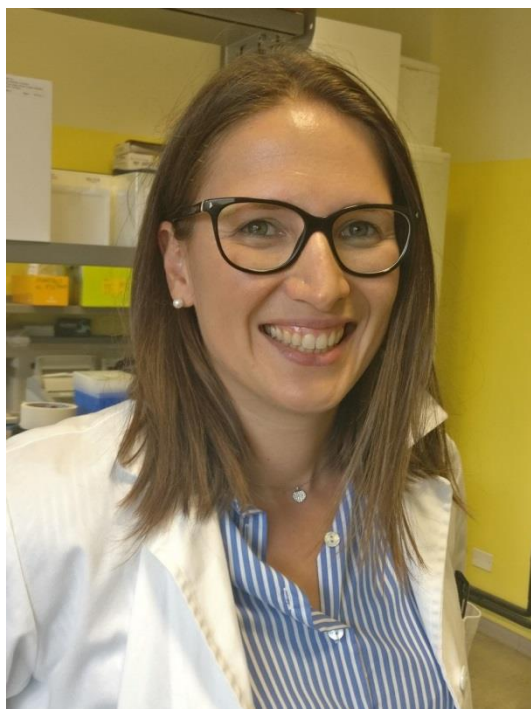


Padova, 29 agosto 2018

**MAPPATO IL GENOMA DELL'ORATA  
MIGLIORE QUALITÀ E SOSTENIBILITÀ IN TUTTA LA FILIERA**

**Publicata su «Nature Communications Biology» la ricerca di Marianna Pauletto dell'Università di Padova. Ora si potranno individuare i geni che fanno crescere di più, ammalare di meno o che garantiscono un filetto di elevata qualità.**

La ricerca coordinata dall'Università di Padova dal titolo [“Genomic analysis of Sparus aurata reveals the evolutionary dynamics of sex-biased genes in a sequential hermaphrodite fish”](#)



pubblicata su «Nature Communications Biology» ha permesso di ottenere la sequenza completa del genoma dell'orata (*Sparus aurata*), che è, insieme al branzino, la più importante specie allevata nel Mediterraneo.

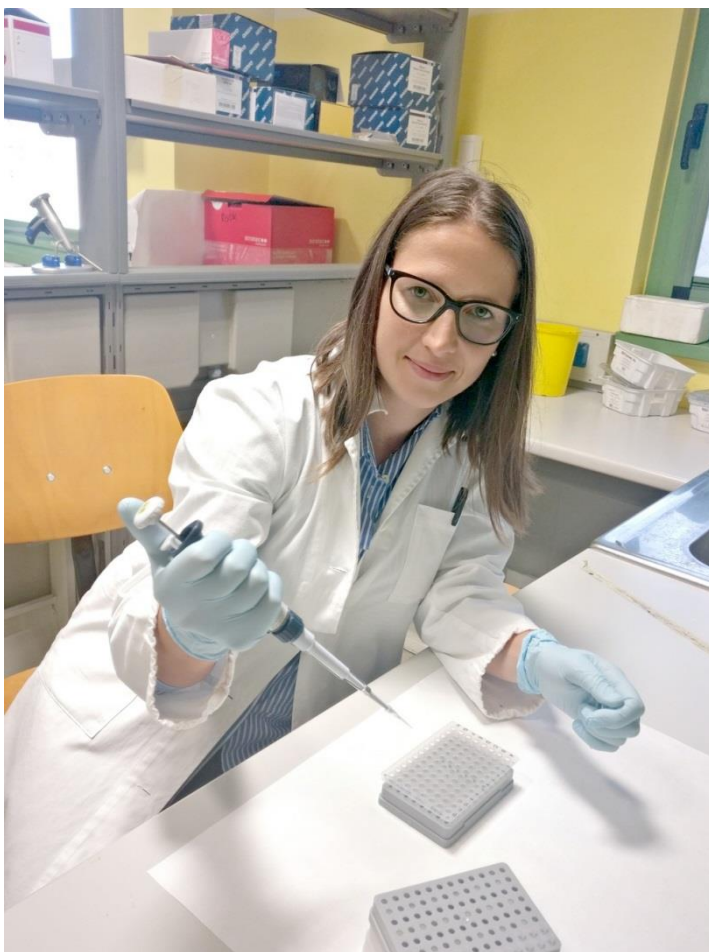
Secondo i dati FAO, la produzione globale di orata è per il 5% derivata dalla pesca, mentre per il restante 95% deriva da attività di allevamento. L'Italia, nello scenario internazionale, si posiziona al 4-5 posto con una produzione di acquacoltura di circa 7.000 tonnellate, contro le quasi 50.000 tonnellate prodotte dal paese leader per questa specie, la Grecia.

L'orata è una specie ermafrodita sequenziale, uno stesso esemplare può essere maschio in una fase della sua vita e femmina in un'altra. In particolare presenta un ermafroditismo sequenziale proterandico: tutti gli individui si sviluppano inizialmente come maschi, ma, all'età di circa 2 anni, vanno incontro ad una regressione dei testicoli e una maturazione delle ovaie, diventando così femmine. Questa condizione sessuale aumenta il successo riproduttivo (elevata progenie): le femmine hanno sempre un'età maggiore dei 2 anni, di conseguenza sono sempre più grandi dei maschi e questo permette loro di avere delle gonadi più grandi, di produrre e ospitare un numero di uova molto più elevato.

