



Tornata di Vicenza: 1 Dicembre 2012

Tema trattato: ***Le potenzialità genetiche della Vitis Vinifera***
Breve sintesi dei lavori presentati

Il contributo della genetica per possibili evoluzioni nella gamma di varietà adottabili in coltivazione è spesso concepito come utilizzazione di nuovi genotipi prodotti da specifici programmi di costituzione. Questa visione rappresenta solo una parte della realtà con il rischio di trascurare, nella ricerca e nell'applicazione, il contributo di biotipi in parte coltivati e meritevoli di attenzione. Poiché non si può pensare che, pur con il dovuto rispetto dei disciplinari codificati, il quadro varietale debba restare immutato nel tempo, sembra conveniente continuare nell'approfondimento delle attuali potenzialità, comprese quelle di entità poco diffuse o non presenti nei vigneti. Tale apprezzamento dovrebbe riguardare, oltre che l'adattabilità alle esigenze tecniche della nostra viticoltura, anche i riflessi che alterazioni del panorama varietale, anche se non necessariamente ampie, potrebbero avere sull'economia del comparto vitivinicolo in generale ed in particolari settori dello stesso.



Nell'incontro di sabato 1 dic.2012, organizzato dal Gruppo di Genetica dell'AIVV, il dott. **Stefano Meneghetti** ha mostrato come, grazie anche alle moderne tecniche di biologia molecolare, sia stata evidenziata una grandissima variabilità presente nel genoma della *Vitis vinifera* sia interche intravarietale; variabilità enormemente più ampia di quella di tutte le altre numerosissime specie (diverse centinaia !) del genere *vitis*. Quando riusciremo a decriptare completamente il genoma della vite, assieme alle svariate analisi del DNA, saremo in grado di conoscere meglio tutte le reali potenzialità della *Vitis vinifera*.

Il prof. **Oswaldo Failla**, dopo aver illustrato, anche a nome del prof. **Attilio Scienza**, le varie ipotesi sull'areale di diffusione della *Vitis vinifera silvestris*, si è soffermato ad illustrare i vari interventi di recupero del germoplasma viticolo orientale che hanno interessato Georgia, Armenia, Azerbaijan, Moldova, Ukraina e Russia per un totale di circa 2600 accessioni raccolte. Tutto questo materiale dovrà ora essere identificato e caratterizzato. Alcuni lavori sono già in corso e lasciano intravedere buone prospettive di miglioramento genetico per la presenza fra il germoplasma recuperato di genotipi particolarmente interessanti per fenologia, composizione delle bacche e resistenze alle avversità. In un volume di recente pubblicazione (Caucasus and Northern Black Sea Region Ampelography) vengono descritti 269 di questi vitigni scelti per il loro valore storico e geografico.



Anche la piattaforma ampelografia occidentale descritta dai prof.ri **Schneider e Raimondi**, presenta una straordinaria ricchezza di genotipi (circa 3500 da vino) in gran parte conosciuti e valorizzati. Ciò nonostante, indagini approfondite, sia a livello ampelografico che molecolare, potrebbero rivelare ulteriori interessanti potenzialità.

L'intervento conclusivo del prof. **Carlo Lorenzoni**, preparato assieme ai colleghi **Antonio Calò** e **Angelo Costacurta**, ha evidenziato, riportando alcuni esempi, la difficoltà di diffondere con successo nuovi genotipi in un panorama varietale mondiale che è spesso il frutto di centinaia e forse anche migliaia di anni di scelte da parte dei viticoltori. Questa difficoltà potrebbe essere forse superata dalle nuove tecnologie che consentono l'introduzione di alcuni particolari caratteri migliorativi negli attuali vitigni coltivati, mantenendo inalterata le caratteristiche generale delle varietà e quindi anche del loro nome.

