

LE "IMPRONTE DIGITALI" DEI VITIGNI

Anna Schneider

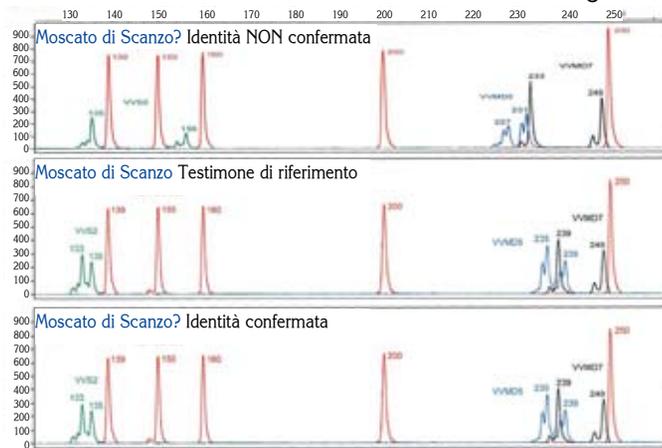
Fin dalla sua scoperta e prima descrizione, la molecola del DNA non ha smesso di rappresentare uno degli elementi chiave del progresso scientifico: oggi non vi è praticamente disciplina in campo biologico che esuli dall'analisi del genoma degli organismi coinvolti o dei suoi meccanismi di espressione. Anche nello studio delle cultivar di vite, dal momento in cui è stato chiaro che ogni vitigno era caratterizzato da uno specifico fingerprint genetico, l'analisi di alcune porzioni del DNA messa a punto nell'ultimo decennio del secolo scorso ha portato ad un grande progresso nei processi d'identificazione, ovvero di assegnazione di un individuo ad una determinata varietà. Anche chi non è proprio del mestiere sa bene che il riconoscimento delle diverse cultivar, la loro identificazione e corretta denominazione è questione talora piuttosto complicata quanto cruciale, anche per il fatto che l'utilizzo dei vitigni è soggetto ad implicazioni legali (iscrizione nel Registro e classificazione, regole per le denominazioni di origine dei vini e loro etichettatura, rispondenza varietale del materiale di propagazione, ecc.).

L'ampelografia classica

Basata sull'osservazione dei più significativi caratteri morfologici delle piante, ovvero visivamente osservabili, è stata fino all'avvento della biologia molecolare l'unico strumento per distinguere i vitigni e verificarne l'identità mediante il confronto con tipi di riferimento certi. Richiede ovviamente di poter operare durante la **stagione vegetativa** preferibilmente su **piante adulte**, si deve confrontare con le **variazioni del fenotipo** (modificazioni esteriori) dovute ad esempio all'ambiente culturale, necessita di personale addestrato e presenta ampi margini di **soggettività**. Non così per l'analisi del DNA, che può essere estratto dalla pianta di qualunque età e in ogni momento dell'anno, non è influenzato dalle condizioni

di coltura, per marcatori già sviluppati ha costi ormai contenuti e non è soggetto a criteri discrezionali.

Malgrado ciò, per diverse ragioni, non è il caso di relegare in soffitta l'ampelografia classica e di campo: è la via con cui si prende spesso coscienza di eventuali problematiche d'identificazione, è l'unico modo che permette di evitare errori di campionamento, ha un ruolo di indirizzo nel formulare ipotesi d'identità da verificare, è fondamentale nell'interpretazione dei risultati ottenuti in laboratorio.



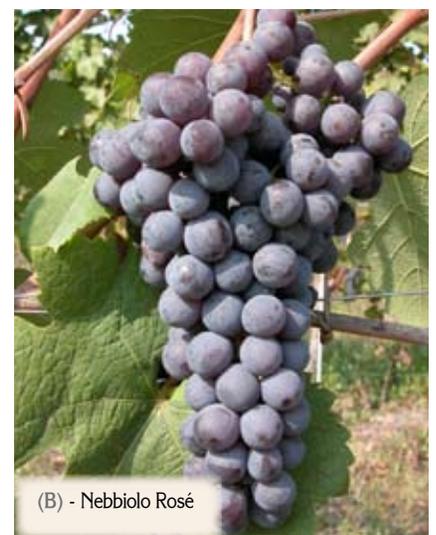
(A) - Profili genetici a confronto a scopo di identificazione varietale (per gentile concessione di Paolo Boccacci)

