



Vigneti della collina di San Nicolò a Trento.

L'origine della viticoltura

Nel germoplasma le evidenze e le risorse per il miglioramento genetico dei vitigni

M. STELLA GRANDO*, SILVIA LORENZI*, ANNARITA MARRANO*,
PAULA MORENO-SANZ*, LUKASZ GRZESKOWIAK*, FRANCESCO EMANUELLI*

La vite coltivata appartiene alla specie *Vitis vinifera*, l'unica specie del genere *Vitis* nativa in Europa. I diversi vitigni che compongono i circa 8 milioni di ettari di vigneti nel mondo e quelli più numerosi conservati nelle collezioni ampelografiche sono comunemente considerati discendenti della vite domesticata da progenitori selvatici. Una forma spontanea di vite, definita *V. vinifera* sotto specie *sylvestris*, si ritrova effettivamente ancora allo stato naturale lungo i fiumi continentali dell'Eurasia, in un'area che va dal Portogallo all'Himalaya e dalla Germania al Nord Africa. Come per altre specie di

primaria importanza in agricoltura, il passaggio dall'ancestrale selvatico alle prime forme coltivate potrebbe aver avuto luogo nel vicino Oriente in una zona della Mezzaluna fertile o della Transcaucasia 8-10mila anni fa. Oltre a questo processo, eventi di domesticazione secondaria nell'Europa più occidentale, insieme a ibridazioni spontanee fra forme coltivate e forme selvatiche locali, si ritiene abbiano contribuito alla composizione della specie coltivata. Non tutte le osservazioni tuttavia sostengono questa ipotesi e in alternativa i vitigni coltivati potrebbero rappresentare forme evolute di progenitori appartenuti a una specie europea di vite distinta dalla *V. v. sylvestris*. La sempre più ridotta presenza di vite selvatica in Europa per cause antropiche, insieme all'assenza di barriere riproduttive tra le specie del genere *Vitis*, rendono però complicati gli studi sull'origine della

* Gruppo Genomica applicata alla vite, Dipartimento Biologia e Genomica delle piante da frutto, Centro Ricerca e Innovazione della Fondazione Edmund Mach – San Michele all'Adige, Trento.



Analisi al microscopio.

**Negli ultimi anni è cresciuto l'interesse
sull'origine della viticoltura
e sui percorsi di diffusione dei diversi vitigni**

viticoltura basati soltanto sui vitigni attualmente esistenti. Per questo il recupero di materiali antichi potrebbe fornire preziose informazioni.

In alcune collezioni ampelografiche, oltre a varietà maggiori e minori di vite coltivata, sono mantenute *ex-situ* accessioni provenienti da individui di vite selvatica recuperati nell'ambiente naturale. In queste situazioni, è facile osservare come una delle caratteristiche distintive della vite domestica europea rispetto alla vite selvatica sia rappresentata dalla sua capacità di produrre frutti per autofecondazione. Ciò è dovuto alla presenza di fiori ermafroditi nella vite coltivata, a differenza della vite selvatica che porta fiori femminili e fiori maschili in piante separate. Di nuovo, non è ancora chiaro se i fiori ermafroditi sono comparsi per mutazione in piante di vite selvatica o se è esistita una specie selvatica di vite con fiori completi, tuttavia è comprensibile che le piante scelte dall'uomo per il primo utilizzo e poi per la coltivazione siano state quelle ermafrodite. Le viti capaci di produrre frutti per autofecondazione infatti garantiscono una resa di uva più costante rispetto alle piante femminili, dal momento che queste ultime devono trovarsi in prossimità di piante

maschili per l'impollinazione. Oltre a questo, nel processo di domesticazione devono aver giocato un ruolo determinante caratteristiche dell'uva di immediata percezione come la dimensione del frutto e il suo contenuto zuccherino. Mutazioni genetiche, incroci spontanei e preferenze dell'uomo hanno poi contribuito a formare nel tempo un assortimento di tipologie varietali che oggi possiamo immaginare visitando una collezione ampelografica. L'affermazione di vitigni a bacca bianca, per esempio, è avvenuta quando mutanti privi di pigmenti sono comparsi tra le viti coltivate tutte con uva colorata. Analogamente, pensiamo possa essere accaduto per l'aroma moscato, un carattere che come le bacche bianche non è stato riscontrato nelle uve di *V. v. sylvestris*.

