

# La scienza svela il segreto delle arance rosse grazie al genoma delle arance siciliane

Autore: Redazione

Data: 17 Marzo 2025



Grazie al sequenziamento del **genoma di 20 varietà** di [arance siciliane](#), sono state individuate le 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 è stato effettuato dal **Crea Olivicoltura Frutticoltura Agrumicoltura** di Acireale grazie all'ampio [patrimonio agrumicolo](#) disponibile nelle sue collezioni ed è stato pubblicato sulla rivista internazionale "**The Plant Genome**". Gli scienziati hanno effettuato analisi 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.

Così, hanno potuto individuare le **mutazioni** in grado di differenziare le une dalle altre, identificando i marcatori che contribuiscono a svelarne l'origine e la diversificazione. Sulla base dei dati ottenuti, l'origine della arance pigmentate potrebbe risalire a un gruppo specifico di arance bionde comuni.

## L'importanza di questo studio

Lo studio è importante perché permette di delineare non solo la **storia**, ma anche l'evoluzione delle arance pigmentate. Il **germoplasma** agrumicolo si caratterizza per un'ampia variabilità, derivante da mutazioni spontanee, che comporta 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, fungono da sistema per la **tracciabilità di piante e frutti** delle varietà Tarocco e Moro, per cui i classici marcatori molecolari difficilmente funzionano. Queste arance, con il passare del tempo, accumulano spontaneamente mutazioni nel proprio **DNA**, rendendosi geneticamente diverse dai campioni sequenziati all'inizio e da cui erano state identificate le mutazioni. I nuovi marcatori, in aggiunta ad altri eventualmente individuati da risequenziamenti di altre varietà di arancio dolce, potranno contribuire alla tutela dei prodotti agroalimentare, sbarrando la strada a frodi e contraffazioni.

“Per la prima volta 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”, ha detto **Concetta Licciardello**, primo ricercatore del Crea Olivicoltura Frutticoltura Agrumicoltura e fra gli autori del lavoro.

“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), – ha concluso Licciardello – 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** – ha aggiunto 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**“. [Immagine di freepik](#)

---

Riferimento articolo: <https://www.siciliafan.it/arance-genoma-studio-agrumi-siciliani/>

Generato il 14/05/2025