

005 Caratterizzazione molecolare di varianti somatiche di *Vitis vinifera* L. per il colore della bacca

Daniele MIGLIARO^{(1)*}, Manna CRESPIAN⁽²⁾, Lorena LEONARDELLI⁽³⁾, Umberto MALOSSINI⁽⁴⁾, Marco STEFANINI⁽³⁾, Riccardo VELASCO⁽³⁾, Claudio MOSER⁽³⁾, Silvia VEZZULLI⁽³⁾

⁽¹⁾ CRA-VIT Conegliano - Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura, Centro di ricerca per la Viticoltura (Conegliano) - Viale XXVIII Aprile, 26 - 31015 Conegliano (TV), I

⁽²⁾ CRA-VIT Susegana - Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura, Centro di Ricerca per la Viticoltura (Susegana) - Via Casoni, 13/A - 31058 Susegana (TV), I

⁽³⁾ Centro Ricerca ed Innovazione, Fondazione Edmund Mach-Istituto Agrario San Michele all'Adige (FEM-IASMA) - Via Edmund Mach, 1 - 38010 San Michele all'Adige, (TN), I

⁽⁴⁾ Centro Trasferimento Tecnologico, Fondazione Edmund Mach-Istituto Agrario San Michele all'Adige (FEM-IASMA) - Via Edmund Mach, 1 - 38010 San Michele all'Adige, (TN), I

*Corrispondente: daniele.migliaro@entecra.it

In vite (*Vitis vinifera* L.), l'accumulo e la fissazione di mutazioni somatiche spontanee sono fenomeni conosciuti e frequenti che permettono ai viticoltori di selezionare e, attraverso la propagazione vegetativa, di utilizzare e diffondere nuove cultivar di grande interesse sia a livello agronomico che commerciale. Nella maggior parte dei casi, le mutazioni somatiche non riguardano l'intero meristema apicale, ma interessano solo uno strato di cellule; in questo caso si parla di chimere (es. periclinali), composte da due foglietti embrionali (*L*, *layer*) geneticamente distinti ed evolutivamente indipendenti.

Tra le mutazioni somatiche spontanee osservate in vite, quelle che influenzano il colore della bacca sono molto probabilmente le più conosciute e studiate e possono essere divise in due gruppi: a) varianti a bacca bianca e grigio-rosa derivate da varietà a bacca nera, b) varianti a bacca rosso-rosa derivate da varietà a bacca bianca. Queste varianti somatiche, se analizzate mediante marcatori microsatelliti (*SSR*, *Simple Sequence Repeat*), risultano identiche alla varietà originaria.

In questo studio, al fine di caratterizzare geneticamente varianti somatiche per il colore, abbiamo intrapreso un approccio *layer*-specifico basato sulla conoscenza della sequenza genomica del cromosoma 2. A tale scopo sono state studiate varietà (*cépage*) del gruppo a) Pinot, Grenache, Merlot, Canaiolo, Calitor, Rondinella, e del gruppo b) Savagnin, Sauvignon, Malvasia di Candia aromatica, Moscato bianco, Baresana, Italia, Chasselas, Sultanina.

In particolare, in campioni di DNA estratti da vari tessuti (foglia, buccia, polpa e radice) abbiamo analizzato le sequenze corrispondenti a 10 regioni geniche e inter-geniche e il profilo di 11 marcatori microsatelliti. I risultati di tale analisi strutturale del cromosoma 2, in primo luogo, comprovano l'esistenza di meccanismi molecolari distinti per le varianti somatiche del gruppo a e b; in secondo luogo, confermano la presenza di un allele parzialmente deletato nel *locus* del colore nelle varianti a bacca bianca e grigio-rosa derivate da varietà a bacca nera e, attraverso l'analisi *layer*-specifico, collocano la delezione nel *L2* definendone l'estensione per ciascuna variante somatica analizzata.

In conclusione, il presente studio ha consentito di caratterizzare a livello molecolare le varianti somatiche di alcune varietà di uva da tavola e da vino di rilevanza internazionale e locale e di ipotizzare l'esistenza di modelli evolutivi diversi tra varietà o gruppi di varietà.