

AGRICOLTURA. Il Dna di otto specie analizzato da un gruppo internazionale di ricerca con l'Italia in prima fila. I risultati saranno molto utili per combattere le malattie più comuni di queste piante, come l'inverdimento e altre ancora

Agrumi, ritratto di famiglia con incroci degni di Dynasty

È una storia davvero succosa, quella dell'antica famiglia degli agrumi: si tratta di una vera e propria 'Dynasty' fatta di intrecci incestuosi e viaggi tra continenti, la cui puntata zero è stata scritta da due antiche specie selvatiche originarie del Sud-est asiatico, che oltre 5 milioni di anni fa hanno intrapreso strade evolutive diverse.

Lo rivela l'analisi del Dna di otto specie di agrumi moderni pubblicata sulla rivista "Nature Biotechnology" dall'International Citrus Genome Consortium, il gruppo internazionale di ricerca che vede l'Italia in prima fila (grazie al progetto Citromics finanziato dal Ministero delle Risorse Agricole e Forestali) con la Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa, l'Istituto di Genomica Applicata di Udine e il CRA-Centro di Ricerca per l'Agrumicoltura e le Colture Mediterranee di Acireale.

Grazie alle nuove tecnologie di sequenziamento ad alta processività, i ricercatori hanno ricostruito come un numero limitato di specie ancestrali selvatiche (pomelo 'Citrus maxima' e mandarino 'Citrus reticulata') abbia dato vita alle specie oggi più diffuse grazie ad una serie di incroci 'incestuosi'.

Un esempio lampante è quello dell'arancio dolce e di quello amaro: entrambe le specie derivano da mandarino e pomelo, ma mentre l'arancio amaro è un ibrido semplice che ha avuto pomelo come madre e mandarino come padre, l'arancio dolce è il risultato di uno schema di incroci più complesso, nel quale prima pomelo è stato incrociato con mandarino, poi la pianta risultante è stata incrociata con pomelo ed infine ancora con mandarino.

Questo 'ritratto di famiglia' rappresenta un'arma molto potente per combattere

le malattie più comuni degli agrumi (come l'inverdimento) che minacciano le coltivazioni, sfruttando la loro ridotta diversità genetica.

"L'analisi della diversità genetica presente fra specie e varietà di Citrus ha consentito di ricostruire la storia evolutiva e l'impatto dei processi di addomesticamento e di selezione portati avanti dall'uomo", spiega Michele Morgante, direttore scientifico dell'Istituto di Genomica Applicata e professore di genetica presso l'Università di Udine. "Nonostante le dimensioni relativamente compatte - aggiunge Andrea Zuccolo, della Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa - almeno il 45% del genoma di Citrus è costituito da sequenze ripetute. Il nostro contributo si è concentrato sull'identificazione e sulla caratterizzazione di queste sequenze". Per Giuseppe Reforgiato Recupero, del CRA-ACM di Acireale,

"con approcci simili potremo analizzare il contributo della terza specie ancestrale, il cedro, e l'origine delle specie derivate, come limone, bergamotto, chinotto, importanti per l'agrumicoltura italiana".

Una fitta teoria di incroci ma due sole specie selvatiche all'origine di questa diversità



Agriumi: la loro storia studiata attraverso il Dna ROY KALTSCHMIDT, LBNL



Peso: 26%