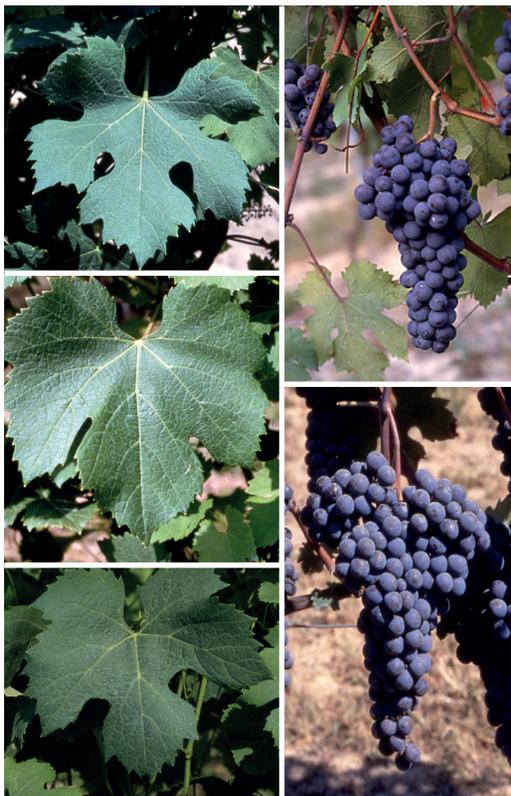


# IL PATRIMONIO CLONALE DEL NEBBIOLO

Franco Mannini

È noto come il vitigno Nebbiolo presenti una elevata eterogeneità morfologica che si manifesta sia tra biotipi di provenienze geografiche diverse sia tra quelli della medesima zona. Nelle Langhe, già in passato, e ben prima che si avviasse in modo organico la selezione clonale della varietà, era ben nota ai viticoltori la coesistenza di alcune "sottovarietà" la cui distinzione e stabilità era considerata tale da far prevedere nei disciplinari DOC (oggi DOCG) di Barolo e Barbaresco l'impiego o l'esclusione dell'una o dell'altra. Si parlava di "Michet", "Lampia", "Rosè" (queste ammesse) e "Bolla" (quest'ultima esclusa per l'elevata produttività). Oggi è difficile stabilire quanta variabilità nell'espressione dei caratteri fosse dovuta all'influenza dell'ambiente, dalle pratiche colturali o dalle malattie virali e quanta effettivamente ascrivibile al genotipo, cioè la base genetica (Schneider, Mannini, Culasso, 1991; Mannini, Argamante, 2000.) (A). Solo con l'avvio della selezione clonale e più recentemente grazie all'analisi del DNA si è

potuto fare chiarezza su questi aspetti. Alcuni risultati si sono rivelati sorprendenti: si è capito ad esempio che la sottovarietà "Rosè" è un genotipo affine ma distinto (in altre parole non è proprio Nebbiolo al 100%), che le caratteristiche della sottovarietà "Michet" erano principalmente dovute all'infezione del virus della degenerazione infettiva (GFLV), che la distinzione "Lampia"/"Bolla" è piuttosto aleatoria. Il Nebbiolo presenta inoltre "ecotipi" legati alla sua tradizionale coltivazione in specifici territori: lo "Spanna" (Novarese e Vercellese), "Picotèner" o "Picotèndro" (Val d'Aosta e Alto Canavese), "Prunent" (Val d'Ossola) e "Chiavennasca" (Valtellina). Anche in questo caso una distinzione netta di caratteri non è sempre evidente ma, con l'ausilio di tecniche moderne di analisi del DNA (SNVs), recenti studi sul genoma del Nebbiolo condotti dal CNR, in collaborazione con l'Università di Verona, hanno consentito di evidenziare pool genici distinti in cloni originari della stessa

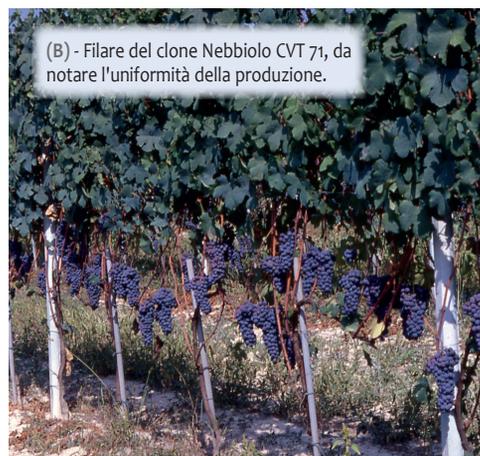


(A) - Ampia variabilità clonale del Nebbiolo espressa dalla foglia dei diversi cloni (dall'alto: CVT 142, CVT CN 230 e CN 111) e dai grappoli (dall'alto CVT 4 e CVT 142).

