

COP

Approfondimenti sulla biologia post-raccolta del frutto del pesco attraverso analisi multi-omiche

Le pesche conservate a basse temperature possono mostrare durante la shelf-life una consistenza farinosa associata ad una perdita di succosità. Queste alterazioni, note come danni da freddo (CI), portano ad una scarsa accettazione del prodotto da parte dei consumatori che, alla fine, si traduce in una diminuzione di ulteriori acquisti. Con l'obiettivo di evitare i CI, l'industria ha sviluppato diverse strategie per ridurre farinosità come il raffreddamento ritardato, il riscaldamento intermittente e, con maggior successo, l'uso di atmosfere modificate in combinazione con la rifregirazione (CA; alta concentrazione di CO₂ e bassa O₂). Tuttavia, l'efficacia di queste tecnologie differisce per ciascuna varietà e i meccanismi molecolari di come queste strategie alleviano le CI rimangono sconosciuti. Approcci multi-omici (genomica, trascrittomica, proteomica emetabolomica) sono stati condotti per ottenere informazioni sulle basi biologiche delle CI delle pesche. Tutti questi studi hanno evidenziato che la suscettibilità allo sviluppo di CI è correlata alla capacità di far fronte a stress abiotici (ad esempio bassa temperatura, ipossia), che sono alla base delle tecnologie post-raccolta. È oramai accertato che la pianta risponde agli stress abiotici anche attraverso modifiche epigenetiche, come la metilazione del DNA e le modifiche dell'istone, in grado di modulare il trascrittoma delle pesche durante la refrigerazione. Sulla base di queste evidenze, l'obiettivo di questa ricerca è contribuire alla comprensione del contributo epigenomico nel determinismo delle CI. Per raggiungere questo obiettivo, verranno sequenziati i trascrittomi (RNA-seq) e determinati i profili di metilazione del DNA (bisolfito seq) e di arricchimento istonico nei frutti della cv Fantasia, una cv suscettibile a CI, sia alla raccolta che dopo lo stoccaggio in condizioni refrigerazione e refrigerazione abbinata a CA. Per determinare il contributo dei marcatori epigenetici saranno integrati i dati relativi alla regolazione dell'espressione genica nei frutti farinosi, alla metilazione del DNA (DMRs), al ChIP-seq (DHMRs) e all'RNA-seq. L'integrazione dei fornirà una lista di geni chiave candidati coinvolti nello sviluppo della farinosità (durante la refrigerazione) e nella sua mitigazione (durante CA). A lungo termine, i DMR/DHMR identificati e i geni candidati potrebbero essere ulteriormente studiati come potenziali marcatori per selezionare cultivar tolleranti a CI.

Ente finanziatore: MUR

Bando: D.D. 104 del 02/02/2022

Responsabile scientifico: Bonghi Claudio

Ruolo del DAFNAE: Capofila