



La regolazione di due geni predice la fioritura di mais in climi temperati

Publicato su *PLOS Genetics* lo studio di un team di ricercatori dell'Università Statale di Milano che identifica due geni associati alla precocità della fioritura del mais.

Milano, 21 luglio 2020. **Variazioni di espressione della coppia di geni ZCN8 e ZCN12 sono alla base della variabilità di epoca di fioritura in mais coltivato in climi temperati.** Questa è la conclusione dello studio pubblicato sulla rivista [PLOS Genetics](#) condotto dal team di ricercatori dell'Università Statale di Milano - dipartimento di Bioscienze, coordinato da **Lucio Conti** e che comprende **Chiara Tonelli** e **Sara Castelletti**, in collaborazione con l'INRAe LEPSE di Montpellier.

Il mais è una pianta di origine tropicale la cui fioritura è stata oggetto di una forte pressione selettiva. L'espansione di mais nei climi temperati è avvenuta grazie alla selezione di una serie di **mutazioni che permettono alla pianta di fiorire in giorni lunghi, tipici della nostra estate.** Esiste tuttavia una grande **variabilità nella fioritura delle varietà di mais temperati, mantenuta a scopo adattativo.** Per esempio, la possibilità di fiorire precocemente è utile in zone climatiche caratterizzate da estati siccitose, oppure molto corte, per evitare situazioni di stress estremo di siccità e freddo. Viceversa, climi caldi temperati impongono la selezione per una fioritura tardiva per massimizzare l'accumulo di biomassa.

Qual è la base genetica di queste differenze di fioritura? **Gli autori dello studio hanno utilizzato una collezione di 350 varietà di mais temperato di origine Nord Americana ed Europea.** Questo approccio ha permesso di identificare decine di regioni genomiche associate al controllo della fioritura. Studiando nella stessa collezione l'espressione genica, **si è scoperto che il livello di due geni omologhi ZCN8 e ZCN12 è direttamente associato alla precocità di fioritura.** Il controllo dell'espressione di ZCN8 e ZCN12 deriva inoltre dalle medesime regioni coinvolte nel controllo della fioritura.

"In questo studio siamo riusciti a dimostrare come il contributo di diverse regioni genomiche associate alla fioritura sia ascrivibile al loro effetto sulla regolazione di ZCN8 e 12" commenta Lucio Conti. *"Abbiamo potuto verificare inoltre come il processo di selezione e adattamento della fioritura ai nostri climi sia direttamente correlato al controllo trascrizionale di ZCN8 e ZCN12"* osserva Sara Castelletti, prima autrice dell'articolo, *"Questa considerazione e la presenza di marcatori molecolari è utile per ottimizzare lo sviluppo varietale nel contesto delle variazioni climatiche generate dal riscaldamento globale"*.

Lo studio è stato interamente finanziato dalla Fondazione Cariplo in collaborazione con la Fondation Agropolis Francese all'interno del progetto CERES Florimaize.