area rispetto ad altri di altre aree (Gambino *et al.*, 2017). L'indagine ha preso in esame ben 98 cloni di diversi selezionatori e di diverse provenienze geografiche di cui ha sequenziato il genoma individuando cinque gruppi genici diversi, di cui uno, il più diffuso, è presente in tutti gli areali piemontesi e valdostani ma non in Valtellina, altri presenti principalmente in Val d'Aosta e Canavese, altri ancora solo nelle Langhe e nel Roero. Tali risultati suggeriscono che il gruppo di maggior diffusione geografica sia probabilmente quello ancestrale, originato in Piemonte (in cui il Nebbiolo è già citato nel 1200) e da cui per mutazione sono derivati gli altri gruppi. Il gruppo omogeneo della Valtellina presuppone una introduzione più recente in quest'area (le prime citazioni del Nebbiolo risalgono solo al 1600) e quindi l'assenza o la ridotta presenza di mutazioni. Resta il fatto che il

Nebbiolo è un vitigno con una elevata variabilità intravarietale e la selezione clonale condotta negli anni dal Centro di Miglioramento genetico e Biologia della Vite-CNR di Grugliasco (TO), oggi confluito nell'Istituto di Protezione Sostenibile delle Piante del CNR di Torino, è stata indirizzata al mantenimento e alla valorizzazione di questa biodiversità (Schneider, Mannini, 2006; Mannini *et al.*, 2015) (B). La selezione infatti è stata condotta indagando tutti gli areali di coltivazione del Nebbiolo in Piemonte e Valle d'Aosta per reperire cloni virus-esenti con caratteristiche agronomiche ed enologiche ottimali ma che rappresentassero il più possibile la variabilità genetica della cultivar. Ad oggi i cloni selezionati dal CNR ed iscritti al Registro Nazionale delle Varietà di Vite (<http://catalogoviti.politicheagricole.it>) sono ben 21. Il primo areale investigato per la sua importanza storica e commerciale è stato l'Albese. Sono originari delle Langhe, infatti, i cloni CN 36 e CN 111 (omologati nel lontano 1980), il CVT CN 142 e 230 (1990), il CVT 141, 180 e 185 (2004).

Con una certa approssimazione possiamo ascrivere questi cloni alla tradizionale sottovarietà "Lampia" (sebbene ognuno con caratteri morfologici distintivi: foglia più intera o più incisa; grappolo piramidale più o meno alato, e così via). Fa eccezione il clone CN 111 che appartiene alla sottovarietà Rosè, come confermato dall'analisi del DNA, e quindi è un Nebbiolo un po' a sé stante. Anche le



(B) - Filare del clone Nebbiolo CVT 71, da notare l'uniformità della produzione.

caratteristiche ampelografiche lo rendono facilmente distinguibile dal Nebbiolo true-to-type: foglia grande e grappolo piccolo e cilindrico. Anche a livello enologico il vino ottenuto con il "Rosè" si differenzia dall'originale per il contenuto antocianico modesto ma anche per la ricchezza di profumi. Una storia a sé rappresentano i cloni CVT 63, 66, 71 (2001) e CVT 4 (2005). Questi cloni sono stati individuati in vigneti di La Morra e supposti essere della sottovarietà "Michet". Tradizionalmente erano considerate caratteristiche del "Michet" la vigoria ridotta (con internodi corti e fasciazioni), le foglie piccole ed incise, una produttività modesta dovuta alla bassa fertilità e ai grappoli piccoli (spesso con acinellatura dolce), ma di qualità enologiche ottimali. A dispetto della supposta qualità enologica, la diffusione di questa sottovarietà non era comunque molto elevata a causa delle scarse attitudini agronomiche. Il controllo virologico ha poi evidenziato in tutti i ceppi presi in considerazione la presenza del virus della degenerazione infettiva (GFLV), la cui sintomatologia in effetti richiama tutti quei caratteri di debolezza vegetativa prima menzionati (a cui spesso col tempo segue il deperimento e la morte della pianta). Per poter omologare cloni di questo gruppo si è pertanto dovuto ricorrere ad un risanamento artificiale (termoterapia) per eliminare il virus. Il processo ha richiesto un tempo ben più lungo di selezione ma i risultati si sono rivelati molto buoni. Le piante risanate di questi cloni hanno recuperato la vigoria perduta (anche le foglie risultano meno incise), migliorato la produttività, che tuttavia rimane contenuta in quanto il grappolo ha pezzatura inferiore rispetto alla sottovarietà "Lampia", e quel che più conta la qualità delle uve raggiunge standard molto elevati (concentrazioni zuccherine e un contenuto polifenolico, ed antocianico superiori alla media). I cloni CVT 308, 415 e 423 (2001) sono stati individuati nell'area pedemontana della bassa Valle d'Aosta e Alto Canavese e presentano tratti morfologici caratteristici quali una vegetazione più rada ed un grappolo piccolo e poco alato rispetto ai cloni albesi. Le uve del CVT 423, inoltre, possiedono una dotazione polifenolica importante. Anche questi cloni hanno dovuto percorrere la via del risana-

