

## “Convegno sulle potenzialità genetiche della *Vitis vinifera*”

### Considerazioni sulla variabilità del genoma della vite

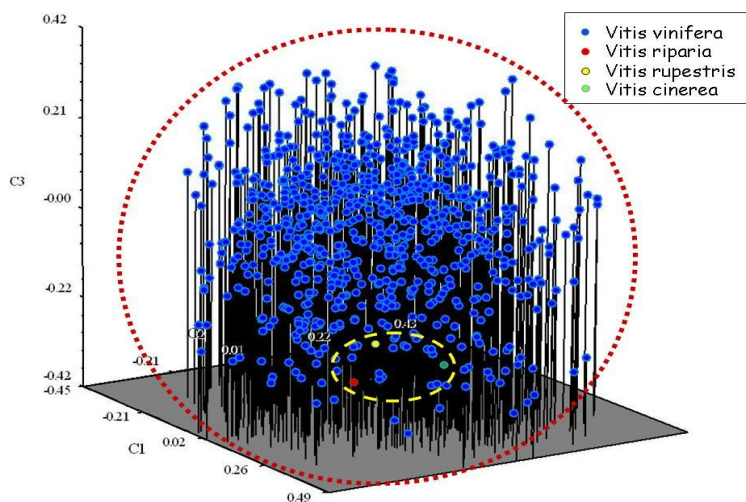
*Meneghetti S., Costacurta A., Calò A.*

La vite è coltivata in varie zone del mondo a clima prevalentemente temperato (8.000.000 ha) e produce circa 70 milioni di tonnellate di uva, utilizzate per il 70% per la produzione di vino, per il 22% come uva da tavola e per il restante 8% come uva per l'essiccazione, oltre a altri usi minori. L'uva è il secondo frutto prodotto al mondo, dopo le banane; in Italia si producono 40.000.000 di ettolitri di vino, di cui più della metà sono esportati (l'Australia, per esempio, ne produce 18.000.000 hl). L'uva, come è noto, è prodotta da piante appartenenti al genere *Vitis*, che però comprende molte specie tra cui troviamo piante selvatiche, piante resistenti a patogeni e stress abiotici ma poco produttive, piante molto produttive ma più sensibili. La famiglia delle *Vitaceae*, dal punto di vista sistematico, appartiene al Regno delle *Plantae*, Phylum *Magnoliophyta* (*angiosperme*), Classe *Magnoliopsida* (*dicotiledoni*), Ordine *Rhamnales*. Più in particolare il genere *Vitis* viene suddiviso in due sottogeneri principali dal punto di vista tassonomico, entrambi diploidi, *Muscadinia* e *Euvitis*: al primo appartengono le viti con corredo cromosomico  $2n = 40$  (*Vitis popenoei*, *Vitis rotundifolia*, *Vitis munsoniana*) mentre al secondo quelle con  $2n = 38$ , che vengono suddivise in base alla loro origine di coltivazione. In particolare è suddiviso nella vite americana come *V. berlandieri*, *v. riparia*, *V. rupestris*, *V. labrusca*, in quella detta euro-asiatica come *V. vinifera* (divisa a sua volta in due sottospecie, quella selvatica e quella coltivata, rispettivamente *V. silvestris* e *V. sativa*) e in quella asiatica-orientale (come *V. amurensis*). Fra tutte le specie appartenenti al genere *Vitis* solamente una ha realmente un grande interesse economico-produttivo ed è anche quella col maggior numero di varietà, ovvero *V. vinifera*. Le altre vengono perlopiù impiegate come portinnesti o come viti ornamentali ma producono grappoli piccoli e inadatti alla produzione. Il 99% del vino proviene comunque dalla vite euro-asiatica con tutte le centinaia delle sue cultivar. Oggi le biotecnologie ci permettono di studiare questa grande variabilità in *Vitis* direttamente a livello delle molecole di DNA e RNA mediante l'uso di svariati marcatori molecolari e molteplici tecniche di analisi.

Nel corso dei millenni si sono originati un numero molto elevato di vitigni, con origine prevalentemente naturale; la storia della vite è stata strettamente legata nei secoli a quella stessa dell'Uomo (selezione sia naturale che antropica) e i vari viticoltori hanno selezionato i vitigni sulla base dei caratteri agronomici ritenuti da loro “importanti” il che ha contribuito ad aumentare molto la variabilità all'interno della vite coltivata. Gli studi a livello genetico ci dicono che il genoma di *Vitis vinifera* (sequenziati nel 2007) presenta appunto 38 cromosomi a corredo diploide ( $2n=38$ ) per un totale di 487 Mb (milioni di paia di basi) equivalenti a circa 30.000 geni, una dimensione abbastanza ridotta per una specie di interesse agrario se paragonato a Frumento e Mais. Nella vite i microsatelliti (SSR) permettono di avere un unico profilo genetico per ogni varietà (nel Registro Varietale Italiano sono iscritte 460 cultivar con 1600 cloni). Oggi sono ufficialmente registrati circa 10.000 vitigni (cultivar) ma nella realtà, soprattutto in Paesi ad antica tradizione viticola, ne esistono molti di più. Per ogni cultivar ci sono inoltre differenti cloni, biotipi e materiali autoctoni (variabilità intra-varietale) ma ricordiamo che esistono ancora molti vitigni sconosciuti.

