

VARIABILITÀ GENETICA E PARENTELE INASPETTATE DEL NEBBIOLO NEBBIOLO: GENETIC DIVERSITY AND UNEXPECTED PARENTAGE

Anna Schneider¹, Paolo Boccacci², Daniela Torello Marinoni¹, Roberto Botta², Aziz Akkac², José Vouillamoz³

1: CNR, Istituto di Virologia Vegetale, Unità Viticoltura, Torino

2: Dipartimento di Colture Arboree, Università di Torino

3: Istituto Agrario S. Michele all'Adige (TN) – Department of Viticulture & Enology, University of California, Davis (USA)

La spiccata variabilità fenotipica del Nebbiolo ha portato non solo ad assegnare a questo nobile vitigno denominazioni diverse nei differenti luoghi di coltura (Spanna nel Nord Piemonte, Picotendro in Valle d'Aosta, Prunent in Val d'Ossola, Chiavennasca in Valtellina), ma anche a definire nel solo territorio albese alcune sottovarietà, la cui distinzione e stabilità era considerata tale da far prevedere nei disciplinari di produzione di vini prestigiosi l'impiego o l'esclusione dell'una o dell'altra. I rinomatissimi DOCG Barolo e Barbaresco devono infatti essere prodotti con Nebbiolo delle sottovarietà Michet, Lampia o Rosé, con l'esclusione pertanto di altre sottovarietà un tempo più o meno diffuse.

L'esame comparativo di numerosi genotipi appartenenti a quattro importanti sottovarietà (Bolla, Lampia, Michet e Rosé) e ad alcuni sinonimi del Nebbiolo, condotto con metodi ampelografici descrittivi e biometrici, ha indicato l'esistenza di tre principali tipi morfologici: il Nebbiolo Lampia, a cui vanno ricondotti anche i sinonimi tra cui Picotendro e Chiavennasca, il Nebbiolo Michet e il Nebbiolo Rosé. L'analisi del DNA mediante marcatori molecolari eseguita sugli stessi campioni per valutare la loro variabilità genetica ha mostrato per il Nebbiolo due diversi genotipi: il genotipo Lampia, identico al Michet e a tutti gli altri sinonimi, e il genotipo Rosé, con profilo del tutto distinto dai precedenti. Le differenze morfologiche riscontrate nel Nebbiolo Michet si confermano pertanto dovute esclusivamente all'infezione di GFLV (*Grapevine Fanleaf Virus*), che interessa tutte le viti della sottovarietà Michet non sottoposte a risanamento. Per il Nebbiolo Rosé le analisi genetiche non solo hanno rilevato un profilo genetico diverso, ma hanno anche indicato come molto probabile una relazione di parentela di primo grado con l'altro genotipo del Nebbiolo.

Sempre basandosi sull'analisi con marcatori molecolari microsatelliti o SSR (*Simple Sequence Repeats*) sono proseguite le indagini volte a individuare altre possibili cultivar legate da parentela con il vitigno Nebbiolo, con l'obiettivo di definirne l'origine genetica e geografica. Il DNA del Nebbiolo Lampia è stato comparato con più di 1500 varietà di vite del mondo intero (inclusi ovviamente molti vitigni dell'Italia Settentrionale). Le 7 cultivar geneticamente più vicine al Nebbiolo Lampia, oltre al Nebbiolo Rosé come già accennato, sono risultate nell'ordine: Negrera, (Valtellina), Freisa (Piemonte), Vespolina (Nord Piemonte e Oltrepò pavese), Bubbierasco (Cuneese), Pignola, Rossolino nero e Rossera (Valtellina). In base all'analisi effettuata con 23-50 *loci* SSR, per ciascuna delle citate varietà si è dimostrata possibile una relazione di parentela di primo grado con il Nebbiolo genotipo Lampia. Le indagini stanno attualmente proseguendo con marcatori supplementari per spiegare questi legami di parentela e chiarire l'origine del Nebbiolo.