

BGI-Research ha co-diretto la ricerca sul super-pangenoma dei ceci

SHENZHEN, CHINA, June 28, 2024 /EINPresswire.com/ -- Il cece (*Cicer arietinum* L.) è un'importante pianta leguminosa coltivata prevalentemente nelle regioni aride e semiaride di tutto il mondo, la cui produzione globale supera i 17 milioni di tonnellate all'anno. Accanto alla sua elevata importanza economica, il cece possiede un alto valore nutrizionale e contribuisce alla fertilità del suolo aggiustando l'azoto atmosferico. Tuttavia, questa leguminosa presenta una diversità genetica limitata a causa di diversi impedimenti nella sua evoluzione, che si traducono in un'insufficiente capacità di resistere a stress biotici o abiotici, cosa che limita il processo di miglioramento genetico della specie.

Il 23 maggio, uno dei principali studi condotti da BGI-Research, International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), Murdoch University e altri, è stato pubblicato su Nature Genetics: "Il super-pangenoma di Cicer fornisce approfondimenti sull'evoluzione della specie e sui loci dei tratti agronomici necessari al miglioramento delle colture nel cece". Questo studio rappresenta una svolta importante nel tentativo di migliorare la coltivazione del cece e presenta il

nature genetics

Explore content ▾ About the journal ▾ Publish with us ▾

nature > nature genetics > articles > article

Article | Published: 23 May 2024

Cicer super-pangenome provides insights into species evolution and agronomic trait loci for crop improvement in chickpea

[Aamir W. Khan](#), [Vanika Garg](#), [Shuai Sun](#), [Saurabh Gupta](#), [Olga Dudchenko](#), [Manish Roorkiwal](#), [Annapurna Chitikineni](#), [Philipp E. Bayer](#), [Chengcheng Shi](#), [Hari D. Upadhyaya](#), [Abhishek Bohra](#), [Chellapilla Bharadwaj](#), [Revazul Rouf Mir](#), [Kobi Baruch](#), [Bicheng Yang](#), [Clarice J. Coyne](#), [Kailash C. Bansal](#), [Henry T. Nguyen](#), [Gil Ronen](#), [Frez Lieberman Aiden](#), [Erik Veneklaas](#), [Kadambot H. M. Siddique](#), [Xin Liu](#) , [David Edwards](#)  & [Rajeev K. Varshney](#) 

[Nature Genetics](#) (2024) | [Cite this article](#)

1064 Accesses | 51 Altmetric | [Metrics](#)

Lo studio "Il super-pangenoma di Cicer fornisce approfondimenti sull'evoluzione delle specie e sui loci dei tratti agronomici necessari al miglioramento delle colture nel cece" è stato pubblicato su Nature Genetics.

Table 1 | Statistical features of eight wild Cicer genomes

Assembly	<i>C. reticulatum</i>	<i>C. echinospermum</i>	<i>C. bijugum</i>	<i>C. judaicum</i>	<i>C. pinnatifidum</i>	<i>C. yamashitae</i>	<i>C. chorassanicum</i>	<i>C. cuneatum</i>
Total assembly size (Mb)	895.25	734.27	434.97	466.6	643.91	545.79	566.75	565.22
Number of scaffolds	33,080	3,445	1,832	1,324	30,683	22,096	11,728	2,038
Longest scaffold (Mb)	109.19	107.65	26.36	30.7	78.63	68.6	75.74	82.85
Number of scaffolds >10Mb	8	8	11	12	8	9	8	8
NSO scaffold length (Mb)	60.33	92.71	6.76	9.24	53.1	54.71	59.62	75.06
Assembly anchored in pseudomolecules (%)	65.23	88.32	-	-	71	83.85	83.22	99.32
Total transposable element ratio (%)	58.9	51.37	49.64	52.02	56.21	44.12	47.89	56.6
GC content (%)	32.89	32.29	30.05	30.84	32.04	31.75	31.86	32.55
Number of genes	28,627	276,49	23,911	23,516	24,716	25,579	26,993	23,890
Mean gene length (bp)	4,293.5	4,362.46	4,582.07	4,578.58	4,551.47	4,593.59	4,671.78	4,435.23
Number of annotated genes	28,047	27,323	23,730	23,314	24,490	25,113	26,515	23,630
Number of miRNA genes	106	101	87	87	98	87	95	86
Number of tRNA genes	865	696	644	600	791	687	643	701
Number of rRNA genes	3,878	4,532	1,391	1,576	2,827	69,699	7,663	1,151
Number of snoRNA genes	813	776	682	603	824	592	636	666
Number of pseudogenes	1,297	1,252	700	811	881	920	1,141	1,173

