

# 110 anni di Agraria - 1914 - 2024

## Il futuro è nell'agraria

### Sezione Colture Arboree



**Linee di ricerca: Biotecnologie, biologia molecolare, identificazione varietale, micropropagazione e risanamento**

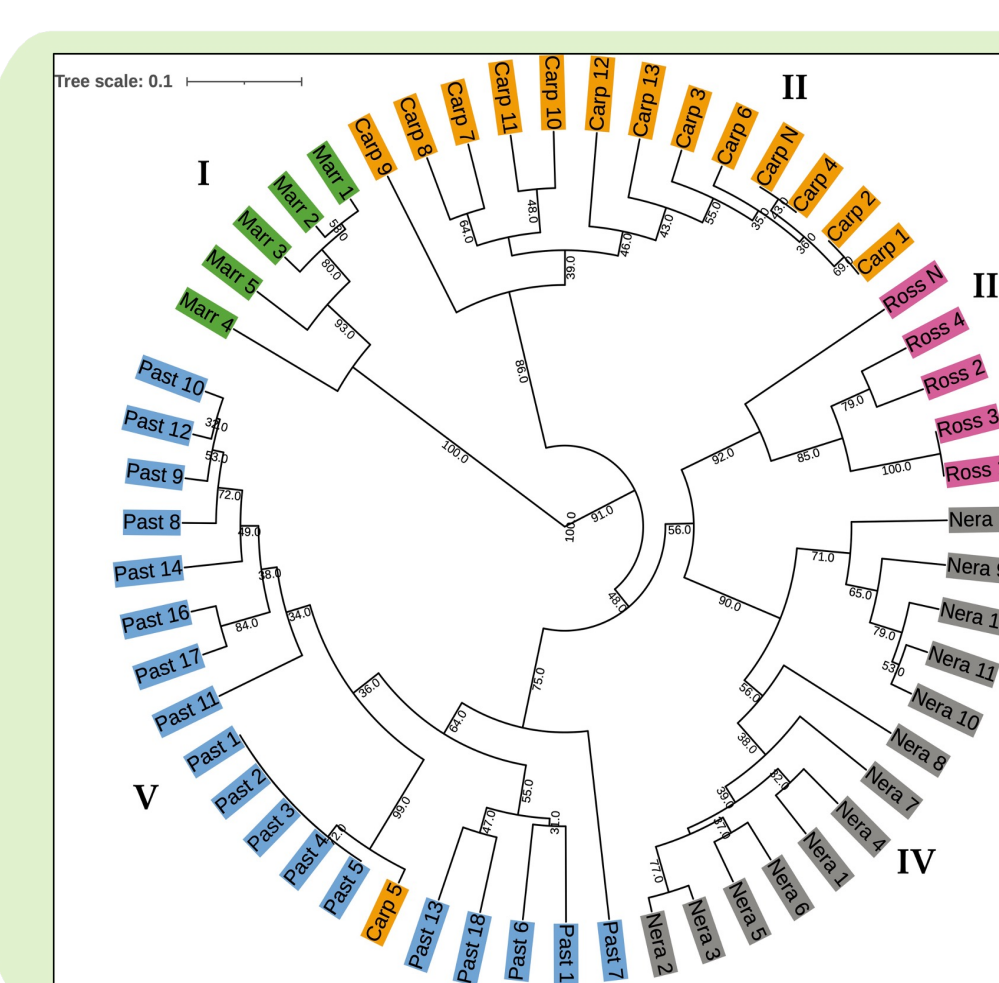
## TRACCIABILITÀ GENETICA DELLE VARIETÀ DI CASTANEA SATIVA NELLA MONTAGNA PISTOIESE (TOSCANA, ITALIA)

**Introduzione:** La coltivazione dei castagni è sempre stata focalizzata nella produzione del frutto e di derivati, in particolare la farina, in quanto è stato un elemento fondamentale per la dieta delle popolazioni delle località rurali e montane fino al dopoguerra. A causa della flessione della richiesta di farina di castagne dovuta al boom industriale, la coltivazione dei castagni è crollata con l'abbandono dei territori montani. Le varietà diffuse nel territorio nazionale sono frutto di secoli di selezione massale e sono caratterizzate e denominate sulla base dei tratti morfologici dell'albero, del frutto e del luogo di produzione, senza alcuna evidenza su base genetica. Per questo motivo, Dagli anni '80 la castanicoltura è entrata nelle politiche di salvaguardia del territorio con piani di finanziamento volti anche a preservare la variabilità genetica ottenuta in secoli di coltivazione da parte degli agricoltori locali.

