

Vite: presente e futuro del miglioramento genetico



MARISA FONTANA
CRPV, Filiera Vitivinicola, Faenza (RA)

Un panorama dei metodi e delle tecniche con i quali si sta verificando e ampliando il patrimonio varietale nazionale e regionale.

56

In viticoltura si è passati dal vigneto poli-varietale (costituito da più varietà) a quello mono-clonale (un solo clone) e il miglioramento genetico tradizionale è proceduto parallelamente, facendo della selezione clonale la sua attività principale. Sicuramente il mondo scientifico si è mosso anche in altre direzioni (incrocio, mutazioni indotte, ecc.), ma nell'ultimo ventennio la selezione clonale è stata l'attività più visibile da parte della produzione, che ha potuto usufruire di una gamma sempre più varia di cloni con sempre maggiori garanzie di sanità.

L'attività di selezione clonale richiede tempi lunghi e costi elevati, tanto che in tempi recenti si è iniziato a privilegiare le tecniche di biologia molecolare per modificare, e possibilmente migliorare, le caratteristiche specifiche di un genotipo in un arco di tempo assai più limitato.

In linea generale, le tematiche affrontate nell'ambito dell'attività di miglioramento genetico possono essere così riassunte:

- * metodi di identificazione varietale e clonale;
- * tecniche per la creazione o selezione di individui resistenti alle malattie e a stress ambientali;



- * selezione clonale;
- * metodi di risanamento e selezione precoce *in vitro*.

L'identificazione varietale e clonale

Il problema dell'identificazione varietale in viticoltura è stato affidato per lungo tempo alle descrizioni ampelografiche, ovvero alla osservazione e descrizione di alcuni caratteri su foglie e grappoli.

Il passo successivo è consistito nella misurazione di alcuni parametri caratteristici di foglie e grappoli, grazie all'introduzione dell'informatica. Oggi, infatti, è possibile utilizzare tavolette grafiche e calibri direttamente collegati ad un computer per registrare numerose misure (lunghezza delle nervature, diametri dell'acino, ecc.) ed elaborarle, per arrivare ad una valutazione "biometrica" di una varietà.

Queste due metodiche hanno permesso di indagare delle popolazioni

Sintomi di accartocciamento su foglie di vite. I cloni derivati da selezione clonale devono essere esenti dalle principali virosi per essere omologati.

(Foto Arch. CRPV)

clonali fino a determinare, ad esempio, l'estraneità del clone SG 8T alla famiglia dei Sangiovesi; esso è infatti risultato un clone della varietà *Ciliegiolo*.

Le tecniche biometriche, inoltre, consentono di valutare le "distanze genetiche" fra vari soggetti e quindi di dare indicazioni su quanto un vitigno è geneticamente diverso da un altro. Un esempio in tal senso è fornito dall'analisi delle misure di alcune parti della foglia condotta su vari cloni della varietà *Fortana*. Sono stati, infatti, individuati due sottogruppi morfologicamente diversi che hanno fatto ipotizzare la loro origine da due individui diversi, ma legati da un elevato grado di parentela (probabilmente si trattava di semenzali).

Un'altra metodica che si può affiancare alle precedenti, ma da sola non è determinante, è l'analisi isoenzimatica: essa consente di individuare, nell'ambito di numerosissime varietà, dei gruppi con caratteristiche genetiche molto simili.

La vera rivoluzione nel riconoscimento varietale si è verificata, però, con la messa a punto di tecniche molecolari, che indagano il Dna delle cellule e, rispetto alle precedenti, hanno il vantaggio di essere indipendenti da fattori ambientali.

Questa metodologia ha permesso di arrivare a chiarire che diversi vitigni sono in realtà denominazioni diverse per una stessa varietà.

Ad esempio, utilizzando diversi metodi di indagine, unitamente alla va-

Vitigno Alionza in fase di selezione clonale.

(Foto Arch. CRPV)

lutazione di porzioni di Dna, si è arrivati a stabilire l'identità tra le varietà *Pignoletto* e *Grechetto*, tra *Biancame* e *Trebbiano toscano*, la diversità tra *Spergola* e *Sauvignon* e molto si può ancora fare.

Nessuno dei metodi illustrati è determinante preso da solo, mentre più valutazioni congiunte possono essere talora risolutive.

Individui resistenti alle malattie

La creazione di materiale di moltiplicazione di vite che possa associare a caratteristiche di buona resa ed elevata qualità delle uve anche quelle di resistenza alle principali malattie fungine (botrite, peronospora e oidio soprattutto) costituisce a tutt'oggi una sfida per i ricercatori del settore.

L'ottenimento di soggetti produttivi resistenti a peronospora e oidio è oggetto di diversi programmi di incrocio e selezione, nei quali ci si orienta verso gli ibridi che mostrano maggiore tolleranza verso le crittogame, ma allo stesso tempo presentano in modo attenuato le eventuali caratteristiche qualitative indesiderate dei genitori (ad es. elevata acidità, aromi sgradevoli, ecc.).

I risultati di programmi di miglioramento genetico di questo tipo sono però legati a tempi di realizzazione molto lunghi: almeno 15 anni di osservazioni. Anche in questo caso, però, la biologia molecolare può venire in aiuto delle tecniche tradizionali, rendendo possibile la cosiddetta "selezione assistita".

