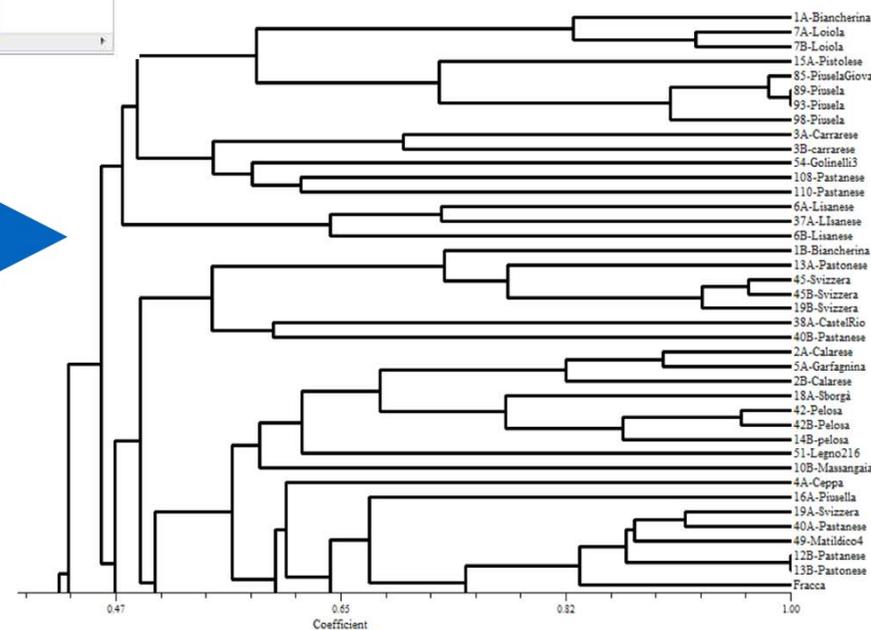
Analisi di diversità genetica

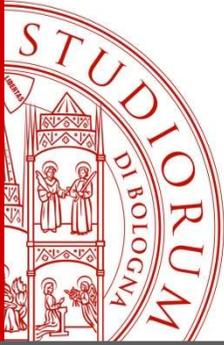


Locus	Repetition motif	Annealing (°C)
CsCAT1	(TG) ₅ TA(TG) ₂₄	50
CsCAT2	(AG) ₁₆	55
CsCAT3	(AG) ₂₀	50
CsCAT6	(AC) ₂₄	50
CsCAT8	(GT) ₇ (GA) ₂₀	50
CsCAT14	(CA) ₂₂	58
CsCAT15	(TC) ₁₂	50
CsCAT16	(TC) ₂₀	50
CsCAT17	(CA) ₁₉ A(CA) ₂ AA(CA)	58
EMCs2	(GGC) ₇	55
EMCs15	(CAC) ₉	55
EMCs22	(GA) ₁₉	60
EMCs38	(GA) ₃₁	56
OAL	(CT) ₁₆ AGT(CT) ₂	60
QrZAG96	(TC) ₂₀	55
CsCAT41B	(AG) ₂₀	50