L'ampelografia molecolare

Benché in generale i risultati più solidi e completi si ottengano proprio valutando entrambi gli aspetti, dove la morfologia delinea un quadro che l'esame dei profili genetici conferma o viceversa, è indubbio che l'analisi molecolare offra risultati oggettivi, raramente ambigui e, spesso, solide certezze. Il DNA, inoltre, è una molecola stabile, che può essere trasportata agevolmente senza catena del freddo, e con costi modesti può giungere a laboratori anche lontani. Alcune tecniche di analisi, poi, prevedono alta riproducibilità e una buona trasferibilità dei profili genetici ottenuti: ciò significa che con qualche accorgimento è possibile armonizzare e confrontare dati anche provenienti da laboratori diversi. Nulla di più semplice, dunque, che operare dei confronti a distanza, tra campioni che si trovano in aree lontane, in regioni o magari in Paesi viticoli diversi. Ma c'è di più, la **stabilità**

e la **riproducibilità** di alcuni **marcatori** (così sono chiamate quelle porzioni della lunga molecola di DNA che vengono analizzate) permette di costruire **banche dati** di profili genetici di riferimento (A). In altre parole, archiviare i dati tipici del Barbera o del Riesling (ovviamente di sicura identità), permetterà di riconoscerli in seguito in campioni sconosciuti. Anche se alcuni laboratori che operano sul suolo nazionale hanno sviluppato negli ultimi tempi delle ampie raccolte di profili genetici dei vitigni italiani principali e minori, questi dati sono ancora limitatamente disponibili per il pubblico, gap che dovrebbe tuttavia essere in parte colmato entro la fine del 2011, quando due iniziative (<http://www.vitisdb.it> e CRA-VIT) amplieranno o avvieranno l'uscita online di queste informazioni genetiche per le cultivar del nostro territorio, unitamente a quelle ampelografiche. A queste due si aggiunge una ulteriore banca dati, disponibile sul sito del MIPAAF, che offre le descrizioni ampelografiche ufficiali, i

cloni registrati, numerosissime foto ed altre informazioni utili per la conoscenza del patrimonio varietale viticolo italiano. Il 2012, dunque, si profila come un anno di svolta in fatto di documentazione sui vitigni del nostro Paese.



(B) - Nebbiolo Rosé

Distinzione dei cloni

Mentre per l'identificazione varietale l'analisi del DNA è dunque risolutiva (a patto ovviamente di disporre di un'identità sicura per il profilo genetico eventualmente coincidente), la distinzione dei cloni all'interno delle cultivar è tutt'altro che risolta. La variabilità intra-varietale in vite, infatti, dipende dall'accumulo di mutazioni somatiche che riguardano porzioni estremamente specifiche della molecola di DNA, porzioni che la maggior parte dei marcatori oggi diffusamente usati non vanno ad interessare. Sistemi che permettono di scandagliare molte regioni del genoma contemporaneamente, il cui sviluppo è stato reso possibile o favorito dal sequenziamento completo del genoma di vite di recente acquisizione, sono oggi allo studio per riuscire a distinguere le singole piante, o per lo meno individuare i cloni certificati.

Distinguere i vitigni

Le analisi genetiche permettono in alcuni casi di comprendere a fondo la natura o la diversità di alcuni genotipi che l'analisi morfologica stenta a separare e classificare. Rientra in questa situazione il **Nebbiolo (B)**, vitigno dalle tante facce morfologiche coltivato con denominazioni diverse in varie zone dell'Italia nord-occidentale, per il quale i viticoltori di Langa riconoscevano alcune distinte sottovarietà. Un'accurata indagine portò a distinguere tre tipi morfologici: Michet, Rosé e Lampia, nell'ultimo dei quali confluivano i numerosi esemplari provenienti dalle altre aree colturali. È l'analisi del DNA che ha rivelato che i genotipi in gioco erano in realtà due, confermando l'appartenenza del Michet al Nebbiolo tipo Lampia (da cui l'incidenza di virus malfornanti lo distingue morfologicamente), e la diversità a livello genetico del Rosé. Come ha potuto quest'ultimo essere considerato un "simil-Nebbiolo"? Anche qui la risposta viene dall'esame a livello genetico dei due genotipi Nebbiolo Lampia e Rosé, l'uno sicuramente derivato dall'altro per riproduzione da seme, presumibilmente a seguito di un **incrocio spontaneo** che è il fenomeno più frequente alla base dell'origine di molti vitigni tradizionali.