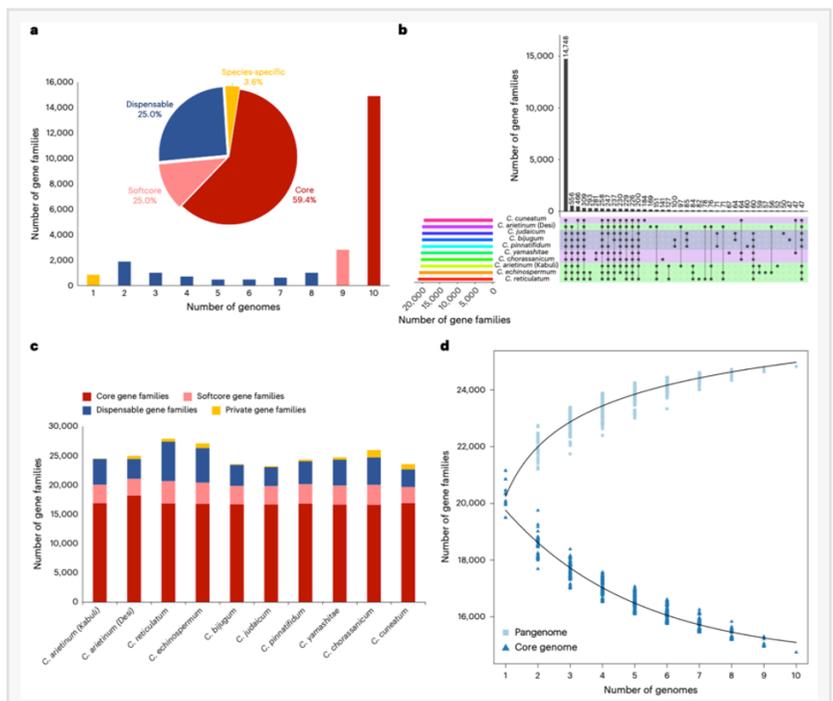
Informazioni statistiche dei genomi di otto specie selvatiche annuali del genere Cicer

super-pangenoma del cece, basato sugli assemblaggi dei genomi di otto specie selvatiche di ceci annuali e di due genomi coltivati riportati in precedenza. Ciò fornisce approfondimenti senza precedenti sull'evoluzione di questa specie leguminosa di vitale importanza e offre un potenziale per il miglioramento delle colture.

Il super-pangenoma è un approccio che prevede lo sviluppo di un pangenoma proveniente dai pangenomi di diverse specie per un determinato genere, in grado di fornire un repertorio completo di variazioni genomiche di un genere e di offrire opportunità senza precedenti per il miglioramento delle colture.

Il team di ricerca ha sequenziato otto specie di ceci selvatici, ottenendo una media di 143,03 Gb di dati di sequenziamento per specie e generando un totale di 1,14 Tb di dati. In aggiunta, hanno utilizzato i dati di sequenziamento high-throughput chromosome conformation capture (Hi-C) per generare assemblaggi di lunghezza cromosomica. L'analisi ha rivelato un'ampia riorganizzazione di molti segmenti del genoma tra le specie di ceci coltivate e quelle selvatiche. Inoltre, ha dimostrato che il cece ha tre pool genici principali e desunto i tempi di divergenza tra i pool.