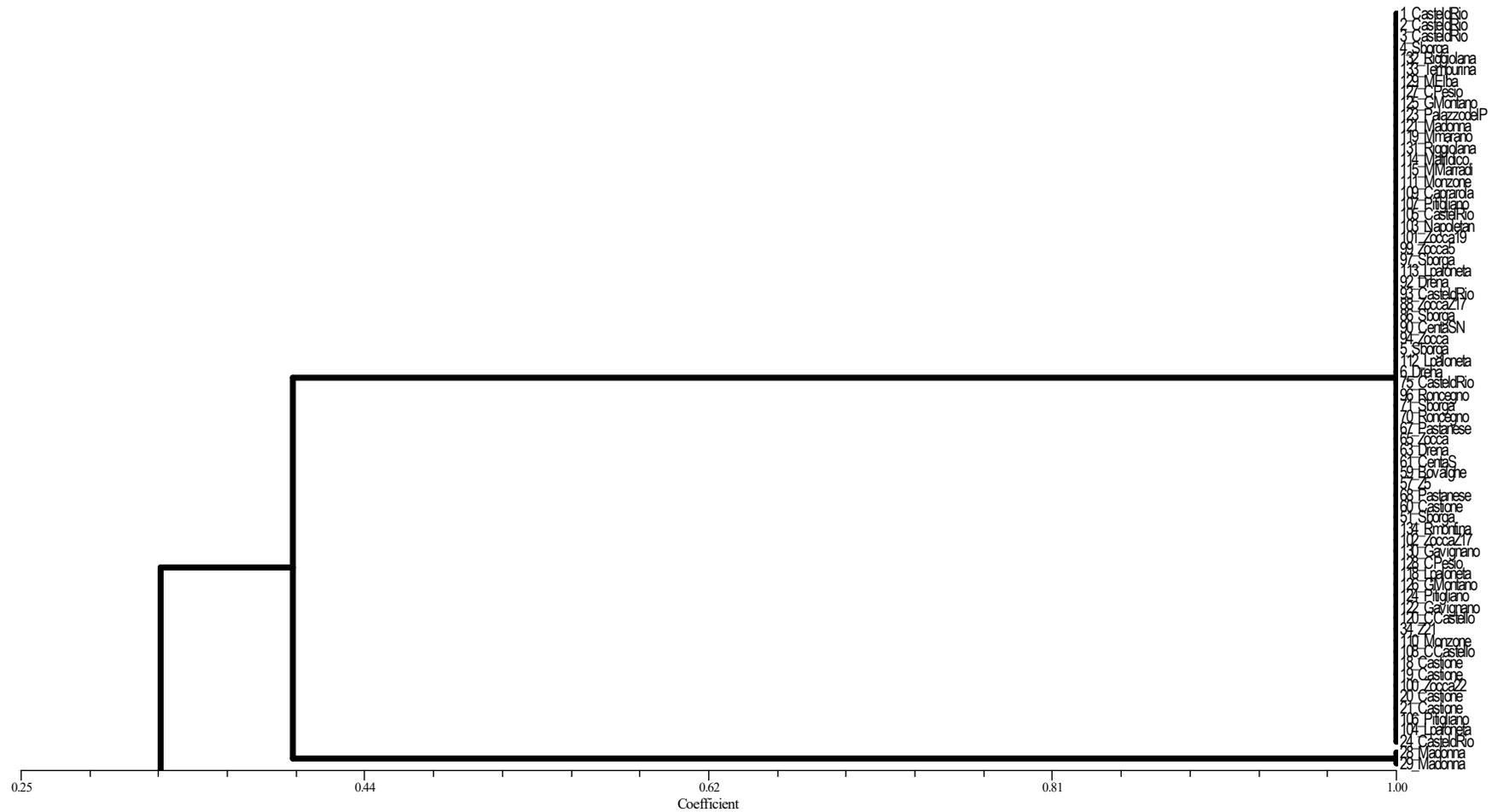


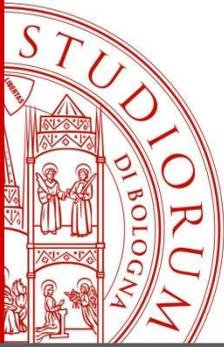
	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12
1A-Biancherina	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1B-Biancherina	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
2A-Calarese	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
3A-Carrarese	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4A-Ceppa	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
4B-Ceppa	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
5A-Garfagnina	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
5B-Garfagnina	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
6A-Lisanese	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7A-Loiola	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
8A-Madonna	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
8B-Madonna	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
9A-Mascherina	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
10A-Massangaia	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
10B-Massangaia	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
11A-Molana	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
12A-Pastanese	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
13A-Pastonese	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
14A-Pelosa	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
15A-Pistoiese	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0





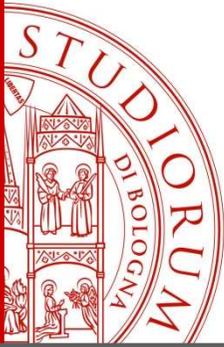
Analisi di diversità genetica: I marroni