Studiare come il DNA di una specie ermafrodita viene “letto” è fondamentale visto che non è la sequenza del DNA (come nell’uomo) a regolare lo sviluppo del sesso, ma il diverso modo in cui il DNA viene trascritto ed espresso. [Lo studio pubblicato](#) ha, per la prima volta, interamente sequenziato e annotato il genoma dell’orata, attribuendo così una funzione alle diverse parti del DNA. Questo ha permesso anche di esplorare l’espressione genica delle femmine e dei maschi e le dinamiche evolutive dei geni espressi in maniera differenziata tra i due sessi.



«Conoscere il genoma di una specie – spiega **Marianna Pauletto del Dipartimento di Biomedicina comparata e alimentazione dell’Università di Padova** e prima firma della ricerca – è come avere a disposizione una mappa: è molto più facile individuare la via più rapida ed efficiente per



raggiungere un obiettivo. Il genoma dell’orata potrà infatti orientare il raggiungimento di alcuni importanti obiettivi del settore come ad esempio individuare i geni che fanno crescere di più, ammalare di meno o che garantiscono un filetto di elevata qualità. Aumentare i volumi e migliorare le caratteristiche del prodotto ittico d’allevamento è una priorità europea poiché la pesca non può soddisfare la crescente richiesta di questo importante alimento. Tutto questo contribuisce in ultima analisi alla commercializzazione di un prodotto migliore, più sostenibile e a costi minori».

La ricerca pubblicata ha beneficiato di risultati e campioni di tre distinti progetti, due europei (AQUATRACE e FISHBOOST) e un Progetto di Eccellenza della Fondazione Cassa di Risparmio Padova e Rovigo, il

GenTechAqua. AQUATRACE (2012-2016) ha sviluppato strumenti per tracciare e valutare l'impatto genetico del pesce allevato, FISHBOOST (2014-2019) ha messo a punto approcci per la selezione genetica delle più importanti specie ittiche allevate, mentre GenTechAqua (2010-2014) ha studiato, con un approccio genomico integrato, crescita e salute dell'orata. Nessuno di questi progetti, singolarmente, aveva come obiettivo dichiarato il genoma dell'orata, ma tutti e tre hanno potuto trarne beneficio.

«L'idea del team di Padova» **continua Marianna Pauletto** «è stata quella di ottenere e mettere a disposizione di tutti una mappatura completa del DNA capace di guidare e facilitare l'interpretazione di numerosi altri dati di tipo genomico in modo da comprendere come nell'orata tutti i geni siano coordinati in un unico sistema complesso. La sequenza completa del genoma e tutti i dati prodotti nel contesto di questo studio sono infatti pubblicamente disponibili nei database di riferimento (NCBI e DRYAD) e possono essere utilizzati sia in contesto scientifico che produttivo. In particolar modo, i primi a beneficiare di questa risorsa saranno gli allevatori che, con il supporto di personale specializzato, potranno utilizzarla per migliorare e ottimizzare la produzione».

Per raggiungere questo ambizioso obiettivo, oltre ai team del Dipartimento di Biomedicina comparata e alimentazione dell'Università di Padova guidati dal Professor Luca Bargelloni e dell'Hellenic Centre for Marine Research a Heraklion coordinati dal Professor Costas Tsigenopoulos, hanno collaborato alla ricerca BMR Genomics (Padova), Università di Verona, Fondazione Edmund Mach (Trento) e il norvegese NOFIMA (uno dei più grandi istituti per la ricerca applicata nei settori della pesca, dell'acquacoltura e della ricerca alimentare in Europa), che hanno ricoperto un ruolo importante nelle fasi di sequenziamento e assemblaggio del genoma; l'Università di Algarve (Faro), che ha invece contribuito all'interpretazione dei dati di espressione genica; l'Azienda agricola Valle Cà Zuliani di Monfalcone (GO) che ha messo a disposizione animali, strutture per le sperimentazioni e le proprie conoscenze rispetto alla specie target.

***“Genomic analysis of Sparus aurata reveals the evolutionary dynamics of sex-biased genes in a sequential hermaphrodite fish”*** - «Nature Communications Biology» (2018)

Team di ricercatori coordinati da Marianna Pauletto: Tereza Manousaki, Serena Ferrareso, Massimiliano Babbucci, Alexandros Tsakogiannis, Bruno Louro, Nicola Vitulo, Viet Ha Quoc, Roberta Carraro, Daniela Bertotto, Rafaella Franch, Francesco Maroso, Muhammad L. Aslam, Anna K. Sonesson, Barbara Simionati, Giorgio Malacrida, Alessandro Cestaro, Stefano Caberlotto, Elena Sarropoulou, Costantinos C. Mylonas, Deborah M. Power, Tomaso Patarnello, Adelino V.M. Canario, Costas Tsigenopoulos e Luca Bargelloni.

Link alla ricerca: <https://rdcu.be/4FCY>