L'analisi del super-pangenoma del cece ha rivelato molte scoperte importanti riguardo ai geni fondamentali e a quelli trascurabili. I geni del super-pangenoma di tutte le dieci specie di ceci sono stati raggruppati in 24.827 famiglie di geni. Secondo queste famiglie di geni, il super-pangenoma del cece è composto da 14.748 core (presenti in tutte le specie), 2.958 softcore (presenti in nove specie), 6.212 trascurabili (presenti da due a otto specie) e 909 famiglie di geni specie-specifici. Mentre le famiglie di geni core sono coinvolte in funzioni biologiche



Panorama del super-pangenoma di Cicer.

Dal 2013, il BGI ha collaborato con il team di Rajeev Varshney nell'ambito di una serie di studi sul genoma del cece raggiungendo risultati importanti (foto per gentile concessione di Rajeev Varshney).

fondamentali come la crescita, la riparazione del DNA, la comunicazione cellulare, il trasporto, la metilazione, l'elaborazione dell'RNA, il metabolismo e il rilevamento degli stimoli, le famiglie dei geni trascurabili sono arricchite di geni legati alla risposta alla difesa, all'auxina, agli stimoli biotici, alla modifica della parete cellulare e all'omeostasi ionica.

Il team di ricerca ha identificato 29,44 milioni di varianti genetiche non ridondanti e 6,33 milioni di piccole inserzioni e cancellazioni. Sono state identificate anche 491.937 variazioni strutturali. In base a questi dati, è stato costruito un super-pangenoma su base grafica. Il grafico evidenzia un'accurata variazione strutturale nelle 477 accessioni di specie coltivate e selvatiche, dimostrando il loro ruolo vitale per la fioritura del cece, la vernalizzazione, la resistenza alle malattie e altri caratteri.

Il Professor Rajeev Varshney FRS, autore co-corrispondente e Direttore del Centro Statale di Biotecnologia Agricola dell'Università di Murdoch, ha affermato: "Le risorse genomiche e i geni unici presenti nei parenti lontani dei ceci moderni contenuti in questo nuovo studio saranno di grande beneficio per la selezione dei ceci e per il progresso della comunità di ricerca in questo settore in Australia e nel mondo".

"Grazie alla diversità genetica presente nei parenti selvatici del cece, siamo in grado di ampliare in modo significativo la base genetica dei ceci coltivati", aggiunge Amir W. Khan, primo autore e responsabile scientifico senior dell'ICRISAT. "Ciò apre la strada a programmi di selezione volti a mettere a punto varietà di ceci più robuste e ad alto rendimento. Il nostro lavoro sottolinea il potenziale non sfruttato delle specie selvatiche per migliorare il kit genetico disponibile per il miglioramento delle colture".

Sin da quando la costruzione del genoma di riferimento è stata completata dal progetto genoma del cece, avviato nel 2013, ci sono state una serie di ricerche genomiche e di traguardi raggiunti dal BGI con il team del Prof. Varshney.

Da quando il progetto sul genoma del cece, iniziato nel 2013, ha portato a termine il primo genoma di riferimento del cece, il BGI e il team di Rajeev Varshney hanno collaborato a numerosi progetti di ricerca genomica conseguendo importanti traguardi.

"È stato un piacere collaborare con il BGI e altri partner per sviluppare il super-pangenoma di Cicer", ha detto il professor Varshney. "Il nostro studio ha rilevato che le specie selvatiche presentano una maggiore diversità genetica e variazioni che potrebbero essere utili per migliorare i tratti del cece, come la resistenza alle malattie, il tempo di fioritura e la tolleranza agli stress".

Xin Liu, autore correlato e ricercatore del BGI-Research, a conclusione del suo intervento ha dichiarato: "Dal 2013, più di dieci anni di cooperazione scientifica e di risultati di ricerca hanno messo in evidenza il valore e l'importanza della collaborazione globale". Una serie di studi genomici promuoverà miglioramenti nella selezione del cece, oltre a fornire soluzioni per

migliorare altre colture, affrontare il cambiamento climatico e garantire la sicurezza alimentare".

Lo studio è disponibile al seguente indirizzo: <https://www.nature.com/articles/s41588-024-01760-4>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[X](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/723563444>

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.