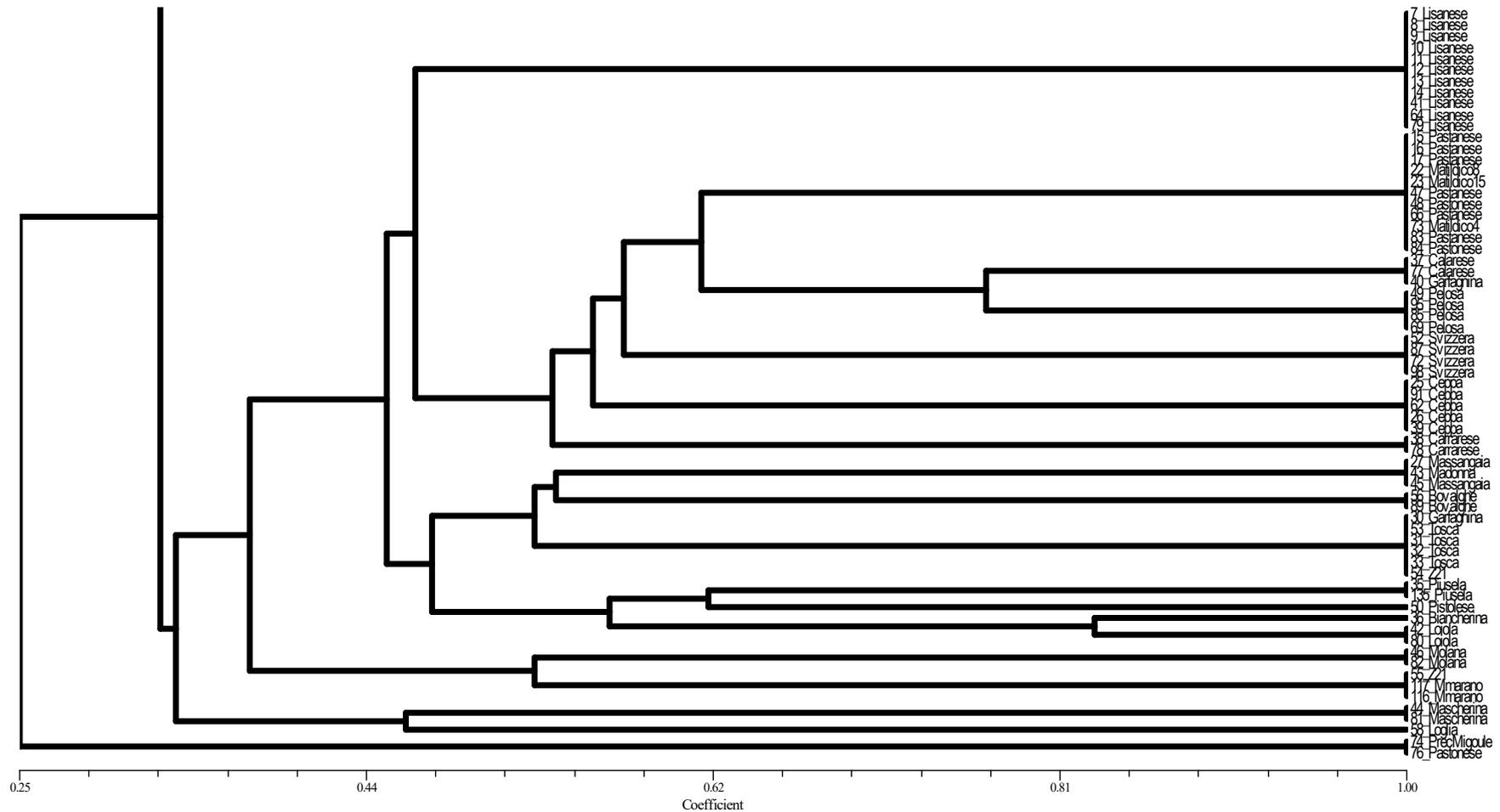


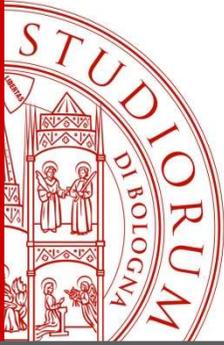
I Marroni sono distinguibili pomologicamente ma mostrano un profilo molecolare conservato