mento (per coltura di meristemi). In questo caso tuttavia i virus presenti erano quelli dell'accartocciamento fogliare (GLRaVs), virus molti diffusi in vite (il Barbera, ad esempio ne è particolarmente sensibile) che interferiscono non tanto sugli aspetti vegeto-produttivi delle

del vivaismo viticolo regionale (e non solo), e tramite di esso dei viticoltori piemontesi, un patrimonio clonale del vitigno Nebbiolo ampio e diversificato, atto a fornire il materiale di moltiplicazione idoneo all'impianto in ambienti pedo-climatici differenti (ad esempio sui terreni calcarei ed alcalini delle Langhe oppure acidi di Gattinara) o ad obiettivi enologici diversificati a seconda delle scelte aziendali. Rimane il rammarico di non aver potuto completare per mancanza di finanziamenti la selezione del Nebbiolo "Prunent" della Val d'Ossola, pool genico pedemontano di sicuro interesse. La fonte primaria di tutti questi cloni è



(C) - Screen house del Ce.Pre.Ma.Vi di Alba.

piante quanto sulla qualità dell'uva ritardando la maturazione e penalizzando zuccheri e polifenoli (Mannini, Argamante, 1999). In anni più recenti con la selezione si sono esplorati i pool genici del Nebbiolo del Nord Piemonte (Vercellese

conservata in sicurezza in vaso e sotto screen-house presso il Centro di premoltiplicazione materiale viticolo (Cepremavi) della Regione Piemonte ad Alba (CN) e gestito dal Vivaio Cooperativo Vivalb (C, D). Presso il Centro sono



(D) - Interno della screen-house del Ce.Pre.Ma.Vi. con le piante madri dei cloni CNR.

e Novarese) e del Roero. L'esplorazione di vecchi vigneti nell'area di Gattinara e di Ghemme ha permesso di individuare e selezionare nel primo caso i cloni CVT B10, C15 e F5 (2015), ascrivibili al tradizionale Nebbiolo locale denominato "Spanna", e nel secondo il clone CVT C2 (2012), riferibile alla tipologia locale Nebbiolo "cobianco" (nella sua espressione dialettale). Tutti questi cloni possiedono buone attitudini agronomiche ed enologiche. Analogamente si è operato nel Roero ottenendo l'omologazione nel 2014 dei cloni CVT E6, F6 e G9. In buona sostanza grazie ad una intensa attività di selezione durata quattro decenni (finanziata nel tempo dal CNR, dal MAF e in anni più recenti dalla Regione Piemonte) è stato messo a disposizione

stati inoltre realizzati i vigneti di piante madri di questi cloni (e di quelli degli altri vitigni selezionati in Piemonte dal CNR) per la produzione annuale di barbatelle categoria di "base", destinate alla vivaistica viticola per la produzione di materiale "certificato" (etichetta azzurra). Nell'ultimo triennio 2019-21 la vivaistica nazionale ha prodotto in media due milioni di barbatelle annue di Nebbiolo "certificate" (cioè da selezione clonale) a cui hanno concorso, oltre ai cloni CNR, anche quelli selezionati dai Vivai Cooperativi di Rauscedo, dall'Università di Milano e dalla Fondazione Foianini di Sondrio.

Franco Mannini  
 Ricercatore CNR in quiescenza  
 fondazionealmasso@gmail.com