Negli ultimi anni, è notevolmente cresciuto l'interesse sull'origine della viticoltura e sui percorsi di diffusione dei diversi vitigni. Questo anche perché l'indagine diretta del genotipo attraverso l'analisi del DNA ha offerto una possibilità di approfondimento molto potente e sono state rivelate delle storie inattese. Considerando per esempio che i vitigni sono nati da seme e sono stati poi propagati per via vegetativa a volte per

Tabella 1: Varietà tradizionali e moderne con il più alto numero di figli tra i vitigni coltivati presenti in collezione. Le relazioni di parentela di primo grado sono state individuate in base alla condivisione dei marcatori del DNA (Lacombe et al. 2013).

Vitigni	Colore dell'uva	Uso	Area di origine	Numero di vitigni figli
Tradizionali				
Gouais blanc = Heunisch weiss	Bianco	Vino	Europa centrale	63
Muscat d'Alexandrie	Bianco	Vino/Tavola	Egitto	60
Chasselas	Bianco	Vino/Tavola	Francia	50
Pinot	Nero	Vino	Francia	49
Frankenthal = Schiava grossa	Nero	Vino/Tavola	Italia/Austria	39
Sultanina	Bianco	Tavola	Grecia	35
Gibi = Hebén	Bianco	Vino	Spagna	28
Riesling	Bianco	Vino	Francia/Germania	27
Ugni blanc = Trebbiano toscano	Bianco	Vino/Tavola	Italia	25
Dattier de Beyrouth	Bianco	Tavola	Turchia	19
Savagnin = Traminer	Bianco	Vino	Italia/Francia	18
Grenache = Garnacha	Nero	Vino	Spagna	17
Muscato bianco	Bianco	Vino	Grecia	15
Cabernet Sauvignon	Nero	Vino	Francia	13
Sylvaner	Bianco	Vino	Austria	12
Moderni*				
Mathiasz Janosne	Rosa	Tavola	Ungheria	21
Alphonse Lavallée	Nero	Tavola	Francia	21
Précoce de Malingre	Bianco	Vino/Tavola	Francia	14
Perle de Csaba	Bianco	Tavola	Ungheria	14
Gros Colman	Nero	Tavola	Russia	13
Italia = Pirovano 65	Bianco	Tavola	Italia	12
Cardinal	Rosso	Tavola	USA	12
Müller-Thurgau	Bianco	Vino	Germania	12

* ottenuti per incrocio da programmi di miglioramento genetico

secoli, il confronto dei genotipi molecolari ha permesso di stabilire le possibili varietà parentali che per incrocio o autofecondazione sono all'origine di varietà molto note. Oltre all'origine genetica, anche l'origine geografica dei vitigni, ovvero la regione in cui un vitigno è stato generato, è oggetto di forte curiosità, sia da parte di appassionati e produttori che da parte dei ricercatori. Queste conoscenze dei vitigni sono infatti utili per comprendere le basi genetiche dei caratteri importanti per la viticoltura commerciale e identificare le varianti più favorevoli per lo sviluppo di varietà innovative attraverso percorsi di miglioramento genetico. Recenti studi del nostro gruppo e di altri laboratori internazionali, sostanzialmente basati sull'analisi delle variazioni del DNA in numerose varietà di vite, hanno delineato un intreccio di relazioni di parentela tra i vitigni molto complesso. È stato visto, per esempio, che la maggior parte delle

cultivar ha almeno un legame di parentela diretto con qualche altro vitigno.

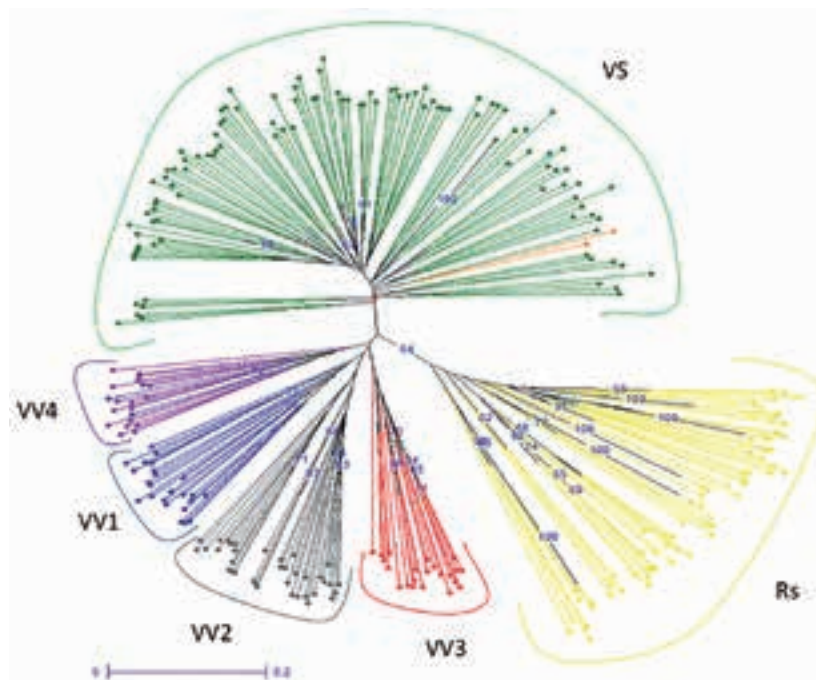
Le relazioni genetiche sono ancora più intense all'interno dei raggruppamenti basati sull'uso prevalente dell'uva: i vitigni per uva da vino sono più imparentati tra loro che con quelli per uva da tavola e viceversa. Analogamente, i vitigni della stessa provenienza geografica si assomigliano geneticamente molto di più tra loro che non con vitigni di altre regioni. Questo può sembrare ovvio, ma se si pensa alla circolazione dei vitigni come ci è stata rappresentata dai racconti storici o si considera la facilità con cui i vitigni si combinano tra loro, è sorprendente ritrovare tale chiara suddivisione nei vitigni di oggi.