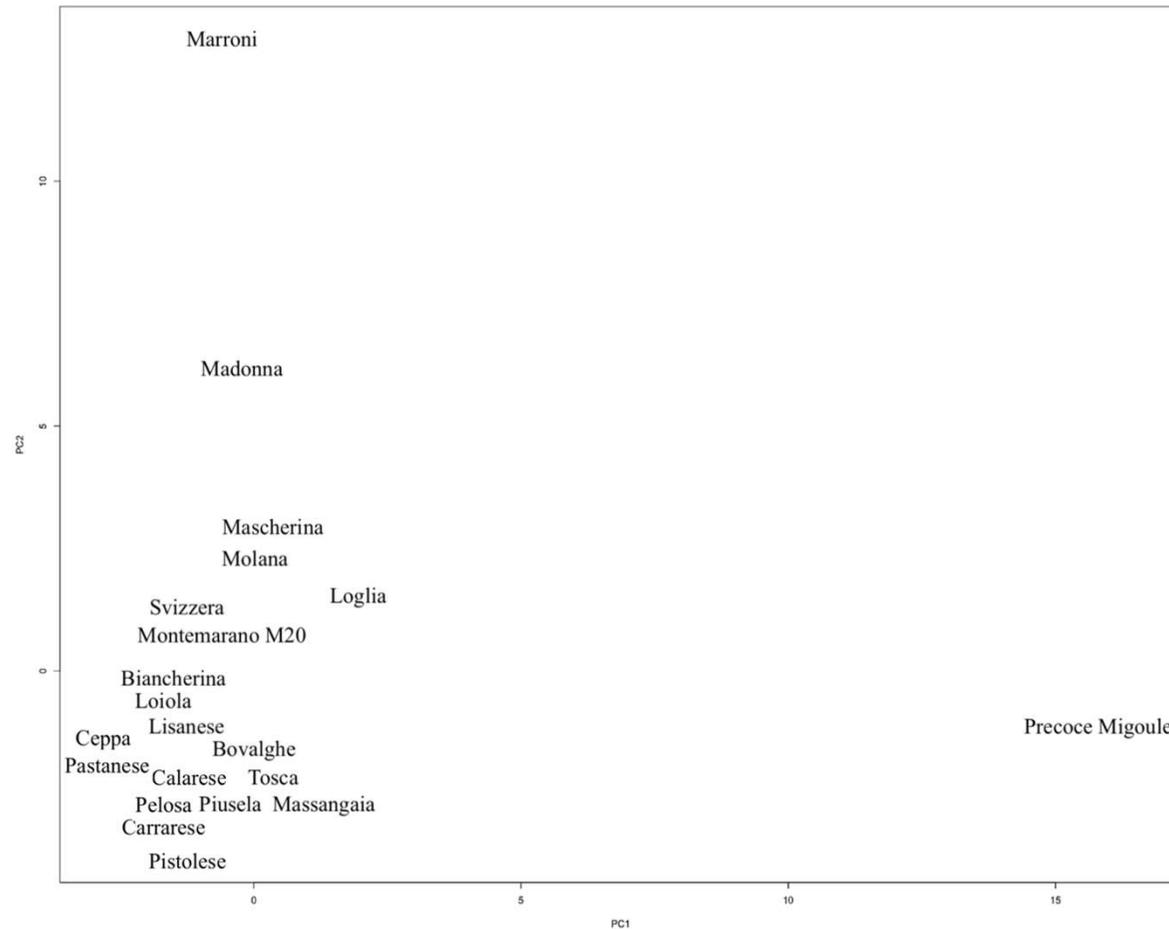


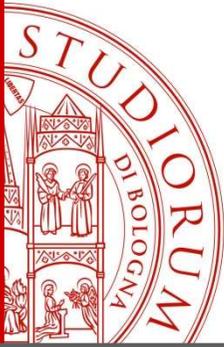
Analisi di diversità genetica: le castagne