Ad esempio, attraverso analisi molecolari è possibile individuare caratteri di resistenza a vari fattori e formulare delle ipotesi sulla trasmissione ereditaria di questi caratteri, eliminando precocemente gli individui che non interessano.



La selezione clonale

Nonostante l'attività di selezione clonale sia più ridotta rispetto al passato, non si può negare l'importanza di questo metodo di miglioramento genetico, che ha permesso di ottenere cloni con maggiori garanzie sanitarie e migliore efficienza produttiva rispetto alle piante capostipiti.

In Italia la selezione clonale ha prodotto un buon numero di cloni, anche se esiste ancora una certa disparità tra



Nord e Sud in termini di materiale certificato utilizzato negli impianti.

I problemi che si dovranno affrontare nel futuro per continuare a condurre questo tipo di attività sono fondamentalmente riconducibili a due:

- ① velocizzare le procedure che portano dalla individuazione di nuovi "presunti cloni" alla disponibilità di materiale di base per la moltiplicazione;
- ② relazioni tra selezione genetica e sanitaria, visto che un clone può essere iscritto al "Registro nazionale delle varietà di vite" soltanto se è esente da sette virus principali (GLRaV 1, GLRaV 3, GLRaV 7, GFLV, GVA, GVB, GFkV).

Per quanto riguarda il primo aspetto, un passo in avanti è stato fatto con l'approvazione da parte del ministero delle Politiche agricole e forestali (Mipaf) del nuovo "Protocollo tecnico di selezione clonale", che prevede:

- * la costituzione di almeno un campo di moltiplicazione (in passato almeno due, in ambienti pedologici e climatici differenti) con 20 ceppi per ogni clone su un portinnesto (prima due);
- * almeno tre anni di rilievi e analisi per verificare la persistenza, dopo la propagazione, dei caratteri per cui il presunto clone era stato scelto;
- * analisi sulle uve e sui vini (almeno 2 anni di microvinificazione delle uve) al fine di valutare le potenzialità enologiche del presunto clone (in passato non c'era obbligo di analisi specifiche e microvinificazioni).

In merito al secondo aspetto, occorre portare avanti parallelamente sia le valutazioni genetiche sia quelle sanitarie, visti gli obblighi normativi. D'altra parte alcuni autori ritengono che certe virusi minori (enazioni, necrosi delle nervature, fleck, ecc.) siano ben tollerate dalla vite e, rimanendo in uno stato latente, determinino soltanto una riduzione di vigoria vegetativa, che in ambienti fertili può risultare un aspetto affatto negativo.

Varietà *Malbo gentile*, per la quale sono stati individuati alcuni cloni interessanti in fase di valutazione.

(Foto Arch. CRPV)

Risanamento e selezione precoce *in vitro*

Le tecniche di propagazione *in vitro* consentono in alcuni casi di abbreviare notevolmente i tempi necessari per la valutazione dello stato sanitario o delle caratteristiche agronomiche e fisiologiche di presunti cloni o semenzali.

Uno studio recente ha dimostrato che è possibile, a partire da espianti di tessuti dell'ovario o di antere di fiori infettati dal virus dell'arricciamento, ottenere plantule sane dopo aver tenuto gli espianti in incubazione a 35 °C per 60 giorni. Questi risultati offrono nuove prospettive operative per le varie esigenze di risanamento che si presentano durante i cicli di selezione clonale.

L'attività del Crpv

Attualmente il Centro ricerche produzioni vegetali sta conducendo, in collaborazione con le sezioni viticola e fitopatologica del Crive (Università di Bologna), un programma di miglioramento genetico-sanitario della vite, che interessa le varietà *Ancellotta*, *Malbo gentile*, *Spergola*, *Alionza* e *Trebbiano modenese*, per le quali sono stati individuati dei cloni meritevoli sia sotto il



profilo agronomico che sanitario. Il completamento delle valutazioni sui vini potrà permettere di arrivare a breve alla omologazione di alcuni cloni.

Per quanto riguarda l'areale piacentino, i lavori condotti in collaborazione con l'Università Cattolica del Sacro Cuore hanno portato all'individuazione di un clone interessante di *Bervedino* e all'allestimento di un campo di

presunti cloni della varietà *Croatina*.

In questo clima di profondo rinnovamento della viticoltura emiliano-romagnola, si ritiene a rischio di estinzione buona parte del panorama di vecchie varietà presenti nella regione da tempi storici; inoltre l'asse 2 del Piano regionale di sviluppo rurale, che prevede un sostegno per la salvaguardia della biodiversità genetica, è in qualche modo ostacolato dalla normativa vitivinicola vigente.

Per questi motivi, la Regione Emilia-Romagna e il Crpv stanno cercando di fare chiarezza sul patrimonio genetico viticolo oggi ancora reperibile (individuare nomi locali che si riferiscono ad una stessa varietà, nomi errati, ecc.) e di permettere la tutela delle vecchie varietà attraverso il sostegno all'impianto e alla valorizzazione nell'ambito dell'asse 2 sopra citato.

Sarebbe poi importante poter disporre di un campo collezione, una sorta di *banca genetica*, per conservare il maggior numero possibile di vecchie varietà ed evitare la perdita di quella variabilità di specie che un giorno potrebbe servire per adeguarsi a nuove richieste del mercato. □

(Foto Diateca "Agricoltura")



Si ringrazia il prof. Stefano Poni per le utili indicazioni fornite per la stesura di questo articolo.