

Caratterizzazione fenotipica e genetica di germoplasma siciliano di pero per la identificazione di caratteri di interesse agronomico

Bennici S.¹, Las Casas G.², Distefano G.¹, Di Guardo M.¹, Allegra F.², Continella A.¹, Nicolosi E.¹, Dondini L.³, De Franceschi P.³, Ferlito F.², Gentile A.¹, La Malfa S.¹

stefania.bennici@hotmail.it

¹Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università degli Studi di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123, Catania, Italia

²Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria Centro di Ricerca Olivicoltura, frutticoltura e Agrumicoltura (CREA-OFA), Corso Savoia 190, 95024 Acireale (CT), Italia

³Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari - Università di Bologna

Il pero è una delle specie da frutto più antiche e maggiormente coltivate nelle zone temperate. Il territorio del Monte Etna, grazie alla sua moltitudine di microclimi, suolo e condizioni orografiche ed alle antiche pratiche di coltivazione determina un'ampia variabilità fenotipica e genetica nelle specie da frutto coltivate, in particolare su diversi tratti agronomici e qualitativi del frutto, epoca di fioritura e maturazione.

Il germoplasma di pero analizzato in questo lavoro, che include genotipi selvatici, varietà locali e varietà coltivate sia nazionali che internazionali, è stato fenotipizzato e genotipizzato attraverso, rispettivamente, il monitoraggio delle fasi fenologiche in relazione all'andamento stagionale e l'utilizzo di marcatori molecolari SSRs con lo scopo di valutare il livello di variabilità e le relazioni filogenetiche.

La caratterizzazione fenologica della collezione di germoplasma ha evidenziato la predominante presenza di varietà con il carattere "basso fabbisogno in freddo" potenzialmente utile come fonte di selezione per questo tratto agronomico. L'analisi SSRs ha rivelato un'elevata variabilità genetica e la presenza di una stratificazione genetica con una sottopopolazione 'selvatica' che caratterizza principalmente le specie selvatiche e che ha avuto un ruolo importante nell'origine di molte delle varietà locali. Lo stesso germoplasma è stato analizzato relativamente alla composizione degli alleli S. Il genere *Pyrus* è caratterizzato infatti da un sistema di auto-incompatibilità gametofitica basato su S-RNasi. L'analisi PCR basata sull'utilizzo di primer 'consensus' e specifici ha permesso di identificare 24 alleli S presenti in 48 genotipi che hanno mostrato una distribuzione eterogenea fra i vari gruppi analizzati, incluso quello delle varietà locali riflettendo una complessa storia di ibridazione.

I risultati forniscono importanti informazioni sulle caratteristiche agronomiche e genetiche del ricco germoplasma siciliano che possono essere sfruttate nella pianificazione di programmi di breeding e lo sviluppo di nuove cultivar con migliorati tratti agronomici inclusi l'adattabilità a diverse condizioni pedoclimatiche e la resistenza a fattori di stress biotici.

Parole chiave: *Pyrus communis*, *P. pyraster*, *P. amygdaliformis*, struttura genetica, locus S.