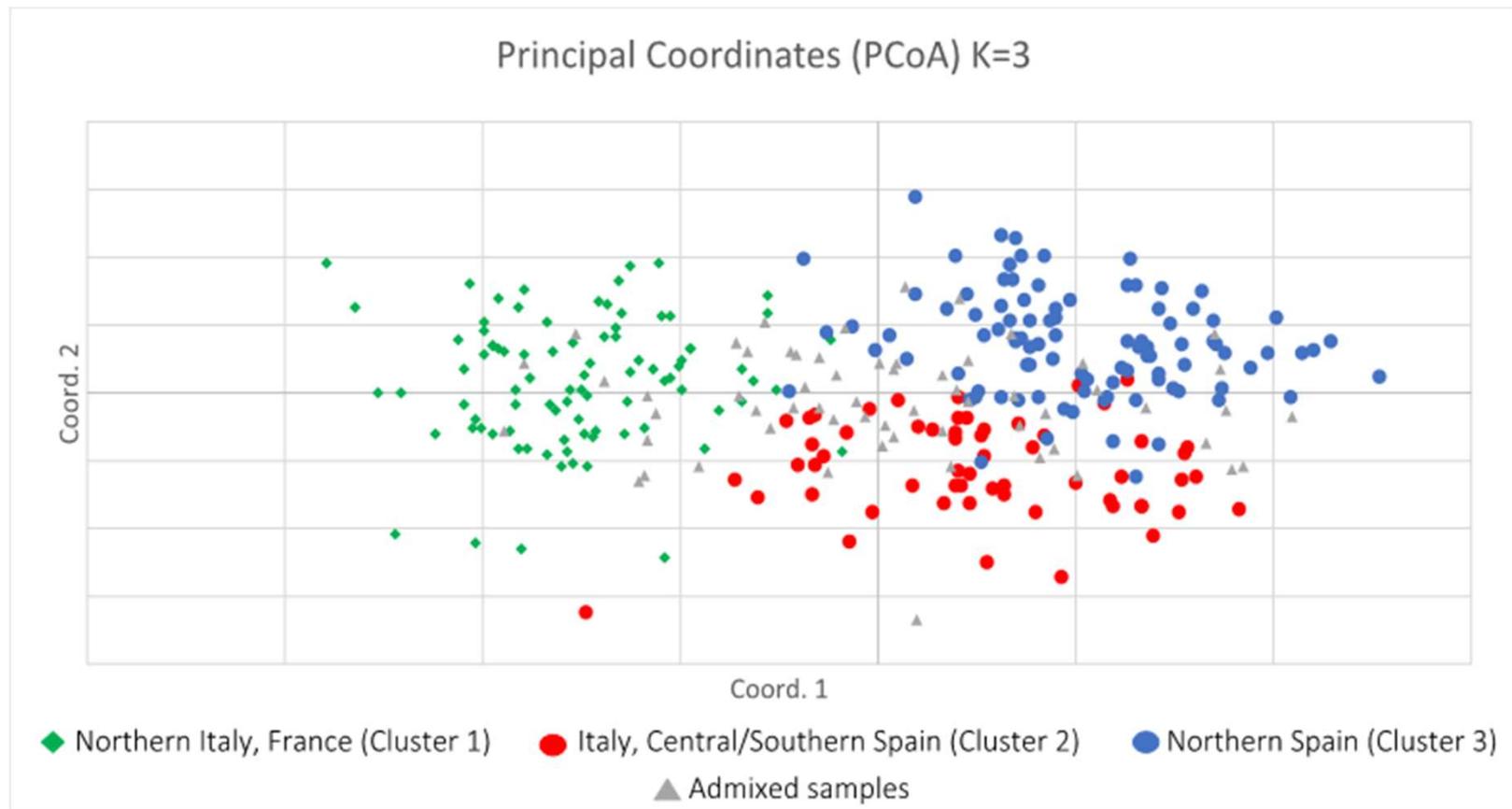


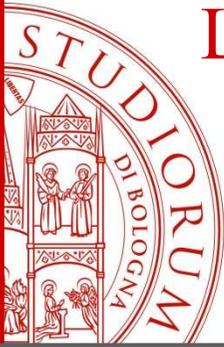
Esiste un unico pool genico nell'Appennino Tosco Emiliano