Anche per il vitigno **Prosecco**, oggi ufficialmente designato **Glera** dal nome utilizzato nel Collio e nel Carso, si ha una simile situazione: studi ampelografici accompagnati da verifiche genetiche hanno dimostrato che nel Trevigiano erano coltivati due Proseccchi, distinti se pure prossimi geneticamente, riconoscibili per la forma dell'acino: il Prosecco tondo, attualmente il più diffuso, ed il Prosecco lungo, nel tempo abbandonato per l'incostante produttività.

Anche la confusione tra **Chardonnay** e **Pinot bianco**, o tra quest'ultimo e il Melon, che ancora perdura non solo nel nostro Paese, può essere spiegata da una stretta vicinanza genetica che si esprime in somiglianza morfologica. Per la verità Chardonnay e Pinot hanno caratteri ampelografici assolutamente distintivi (tra cui il noto seno peziolare sguarnito o non sguarnito), e un occhio esperto si accorgerebbe della foglia revoluta del Melon, ma è anche vero che l'analisi del DNA ha dimostrato che Chardonnay e Melon sono fratelli ottenuti da semenzali derivati dall'incrocio degli stessi genitori Pinot e Gouais bianco (C), da cui si spiega l'affinità tra questi vitigni. E ancora, chi non ricorda il fatto che parte di quanto ritenuto essere **Cabernet franc** in Italia corrisponda in realtà al **Carmenère**, mentre in Australia quest'ultimo è confuso con il Merlot? Un occhio un po' allenato, è vero, ben distingue in campo questi tre vitigni bordeaux, diversi anche per caratteri agronomici e qualitativi, ma è pur significativo che essi siano risultati consanguinei, con il Cabernet franc genitore comune tanto del Merlot quanto del Carmenère.

Origine dei vitigni

Questi esempi di problematiche ampelografiche, tra le molte citate nella bibliografia scientifica disponibile, richiamano anche un altro terreno a cui la genetica ha grandemente contribuito, ovvero l'origine dei vitigni che oggi coltiviamo. Agli ampelografi ottocenteschi era già chiara la nozione che le diverse cultivar dovessero essere derivate dalla propagazione di un'unica pianta sviluppatasi da seme, nata spontaneamente, selezionata e propagata da qualche vignaiolo al pari degli incroci per così dire "pilotati" ottenuti dagli ibridatori (come il Müller Thurgau o l'Italia). Il merito delle analisi genetiche è di aver inconfutabilmente dimostrato che questo è quanto realmente accaduto per molti vitigni,

per i quali è stato possibile ritrovare i due altamente probabili genitori. Queste indagini stanno ridisegnando in buona parte le credenze sull'origine e sui percorsi compiuti dalle varietà di vite nel tempo. L'origine della Syrah pare esser disgiunta dall'omonima cittadina persiana nota per la bontà delle sue uve come pure dalla colonia greca di Siracusa, se è vero che deriva dall'incrocio di due vitigni del sud-est della Francia, la Dureza e la Mondeuse blanche, oggi praticamente scomparsi. Al Merlot ha dato i natali, oltre al già citato e ben noto Cabernet franc, una oscura Madeleine noire, vitigno da tavola di precocissima maturazione ritrovato accanto alle abitazioni in



(C) - Grappolo di Liseiret, coltivato in Alta Langa, una versione piemontese del Gouais blanc, vitigno chiave del patrimonio genetico europeo

qualche villaggio nei dintorni di Cognac. Tra i vitigni italiani, alcuni paiono particolarmente significativi da un punto di vista genetico, nel senso che hanno contribuito allo sviluppo della base varietale della penisola, che pure si presenta di ampia diversità: tra questi il Nebbiolo per il nord-ovest, il Teroldego nel nord-est, il Sangiovese e la Garganega

nel centro e nel sud Italia, e la Malvasia bianca del Chianti, di probabile origine greca, un po' dovunque, diffusa com'era dal nord al sud. Il Moscato bianco è quasi certamente il progenitore di molti vitigni aromatici sparsi nel mondo, ed un suo diretto discendente, il Moscato di Alessandria, ha fondato insieme alla cultivar Mission, introdotta dai religiosi, la base varietale originale del Sud America.

Avventure complesse ed affascinanti, che raccontano come da sempre i vitigni hanno intrecciato vicende, vita e migrazioni con quelle dei popoli o dei personaggi che li hanno introdotti, coltivati, diffusi e custoditi, tanto che la loro storia è un po' la storia della nostra civiltà.

Anna Schneider
CNR - Virologia Vegetale
a.schneider@ivr.cnr.it