**Obiettivo:** Caratterizzazione genetica di accessioni, associate a 5 varietà locali, di *Castanea sativa* della Montagna Pistoiese con l'utilizzo di 21 marcatori molecolari microsatellite (SSR).



**Risultati:**



- Il dendrogramma UPGMA basato sulle distanze genetiche di Bruvo ha evidenziato la presenza di 5 gruppi corrispondenti alle cultivar Marrone, Pastinese, Carpinese, Rossola e Nerattino come da campionamento eseguito con l'aiuto dei castanicoltori locali.
- L'analisi genetica utilizzando i microsatelliti consente di individuare eventuali errori nella attribuzione della cultivar. Nel nostro caso, un campione identificato dai castanicoltori come appartenente alla varietà Carpinese ha presentato lo stesso profilo genetico di un'altra varietà, la Pastinese.
- I marcatori molecolari SSR si confermano molto utili per l'identificazione delle varietà conservate e coltivate, nonché per l'implementazione dei programmi di miglioramento genetico e di selezione. Inoltre, essi possono essere impiegati per la certificazione di filiera dei prodotti DOP o IGP.

**Pubblicazioni:**

## RECUPERO, RISANAMENTO E CONSERVAZIONE DEL GERMOPLASMA DI PATATA (*SOLANUM TUBEROSUM*)

Negli ultimi decenni, le attività umane hanno avuto un profondo impatto sulle fondamenta ecologiche della biosfera, causando spesso danni irreversibili, come la perdita di biodiversità e l'impoverimento degli habitat. Riconoscendo la rilevanza di questo problema, come evidenziato dal "Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agricolo" pubblicato dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali, sono stati messi in atto sforzi per il ripristino, conservazione e caratterizzazione delle risorse genetiche essenziali per la conservazione della biodiversità; soprattutto per le specie e gli ecotipi in pericolo, tra cui diverse razze/varietà di patata (*S. tuberosum*) diffuse nelle zone rurali della penisola italiana. Queste varietà sono andate via via scomparendo con l'abbandono delle zone montuose e svantaggiate ed ora tramandate da pochi agricoltori custodi.

Il DAGRI da diversi anni è custode del germoplasma di oltre venti varietà locali di patata e questa collezione è stata di recente implementata grazie al progetto RESToRE 2023 (PSR regione Piemonte). Il progetto, di cui il DAGRI è partner, ha previsto il recupero, sanificazione e caratterizzazione genetica di 50 ecotipi tra cui:

- Castagno D'Andrea, Rossa di Cetica e Rossa di Sulcina (Toscana)
- Morella, Giana Riunda (Liguria)
- Verrayes (Valle d'Aosta)
- Occhi Rossi Ambiel, Salecchio, Patata Rosa Ambiel, Morella Valsesia (Piemonte)
- Mora Asiago (Veneto)
- Viola calabrese (Calabria)
- Turchesa (Abruzzo)



Fig. 1. Ecotipi di patata ricevuti e classificati nel corso del progetto

### Problematiche e soluzioni legate alla coltura della patata

La coltura della patata ha subito profonde crisi legate a fitopatologie dovute principalmente a funghi e virus. Essendo la patata una specie che si riproduce principalmente per via agamica (tuberi), l'accumulo delle virosi è tra i principali problemi e il risanamento può passare esclusivamente dall'espianto del meristema apicale, unica porzione non vascularizzata e quindi virus esente. Tale procedura prevede una termoterapia di un mese dove le piante sono sottoposte a temperature di 30-35°C per poi effettuare l'espianto e successiva coltura del meristema su specifico substrato in condizioni di sterilità. La successiva coltura e propagazione in vitro delle piantine risanate culmina con la produzione di mini tuberi (virus esenti) da poter trasferire in campo per la produzione di tubero seme.

