Un consorzio internazionale (International Citrus Genome Consortium), comprendente ricercatori di Italia, Usa, Francia, Brasile, ha pubblicato l'8 giugno sulla rivista *Nature Biotechnology* la sequenza completa del genoma di clementine (Citrus x clementina) e di altri 7 agrumi, comprendenti specie e varietà classificate come pomelo, arancio e mandarino. La partecipazione italiana al consorzio si è resa possibile grazie al progetto "Citrustart", finanziato in Italia dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali nel 2009 attraverso il "Cra", il "Consiglio per la ricerca e sperimentazione in agricoltura". Oltre al "Cra" – "Centro di ricerca per l'agrumicoltura e le colture mediterranee", che lo ha coordinato, si è avuta la partecipazione dell' "Iga", l'Istituto di genomica applicata, dell'Università di Udine, della Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa con il suo Istituto di scienze della vita.

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 25mila) del clementine ma soprattutto di ricostruire come, a partire da un numero limitato di specie ancestrali selvatiche [pomelo (Citrus maxima) e mandarino (Citrus reticolata)], si siano ottenute con una serie di incroci le specie oggi più largamente utilizzate dall'uomo per la sua alimentazione.

Ad esempio l'arancio dolce (quello comunemente consumato sulle nostre tavole) e l'arancio amaro, altresì detto di Siviglia (tanto apprezzato dagli inglesi per la cosiddetta "marmalade") sono entrambi derivati da mandarino e pomelo ma - mentre l'arancio amaro è un ibrido semplice che ha avuto il pomelo come madre ed il mandarino come padre - l'arancio dolce è invece il risultato di uno schema di incrocio ben più complesso in cui prima pomelo è stato incrociato con mandarino, poi la pianta risultante è stata incrociata, a sua volta, con pomelo ed infine ancora con mandarino. Il clementine è invece il risultato dell'incrocio fra arancio dolce e mandarino, mentre il mandarino W. Murcott risulta essere un nipote dell'arancio dolce. Infine, dal confronto delle sequenze delle diverse specie e delle differenti 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 di mandarino (Citrus reticulata), sono presenti segmenti del genoma del pomelo, indicando che siano il risultato essi stessi 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 si modificano nel corso del tempo anche in seguito all'intervento umano".

"Nonostante le dimensioni relativamente compatte, almeno il 45 per cento del genoma di Citrus

è costituito da sequenze ripetute. Il nostro contributo, per questa importante ricerca, si è concentrato sull'identificazione e sulla caratterizzazione di queste particolari sequenze", sottolinea Andrea Zuccolo, ricercatore afferente all'Istituto di scienze della vita della Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa.

"Ora con approcci simili potremo 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 Centro di ricerca per l'agrumicoltura e le colture mediterranee e l'Istituto di genomica applicata", dichiara Giuseppe Reforgiato Recupero, che aggiunge "come aver compreso l'origine delle attuali specie coltivate potrà in futuro servire ad indirizzare i programmi di miglioramento genetico per ottenere genotipi migliorati da un punto di vista qualitativo e nei riguardi della resistenza alle malattie".

La pubblicazione scientifica è consultabile sul sito della rivista Nature Biotechnology al seguente URL: http://dx.doi.org/10.1038/nbt.2906