

Ricercatori italiani contribuiscono a svelare i segreti degli agrumi, Nature Biotechnology pubblica il loro studio

Dal sequenziamento del genoma del clementine e di altri 8 agrumi si ricostruisce la storia di come l'uomo ha ottenuto i frutti di cui oggi si nutre

Un consorzio internazionale ("International Citrus Genome Consortium"), comprendente ricercatori di Italia, USA, Francia, Brasile, ha pubblicato sulla rivista Nature Biotechnology dell'8 giugno 2014 la sequenza completa del genoma di clementine (*Citrus x clementine*) e quella di altri sette agrumi, comprendenti specie e varietà appartenenti a pomelo, arancio e mandarino. La partecipazione italiana al consorzio è stata resa possibile grazie al progetto CITRUSTART, finanziato in Italia nel 2009 dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali attraverso il Consiglio per la Ricerca e Sperimentazione in Agricoltura (CRA) con il Centro di Ricerca per l'Agrumicoltura e le Coltive Mediterranee, che lo ha coordinato, hanno partecipato al progetto l'Istituto di Genomica Applicata (IGA), l'Università di Udine e la Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa.

L'utilizzo delle nuove tecnologie di sequenziamento ad alta processività, insieme alla sequenza di alta qualità ottenuta per il clementine con le tecnologie tradizionali, ha permesso non soltanto di descrivere in dettaglio il contenuto in geni (circa 25000) del clementine ma soprattutto di ricostruire come a partire da un numero limitato di specie ancestrali selvatiche (pomelo, *Citrus maxima* e mandarino (*Citrus reticulata*) si siano ottenute con una serie di incroci le specie oggi più largamente utilizzate dall'uomo ai fini alimentari. Ad esempio l'arancio dolce (quello di norma consumato sulle nostre tavole) e l'arancio amaro, altresì detto di Siviglia (quello tanto apprezzato dagli inglesi per preparare la famosa "marmalade" o confettura di arance amare) sono entrambe derivate da mandarino e pomelo; mentre l'arancio amaro è un ibrido semplice che ha avuto il pomelo come madre e il mandarino come padre, l'arancio dolce è invece il risultato di uno schema di incrocio, non si sa se naturale o artificiale, ben più complesso in cui un iniziale ibrido fra pomelo e mandarino è stato nuovamente incrociato con il pomelo ed infine ancora con il mandarino. Il clementine è invece il risultato dell'incrocio fra arancio dolce e mandarino, mentre il mandarino tangerina W. Murcott risulta essere un nipote dell'arancio dolce. Infine dal confronto delle sequenze delle diverse specie e varietà è risultato chiaro che mentre ciò che oggi chiamiamo pomelo e consumiamo come tale è sostanzialmente corrispondente a quella che era la specie ancestrale *Citrus maxima*, quelli che oggi chiamiamo mandarini e consumiamo come tali sono tutte varietà in cui oltre al genoma della specie ancestrale del mandarino (*Citrus reticulata*) sono presenti anche segmenti del genoma del pomelo, a riprova che essi stessi sono il risultato di incroci complessi fra le due specie.

“L’analisi della diversità genetica presente fra specie e varietà di Citrus facendo uso delle più moderne metodologie di sequenziamento di nuova generazione e di analisi bioinformatiche, ha consentito di ricostruire la storia evolutiva e l’impatto dei processi di addomesticamento e di selezione portati avanti dall’uomo in un complesso di specie quali gli agrumi di grande importanza sia a livello internazionale che per l’agricoltura italiana”, dichiara Michele Morgante direttore scientifico dell’Istituto di Genomica Applicata e professore di Genetica presso l’Università di Udine. “Questo lavoro – prosegue Morgante – conferma le grandi potenzialità offerte dagli ultimi sviluppi nel sequenziamento e nell’analisi computazionale in cui IGA è uno dei leader europei per comprendere quali siano le basi genetiche della diversità degli organismi viventi e come essi si modificano nel corso del tempo anche in seguito all’intervento umano”.

“Nonostante le dimensioni relativamente compatte, almeno il 45% del genoma di Citrus è costituito da sequenze ripetute. Il nostro contributo, a questa importante ricerca, si è concentrato sull’identificazione e sulla caratterizzazione di queste particolari sequenze.” ha aggiunto Andrea Zuccolo, ricercatore afferente all’Istituto di Scienze della Vita presso la Scuola Sant’Anna.

“Ora con approcci simili potremo anche analizzare il contributo della terza specie ancestrale, il cedro e l’origine delle specie da essa derivate, come limone, bergamotto, lima e limetta, di grande importanza per l’agrumicoltura italiana. Questo lavoro è già in corso come collaborazione fra il Consiglio per la Ricerca e Sperimentazione in Agricoltura (CRA) con il Centro di Ricerca per l’Agrumicoltura e le Colture Mediterranee e l’Istituto di Genomica Applicata”, dichiara Giuseppe Reforgiato Recupero, che sottolinea “ come aver compreso l’origine delle attuali specie coltivate potrà in futuro servire ad indirizzare i programmi di miglioramento genetico per l’ottenimento di nuove varietà migliorate da un punto di vista qualitativo e nei riguardi della resistenza alle malattie”.

Il lavoro è consultabile sul sito della rivista al seguente URL:

<http://www.nature.com/nbt/journal/vaop/ncurrent/full/nbt.2906.html>