Le analisi condotte con SSR ci mostrano alcune differenze molecolari presenti nel genere *Vitis* a livello sia inter- che intra- specifico ma soprattutto evidenziano la grande variabilità entro la vite euro-asiatica, quella coltivata (variabilità inter- e intra- varietale). Una rappresentazione mediante PCA di tale variabilità entro il genere *Vitis* confrontando vitigni appartenenti alla specie *vinifera* in relazione con altre tre specie americane mediante SSR viene riportato in Figura 1: qui è possibile vedere in blu le tante cultivar della vite euro-asiatica (tra cui Merlot, Sangiovese, Moscato bianco, Chardonnay, Garnacha tinata, Greco di Tufo, Regina dei vigneti, etc ...) e con altri colori tre viti americane quali *V. riparia*, *V. rupestris* e *V. cinerea*. La sola analisi SSR condotta a più di 20 loci evidenzia una grande variabilità entro la vite coltivata (le centinaia di cultivar si dispongono

formando quasi una sfera) con quindi presenza di moltissimi profili molecolari diversi associabili ad altrettante varietà, mentre questa differenza sembrerebbe decisamente più circoscritta tra specie diverse dalla *V. vinifera* (i tre puntini diversamente colorati raggruppati con tratteggio giallo, nella parte bassa della sfera dei puntini blu). Questo indica che incredibilmente c'è una maggiore variabilità a livello SSR entro *Vitis vinifera* che tra tre diverse specie di *Vitis* americane analizzate. Questa evidenza non è casuale ma è stata confermata anche con altri approcci molecolari, come si dirà in seguito.



**Figura 1:** Rappresentazione della grande variabilità a livello microsatellite (PCA) presente nella *Vitis vinifera* (i puntini blu rappresentano le diverse cultivars) a confronto con quella di tre vitigni americani quali *V. riparia*, *V. rupestris* e *V. cinerea* (puntini rosso, giallo e verde)

Associando gli studi genetici a quelli ampelografici appare chiaro come le tante varietà di *V. vinifera*, specialmente da vino, si differenziano effettivamente per una “incredibile quantità di aromi, profumi, colori, sapori, etc. con la presenza di tutte le possibili sfumature intermedie”. Per studiare più a fondo la variabilità genetica sia intra- che inter- varietale oggi possiamo disporre di un numero notevole di tecniche molecolari che indagano sull'intero genoma, come per esempio, AFLP, SNP, S-SAP, SAMPL, I-SSR, M-AFLP, SAMPL, etc. Con queste tecniche è possibile discriminare i materiali appartenenti alla medesima cultivar (cloni, biotipi, accessioni) e vedere le relazioni tra i diversi vitigni. Da questi studi risulta ancora più chiaro come entro la vite europea la variabilità genetica sia decisamente molto maggiore che entro le altre specie di *Vitis* non europee.

Riuscire a deciptare il genoma della vite (sequenziamento, trascrittomica, proteomica, etc) assieme alle svariate analisi del DNA oggi ci consentono di conoscere meglio tutte le reali potenzialità della *Vitis vinifera*, basti pensare che sono già stati identificati, mappati e clonati geni/QTL di resistenza alle principali patologie della vite euro-asiatica come Peronospora, Oidio, Fillossera, studiati nuovi incroci in *Vitis* resistenti a malattie, compiuti passi avanti sulla conoscenza dei fenomeni legati alla maturazione dell'uva con scoperta di nuovi geni, sequenziati genomi di varietà autoctone, sviluppati approcci di *gene silencing*, genomica funzionale, *DNA barcoding*, *Marker Assisted Selection*, filogenesi su vite selvatica, determinata la regione genomica che determina il sesso in *Vitis*, studi sull'importanza dei vitigni minori, l'espressione genica (come per la terpene sintasi) durante lo sviluppo dell'acino, solo per citare alcuni tra i tantissimi programmi di ricerca.

Concludendo possiamo dire che c'è sicuramente una grande variabilità nelle viti euro-asiatiche (*Vitis vinifera*) per quanto riguarda aromi, sapori, aspetti fenologici e ampelografici: questa ricchezza viene confermata dalle analisi genetiche a vari livelli. In relazione allo sviluppo storico, è consequenziale trovare una grande variabilità maggiormente apprezzabile nelle uve da vino (la presenza di infinite sfumature) rispetto a quelle da tavola; infine possiamo dire che effettivamente

*Vitis vinifera* è una specie che ha avuto una storia molto particolare con selezione di tanti vitigni derivati da un'opera continuativa dell'uomo stesso quale interfaccia sensibile di detta selezione.