

La svolta del BGI nella genomica della rosa svela i segreti della sua ricchezza di vitamina C

SHENZHEN, CHINA, February 20, 2024 /EINPresswire.com/ -- Il BGI-Research, in collaborazione con la Southwest Forestry University, la Yunnan Agricultural University e il Chinese Academy of Sciences Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, tra gli altri, ha completato con successo l'assemblaggio del genoma a livello cromosomico di *Rosa roxburghii* e *Rosa sterilis* per la prima volta.

Questa pietra miliare non solo riveste un'importanza significativa per la selezione e il miglioramento molecolare di *Rosa roxburghii*, ma offre anche preziose applicazioni per il progresso della ricerca medica e farmaceutica, contribuendo ai futuri sviluppi nel campo della medicina e della ricerca sulle malattie. I risultati sono stati pubblicati su The Plant Journal.

La *Rosa roxburghii*, nota anche come rosa castagno, è una pianta da frutto selvatica appartenente al genere *Rosa* della famiglia delle Rosaceae. Questo arbusto deciduo si caratterizza per i suoi fiori simili a rose e per i suoi frutti spinosi, che si trovano prevalentemente nelle zone di alta quota, tra i 1.000 e i 1.600 metri, all'interno delle regioni montuose della Cina sud-occidentale. Storicamente, questa specie è stata spesso utilizzata per scopi medicinali grazie all'elevato contenuto di flavonoidi nei suoi frutti. La *Rosa roxburghii* vanta uno dei più alti contenuti di vitamina C tra i frutti attualmente conosciuti, con una concentrazione media di circa 2.300 milligrammi per 100 grammi di frutto fresco. Questa concentrazione è cinque volte superiore a quella presente nei kiwi.

In questo studio, i ricercatori hanno assemblato i genomi di *Rosa roxburghii*, con un genoma di 504 Mb su 7 cromosomi, e *Rosa sterilis*, con un genoma di 981 Mb su 14 cromosomi.

the plant journal



Resource

Chromosomal-scale genomes of two *Rosa* species provide insights into genome evolution and ascorbate accumulation

Dan Zong, Huan Liu, Peihua Gan, Shaojie Ma, Hongping Liang, Jinde Yu, Peilin Li, Tao Jiang, Sunil Kumar Sahu, Qingqing Yang, Deguo Zhang, Laigeng Li, Xu Qiu, Wenwen Shao, Jinlong Yang, Yonghe Li ✉, Xuanmin Guang ✉, Chengzhong He ✉ ... See fewer authors ^

First published: 15 November 2023 | <https://doi.org/10.1111/tpj.16543>

La ricerca, intitolata, "Chromosomal-scale genomes of two *Rosa* species provide insights into genome evolution and ascorbate accumulation", è stata pubblicata su The Plant Journal.

Questa ricerca evidenzia le origini ibride di *Rosa sterilis*, derivata da *Rosa roxburghii* e *Rosa longicuspis*, e fornisce una visione dell'evoluzione del genoma e dell'accumulo di vitamina C. Per studiare il meccanismo di accumulo della vitamina C nei frutti di *Rosa roxburghii*, il team di ricerca ha prelevato campioni in diverse fasi del periodo critico di crescita dei frutti di *Rosa roxburghii*, da luglio a ottobre, per analizzarli. L'analisi trascrittomica ha identificato due geni chiave nella via di biosintesi della vitamina C nella *Rosa roxburghii*: GME (GDP-D-mannosio 3',5'-epimerasi) e GGP (GDP-L-galattosio fosforilasi). Lo studio ha dimostrato che i livelli di espressione di questi due geni erano positivamente correlati all'accumulo di vitamina C nella *Rosa roxburghii*, in particolare da luglio a settembre. Quando i livelli di espressione di questi due geni aumentano, aumenta di conseguenza anche il contenuto di vitamina C della *Rosa roxburghii*.

La ricerca ha dimostrato che piante come *Rosa roxburghii* hanno subito numerose duplicazioni geniche locali. Queste non solo hanno potenziato la funzione dei geni e promosso la formazione di un maggior numero di vie metaboliche, ma hanno anche migliorato in modo specifico la capacità di sintetizzare in modo efficiente metaboliti secondari come i flavonoidi. I flavonoidi sono metaboliti secondari essenziali per le piante.

Lo studio ha anche rivelato l'esistenza, in *Rosa roxburghii*, di due geni legati alla sintesi dei terpeni. Questi geni sono coinvolti nel processo di produzione di composti resistenti alle malattie all'interno della pianta, allo stesso modo dei geni legati alla funzione immunitaria nell'uomo. È interessante notare che il numero di geni di queste sottofamiglie di terpeni sintasi è maggiore nella *Rosa roxburghii* rispetto ad altre piante della famiglia delle Rosaceae, il che potrebbe spiegare la resistenza unica della *Rosa roxburghii* alle malattie a livello genetico.

Il dottor Xuemin Guang, coautore dell'articolo e scienziato del BGI-Research, ha sottolineato che la decodifica del genoma della *Rosa roxburghii* non solo ci permette di comprendere il suo esclusivo meccanismo di accumulo della vitamina C, ma anche di decifrare i meccanismi di formazione di componenti come i flavonoidi e la superossido dismutasi (SOD), che sono di grande importanza per il trattamento delle malattie e lo sviluppo di farmaci.

Leggi l'articolo di ricerca: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/tpj.16543>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/689868305>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors

try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2024 Newsmatics Inc. All Right Reserved.