



# CONSORZIO PER LA TUTELA DEL FAGIOLO DI LAMON DELLA VALLATA BELLUNESE IGP



H A B I T A T



CON IL SOSTEGNO DI

FONDAZIONE  
CARIVERONA

## Il Sequenziamento DEI 5 ECOTIPI

La sequenza del DNA (genoma) del fagiolo *Phaseolus vulgaris* è stata pubblicata per la prima volta nel 2014. Questo importante traguardo è stato raggiunto grazie al lavoro congiunto di numerosi ricercatori internazionali. Lo studio ha fornito una mappa dettagliata del genoma del fagiolo comune, permettendo una maggiore comprensione delle sue caratteristiche genetiche, inclusi i tratti legati alla resistenza alle malattie, alla tolleranza agli stress ambientali e alla qualità nutrizionale. Tuttavia, il primo genoma di fagiolo sequenziato proviene dalla varietà "G19833", che è una varietà di fagiolo comune di tipo mesoamericano. Per quanto le sue caratteristiche genetiche siano rappresentative dell'intera specie del fagiolo comune, la salvaguardia della biodiversità in questa specie passa anche attraverso il RI-SEQUENZIAMENTO, ovvero il sequenziamento del DNA di diverse varietà per scoprire le piccole variazioni del materiale genetico che rendono unica ogni singola varietà.

Per questo motivo sono stati risequenziati i genomi delle cinque varietà del Fagiolo di Lamon. Le analisi di diversità genetica che caratterizzano queste varietà rispetto al germoplasma complessivo del fagiolo sono facilitate dal fatto che esiste già una prima mappa del genoma della specie che costituisce un riferimento di partenza. Inoltre, presso altri enti di ricerca sono in corso iniziative simili per il risequenziamento di altre varietà di fagiolo rendendo possibile comprendere in che misura il Fagiolo di Lamon è unico e in che misura condivide proprietà simili ad altre varietà. La lettura del DNA delle cinque varietà di Lamon costituisce anche il presupposto per il tracciamento genetico dei prodotti alimentari che da esse derivano, dal momento che le peculiarità del loro DNA possono essere utilizzate in futuro per rilevare la presenza o meno del Fagiolo di Lamon nei prodotti freschi o trasformati, grazie al sequenziamento delle tracce di DNA presenti nel cibo, come già viene fatto in altre specie di interesse alimentare, ad esempio nel riso.