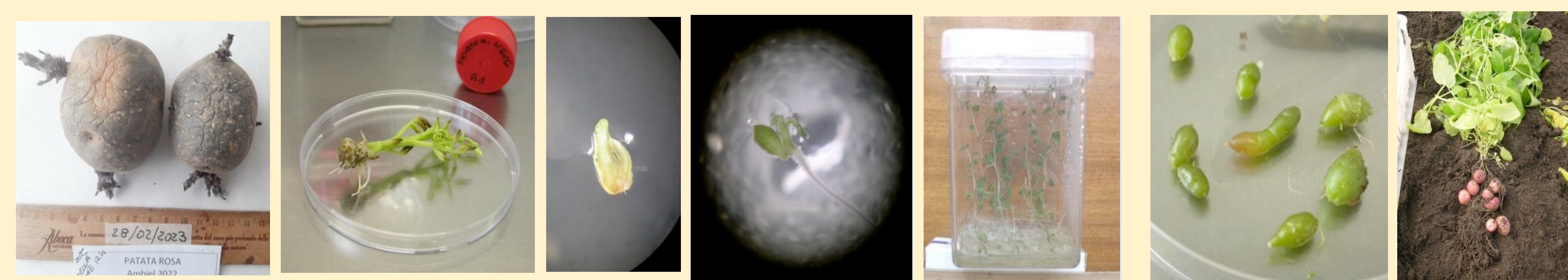


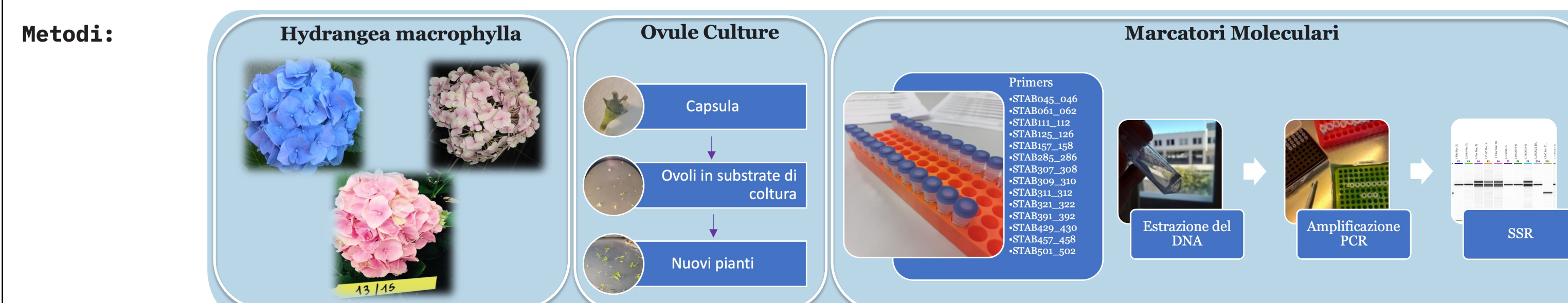
Fig. 2. Schema riassuntivo del processo di risanamento: introduzione in vitro, espianto del meristema, coltura e propagazione in vitro, produzione dei mini tuberi.



## INCREMENTO DELLA VARIABILITÀ GENETICA IN *Hydrangea* spp., ATTRAVERSO LO SVILUPPO DI TECNICHE IN VITRO: OVULE CULTURE

**Introduzione:** *Hydrangea macrophylla* è una delle colture floreali e vivaistiche più importanti a livello mondiale, uno strumento essenziale per il suo miglioramento è aumentare la variabilità genetica nei tratti ornamentali attraverso l'ibridazione. Sebbene la produzione di ibridi sia spesso ostacolata da barriere pre e post-fecondazione, quest'ultima può essere parzialmente superata dalla coltura dell'embrione o dell'ovulo.

**Obiettivo:** Eseguire una caratterizzazione genetica in *Hydrangea macrophylla* mediante il ricorso a marcatori molecolari SSR, per verificare l'effettiva natura ibrida del nuovo materiale ottenuto attraverso ibridazione intraspecifica con l'obiettivo di ampliare la variabilità genetica.



**Risultati:**

Campioni	Parentali	STAB 305_306	STAB 317_318	STAB 321_322
Amor	♀	130	148	151
E.S. Bloom Star	♀	133	148	151
Amor x E. E. Bloom Star	Ibridi	130	148	151
Verena	♀	130	148	151
Koria	♂	136	148	151
Verena x Koria	Ibridi	130	148	151
Light Purple	♀	130	148	151
Koria	♂	136	148	151
Light Purple x Koria	Ibridi	133	148	151
Charlotte	♀	130	148	151
Rodeo	♀	136	148	151
Charlotte x Rodeo	Ibridi	130	148	151

Per l'analisi SSR sono stati utilizzati 12 coppie di primer repeat di 3 (Hempel, Hohe e Tränkner, 2018). Di questi, 8 coppie hanno prodotto dei frammenti non in grado di differenziare all'interno di *H. macrophylla*, 3 primer (vedi tabella), per alcuni incroci, sono stati in grado di evidenziare un evento di ibridazione. Altre coppie, per i medesimi primer, non mostrano differenze alleliche nei parentali.

### Conclusioni

Gli SSR hanno dimostrato di essere capaci di evidenziare eventi di ibridazione e, potenzialmente, sono uno strumento utile per il fingerprinting. Necessitano però di ulteriore studio per incrementare il numero di marcatori molecolari in grado di rilevare variabilità anche tra accessioni geneticamente molto vicine.