Il nostro lavoro ha preso in considerazione gran parte delle accessioni di vite mantenute nella collezione ampelografica della Fondazione Mach

**Il nostro lavoro ha considerato
le accessioni di vite mantenute nella collezione
ampelografica della Fondazione Mach**

(FEM). Si tratta di un'importante riserva di risorse genetiche costruita alla fine degli anni 80 con l'introduzione di materiali viticoli da varie istituzioni internazionali, e il recupero di vitigni minori e viti selvatiche sul territorio italiano. Nella collezione sono inoltre presenti varietà per uva da vino e portinnesti ottenuti dall'ibridazione della vite europea con *Vitis* americane. Analizzando il DNA di circa 2.300 accessioni di nome diverso, questo germoplasma è stato esplorato profondamente, permettendo una stima della diversità genetica della raccolta di materiali e quindi del suo potenziale valore in termini di varianti genetiche. Misurando la similarità dei profili molecolari delle viti, sono emersi dei raggruppamenti che ben si accordano con le conoscenze sulla provenienza geografica dei vitigni. In particolare, 330 accessioni sono risultate chia-

ramente assegnate a 6 popolazioni che rappresentano le *Vitis* americane, le *V.v. sylvestris* e quattro sottogruppi di vite coltivata definiti "ancestrali" o *Proles*. Questi sono composti rispettivamente da varietà di origine balcanica (*Proles pontica*), varietà per uva da tavola di origine orientale (*Proles orientalis antasiatica*), varietà Moscato (*Proles orientalis caspica*) e varietà per uva da vino originarie di Francia e Germania (ad esempio Pinot, Riesling renano e Gewürztraminer). Analogamente a quanto osservato nella grande collezione di vite di Vassal in Francia, la maggior parte delle varietà coltivate mostra un significativo livello di *admixture* (rimescolamento genetico), presumibilmente frutto di ibridazioni al di fuori dell'area di origine e tale da interferire con l'assegnazione esclusiva delle cultivar a una o all'altra della popolazioni ancestrali. Di un certa



*Dendrogramma di similarità genetica di 330 accessioni di Vitis rappresentanti le diverse popolazioni identificate nella collezione FEM. Il gruppo Rs è composto da portinnesti e da viti selvatiche americane; il gruppo VS comprende gli individui di vite selvatica europea (*V. v. ssp sylvestris*). Nei gruppi VV1, VV2, VV3 e VV4 si distribuiscono le varietà di vite coltivata (*V.v. ssp sativa*) considerate ancestrali. Tali raggruppamenti ben si accordano con la presunta origine geografica dei vitigni. Nello specifico, il gruppo VV1 comprende genotipi di origine balcanica ed alcune varietà italiane, in VV2 si trovano accessioni di uva da tavola di origine orientale, il gruppo VV3 rappresenta la famiglia dei Moscato, mentre VV4 è composto da varietà da vino di origine franco-germanica.*



Foglia di vite.

utilità pratica è stato scoprire nella collezione l'esistenza di un numero di accessioni in duplicato, pari a circa il 50% del totale. Questo in parte è un dato atteso per la vite coltivata dove spesso nomi diversi sono attribuiti allo stesso vitigno e infatti le 1.659 presunte varietà di vite presenti in collezione sono risultate alla fine essere "solo" 733 diverse varietà. Anche nel comparto portinesti è stata osservata una situazione simile, con 310 accessioni risultate di fatto avere 127 profili genetici differenti.