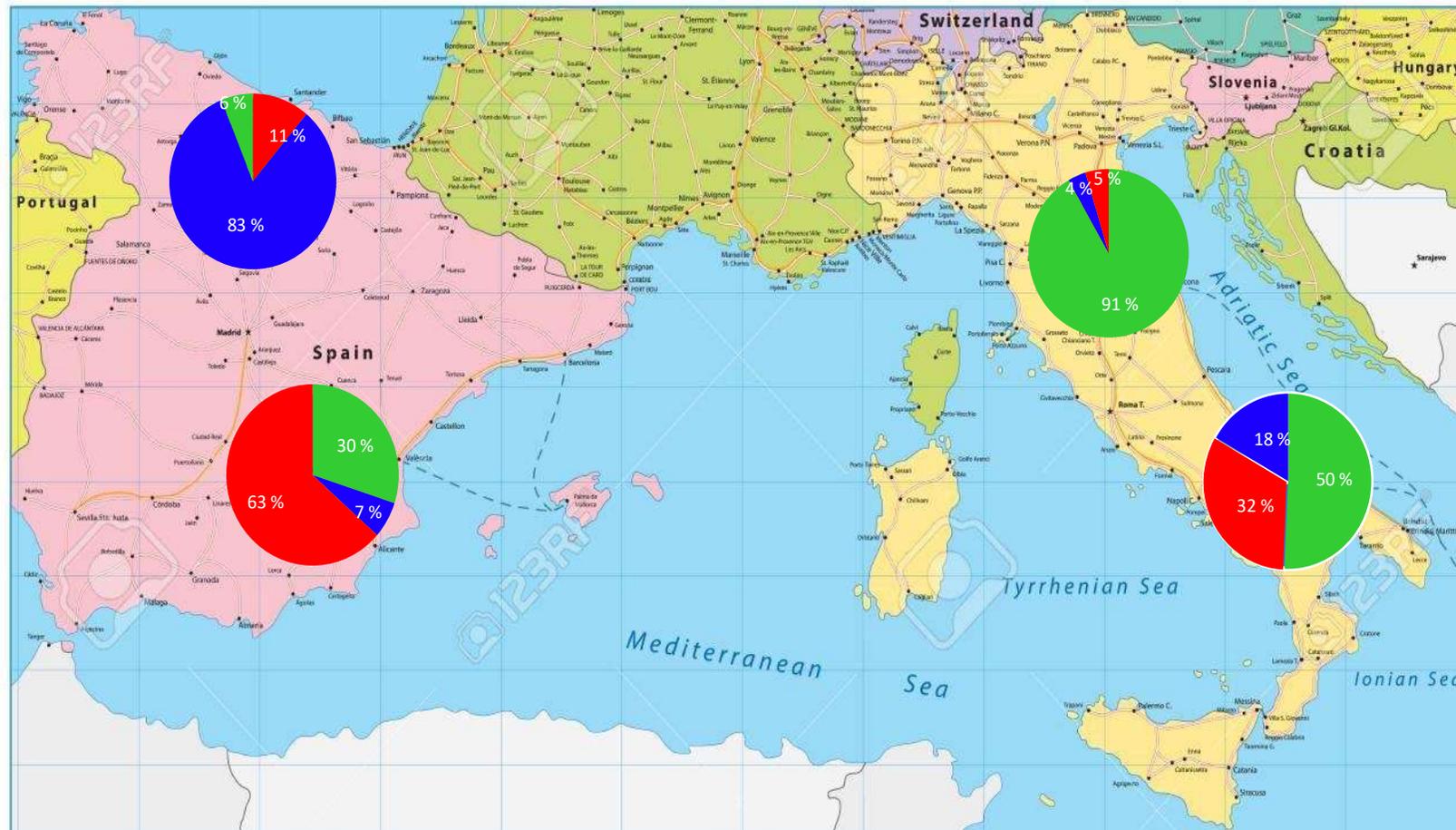


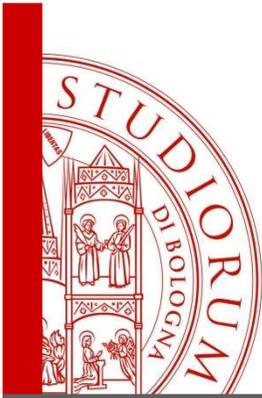
Il pool genico dell'Appennino Tosco Emiliano è distinto dai pool genici dei paesi mediterranei





L'Appennino Tosco-Emiliano è un punto di partenza della biodiversità (su 306 genotipi unici)





Conclusioni

- Il germoplasma dell'Appennino Tosco Emiliano rappresenta una importante fonte di biodiversità del castagno
- I risultati con marcatori molecolari evidenziano un'ampia diversità genetica fra le castagne che non si riscontra fra i marroni.
- Le carte d'identità molecolari delle singole accessioni sono nuovi strumenti per la certificazione varietale nel castagno a sostegno della futura attività vivaistica.
- Sarebbe importante sviluppare marcatori molecolari in grado di distinguere i marroni fra loro.
- La biodiversità genetica del nostro pool genico è conservata anche nelle aziende partner del progetto