

Agrumi: svelata l'origine e la diversificazione delle arance rosse.

Individuati marcatori per la tracciabilità di Moro e Tarocco

Publicato lo studio CREA sulla prestigiosa rivista internazionale Plant Genome

Grazie al sequenziamento del genoma di 20 varietà di arance siciliane sono state individuate quelle mutazioni in grado di svelare l'origine, l'evoluzione e la differenziazione delle arance, utili per la tracciabilità genetica delle arance a polpa rossa, quali Moro e Tarocco. Lo studio, dal titolo "*Deep resequencing unveils novel SNVs (SNPs), Indels, and large structural variants for the clonal fingerprinting of sweet orange (Citrus sinensis (L.) Osbeck)*" - ("*Il risequenziamento ad elevata profondità svela nuovi SNPs, Indels e large varianti strutturali per la tracciabilità clonale in arancio dolce (Citrus sinensis (L.) Osbeck)*"-), effettuato dal CREA Olivicoltura Frutticoltura Agrumicoltura di Acireale grazie all'ampio patrimonio agrumicolo disponibile nelle sue collezioni, è stato pubblicato sulla rivista internazionale *The Plant Genome*.

Lo studio. Le analisi, effettuate su 20 accessioni di arancio dolce, differenti per composizione nutrizionale (antocianine e licopene), epoche di maturazione, acidità del frutto e per appartenenza a diversi gruppi varietali, hanno consentito di individuare le mutazioni in grado di differenziarle le une dalle altre, identificando i marcatori che contribuiscono a svelarne l'origine e la diversificazione: dati alla mano, l'origine della arance pigmentate potrebbe risalire a un gruppo specifico di arance bionde comuni. Lo studio, quindi, consente di delineare l'evoluzione e la storia delle arance pigmentate.

Il germoplasma agrumicolo è, infatti, caratterizzato da un'ampia variabilità, derivante da mutazioni spontanee, che causa la diversificazione delle arance nei principali gruppi varietali (comuni, Navel, Valencia, Tarocco, Sanguigno, Sanguinello, Moro), caratterizzati da differenze sostanziali fra loro. I nuovi marcatori individuati, inoltre, rappresentano un sistema per la tracciabilità di piante e frutti delle varietà Tarocco e Moro, per cui i classici marcatori molecolari difficilmente funzionano. Queste arance, infatti, con il passare del tempo, accumulano spontaneamente mutazioni nel proprio DNA, rendendosi quindi geneticamente diverse dai campioni sequenziati all'inizio e da cui erano state identificate le mutazioni. Tali nuovi marcatori, in aggiunta ad altri che potrebbero individuati dai risequenziamenti di altre varietà di arancio dolce potranno contribuire alla tutela dei prodotti agroalimentari da eventuali frodi.

Lo studio è frutto di una lunga collaborazione tra il CREA Olivicoltura Frutticoltura Agrumicoltura di Acireale e il Dipartimento di Scienze Agro-alimentari, Ambientali e Animali dell'Università di Udine, l'Istituto di Genomica Applicata (IGA), IGA Technology services s.r.l., il Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali dell'Università di Milano, il CNR IBBA di Milano, il Parco Tecnologico Padano di Lodi, e il Parco Scientifico e Tecnologico della Sicilia di Catania, ed è stato finanziato da progetti del MUR (IT Citrus genomics, Qualitrace) e della Regione Siciliana (NOVARANCIA).

CONTATTO STAMPA

MICAELA CONTERIO 3358458589 Giornalista

Capo Ufficio Stampa

CRISTINA GIANNETTI 345 0451707

CREA – via della Navicella 2/4 – 00184 Roma

@ stampa@crea.gov.it f W www.crea.gov.it

X CREARICERCA

FACEBOOK: CREA – RICERCA

LINKEDIN: CREA RICERCA

INSTAGRAM: CREARICERCA

CREAtube: <https://www.crea.gov.it/crea-tv>

CREAfuturo: <https://creafuturo.crea.gov.it>

*“Per la prima volta – spiega **Concetta Licciardello**, primo ricercatore del CREA Olivicoltura Frutticoltura Agrumicoltura e fra gli autori del lavoro – sono stati risequenziati cloni di arancio tipici dell’agrumicoltura locale siciliana, appartenenti ai gruppi varietali Moro, Tarocco e Sanguinello, in aggiunta a varietà comuni, Navel e Vaniglia, che si differenziano l’un l’altro per un carattere specifico come la presenza di licopene, oppure per l’assenza di acidità. I nostri dati confermano che le arance hanno avuto origine una volta sola, diverse migliaia di anni fa, dall’incrocio naturale tra un mandarino ancestrale e un pummelo, e che solo l’avvento di mutazioni spontanee ha dato origine alla enorme variabilità che osserviamo oggi. Le analisi del DNA sono risultate fondamentali per la tracciabilità di specifici cloni di arance Tarocco e Moro: le variazioni nel DNA oggi disponibili (come SNP, piccole e grandi inserzioni e delezioni, ovvero aggiunta e perdita di porzioni di DNA), - conclude - sono in grado di distinguere cloni di arancio ben precise, rendendo possibile la tracciabilità sia di piante che dei succhi delle stesse varietà”.*

*“Lo studio dei geni delle piante – commenta **Andrea Rocchi**, presidente del CREA - rappresenta sempre più un asset strategico per la ricerca in agricoltura. È per questo che accolgo con grande soddisfazione questo ultimo lavoro della dottoressa Licciardello e di tutto il team CREA coinvolto, che segna un ulteriore passo avanti nella conoscenza del DNA degli agrumi”.*

Lo studio è stato pubblicato sulla rivista internazionale “The Plant Genome” ed è disponibile al seguente [link](#).

A cura di Micaela Conterio 335 8458589