Il confronto dei profili genetici ha però anche permesso di stabilire la vera identità di vitigni sconosciuti e di scoprire accessioni erroneamente denominate. Grazie alla conoscenza della ridondanza e la migliore identificazione dei contenuti, questo lavoro offre un'opportunità per razionalizzare la gestione della collezione ai fini conservativi, ma crea anche le basi per l'utilizzo delle risorse genetiche presenti.

Insieme ai dati riportati per altri grandi repository di vite in Europa e USA, i nostri risultati contri-

Tabella 2: Caratteristiche del germoplasma della collezione di vite FEM analizzato

con marcatori del DNA. Comunemente le accessioni con nome diverso sono considerate varietà diverse. Il confronto dei profili genetici invece ha rivelato che molte accessioni in realtà corrispondono alla stessa varietà.

Popolazione	Accessioni analizzate	N. di diversi profili genetici osservati	N. di profili osservati in una sola accessione	N. di profili osservati in più accessioni	N. medio di accessioni con lo stesso profilo genetico
<i>V. vinifera</i> coltivate (ssp <i>sativa</i>)	1.659	733	450	283	4.3
<i>V. vinifera</i> selvatiche (ssp <i>sylvestris</i>)	177	139	120	19	3.0
Ibridi	127	86	65	21	3.0
Portinesti	310	127	78	49	4.7
Totale	2.273	1.085	713	372	4.2

I risultati della ricerca contribuiscono a delineare il quadro della variabilità genetica della vite

buiscono a delineare il quadro della variabilità genetica della vite a livello globale, fornendo una misura delle diverse varietà esistenti e delle loro interrelazioni. Ciò che tuttavia ha motivato maggiormente il nostro sforzo è stata la possibilità di individuare tra le numerose e diverse varietà di vite, gruppi ristretti di accessioni in grado di rappresentare la gran parte della diversità genetica presente nell'intera collezione. Anche questo è stato possibile considerando marcatori del DNA di ciascun individuo e andando ad assortire il gruppo desiderato con l'uso di opportuni *software*. Sono state create in questo modo delle *core collection* di accessioni che permettono di passare a un livello superiore di valutazione del germoplasma, quello orientato alla ricerca di associazioni tra caratteristiche fenotipiche e tratti del DNA. Con opportuni set di 90-100 varietà, sono già stati avviati gli studi genetici di caratteri fenologici come l'epoca di fioritura, produttivi e compositivi (resa in frutti, qualità aromatica e fenolica delle uve) e di resistenza agli stress.

Infine, grazie alla presenza di un numero particolarmente elevato di individui di *V.v. sylvestris* nella collezione FEM, alcuni vitigni coltivati come il Lambrusco a foglia frastagliata (il locale Enantio) e il Lambrusco di Sorbara (una vite a fiori femminili) sono risultati più prossimi alla vite selvatica che alle altre varietà. Benché il nome "lambrusco" richiami in effetti morfologie selvatiche, questa è la prima volta che dati scientifici supportano la possibile domesticazione *in situ* di vitigni italiani.



Riferimenti bibliografici

Emanuelli, F., Lorenzi, S., Grzeskowiak, L., Catalano, V., Stefanini, M., Troggio, M., Myles, S., Martinez-Zapater, J.M., Zyprian, E., Moreira, F.M., Grando, M.S. (2013) *Genetic diversity and population structure assessed by SSR and SNP markers in a large germplasm collection of grape*. BMC Plant Biology, 13(39)

<http://www.biomedcentral.com/content/pdf/1471-2229-13-39.pdf>

Battilana, J., Lorenzi, S., Moreira, F., Moreno Sanz, P., Failla, O., Emanuelli, F., Grando, M.S. (2013). *Linkage mapping and molecular diversity at the flower sex locus in wild and cultivated grapevine reveal a prominent SSR haplotype in hermaphrodite plants*. Mol. Biotechnol. 54 (3):1031-7

<http://link.springer.com/content/pdf/10.1007%2Fs12033-013-9657-5.pdf>

Grzeskowiak L., Costantini L., Lorenzi S., Grando M.S. (2013) *Candidate loci for phenology and fruitfulness contributing to the phenotypic variability observed in grapevine*. Theor Appl Genet, in press <http://link.springer.com/content/pdf/10.1007%2Fs00122-013-2170-1.pdf>

Lacombe T., Boursiquot J.M., Laucou V., Di Vecchi-Staraz M., Péros J-P., This P. (2013) *Large-scale parentage analysis in an extended set of grapevine cultivars (Vitis vinifera L.)*. Theor Appl Genet 126:401–414

Lavoro svolto nell'ambito dell'Azione COST FA 1003 "East-West collaboration for grapevine diversity exploration and mobilization of adaptive traits for breeding".