



Caratterizzazione genetica di sette varietà tradizionali di mais dell'Emilia Romagna

Autore : Stagnati L., Soffritti G., Martino M., Corradi M.L., Borrelli V.M.G., Tabaglio V., Lanubile A., Marocco A., Busconi M. - Dipartimento di Scienze delle Produzioni Vegetali Sostenibili, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza; Lanubile A., Marocco A., Busconi M. - Centro di ricerca BioDNA Biodiversità e DNA Antico, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza; Canestrone R. - Laboratorio Economico e Bilancio Ambientale, CRPV-LAB, Faenza (RA); Rossi G. - Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente, Università degli studi di Pavia

Publicato il : 20-01-2021

Il progetto RI.COL.MA (RIcupero, Caratterizzazione, COLtivazione del Mais Antico) è finanziato dal PSR 2014-2020 della regione Emilia-Romagna. Obiettivo generale di RI.COL.MA è censire, recuperare, conservare e caratterizzare dal punto di vista morfologico, genetico, agronomico e tecnologico le varietà di mais tradizionali presenti in Emilia Romagna, abbandonate da tempo dalle grandi colture e che rappresentano fonti di variabilità genetica per caratteristiche qualitative della granella e per l'adattamento all'ambiente. Le informazioni ottenute saranno rese disponibili attraverso attività di disseminazione e formazione che permetteranno alle aziende che intendono utilizzare le varietà tradizionali di mais di sviluppare nuove filiere produttive e, nello stesso tempo, di conservare il patrimonio storico e culturale alla base della biodiversità maidicola. Il progetto vede coinvolte

l'Università Cattolica del Sacro Cuore di Piacenza, l'Università degli Studi di Pavia, il Centro Ricerche Produzioni Vegetali, e 8 aziende agricole emiliano-romagnole.

Il germoplasma maidicolo italiano è estremamente ricco e diversificato e costituito da 565 diverse accessioni campionate durante gli anni '50 a cui se ne aggiungono molte altre recuperate più recentemente.

Questa immensa collezione varietale è stata classificata sulla base dei caratteri morfologici della spiga e della granella in 9 complessi razziali denominati: Ottofile e derivati, presente sia nella Pianura Padana occidentale sia nelle vallate Appenniniche del versante Ligure; Cilindrici Medi del Sud diffusi lungo le vallate adriatiche; Cilindrici tardivi, caratterizzati da granella bianca e diffusi nelle aree più fertili del meridione; Conici a ciclo breve, di ridotta taglia, adatti alla coltivazione in condizione pluviale non irrigua a siccità prolungata o alte vallate alpine di Veneto e Trentino; I, appartenenti al complesso razziale degli Insubri, dei peneplani Padani della riva sinistra del Po ospitano agroecotipi di ciclo medio-tardivo e taglia medio-alta; Microsperma, a spiga subcilindrica diffusi nelle zone pedoalpine; con granella vitrea arancione; mais vitrei bianchi tipo Perla e quello dei Dentati che si sono originati nel corso dei secoli in Veneto e in Friuli; mais da scoppio o pop-corn che hanno sempre avuto una diffusione e coltivazione strettamente ortiva. La nascita della biologia molecolare, durante gli anni '80, con i suoi recenti sviluppi, abbattimento dei costi di analisi ed esponenziale aumento delle informazioni ricavabili da ogni singola analisi, hanno reso superata la classificazione basata solamente su caratteri morfologici. Negli ultimi anni si è assistito a una vera e propria riorganizzazione di tutta la sistematica vegetale con diverse modifiche all'attribuzione di specie e famiglie. Nell'ambito del progetto RICOLMA si sta procedendo all'analisi della variabilità presente nelle diverse accessioni di mais tradizionali. La conoscenza della variabilità genetica all'interno della collezione ha molteplici obiettivi: – Individuare rapporti di affinità tra accessioni diverse – Stabilire il grado di eterozigotità e la struttura genetica di una certa popolazione al fine di individuare le migliori strategie di mantenimento in purezza – Ottenere un profilo molecolare da utilizzare per l'iscrizione ai registri di conservazione varietale e da utilizzare per la tracciabilità delle produzioni agroalimentari

La variabilità genetica delle popolazioni in esame è stata analizzata mediante l'utilizzo di marcatori molecolari denominati SSR (sequenze ripetute semplici o microsatelliti). Si tratta di regioni di DNA costituite dalla ripetizione di n volte di un motivo di base di lunghezza compresa tra 1 e 6 pb.

Si tratta di marcatori molecolari presenti in tutti gli organismi viventi (compreso l'uomo); si stima che, nel mais siano presenti, in media, 150 regioni SSR ogni milione di nucleotidi del DNA. Gli SSR sono comunemente utilizzati nei test di paternità, nella tracciabilità delle produzioni agro alimentari, nello studio della variabilità genetica all'interno delle popolazioni e nell'attribuzione varietale.

È importante sottolineare che, contrariamente a molte varietà moderne in coltivazione che sono monogenotipiche, in quanto costituite da individui tutti geneticamente identici tra di loro, le varietà tradizionali sono poligenotipiche, costituendosi, di fatto, come popolazioni, cioè come gruppi di individui caratterizzati da un fenotipo più o meno definito ma tutti differenti, tra di loro, a livello del DNA. Di conseguenza, per caratterizzare geneticamente le varietà locali di mais, e definire le relazioni con le altre varietà, non è sufficiente caratterizzare un singolo individuo ma si rende necessaria l'analisi di alcune decine di piante. In questo modo è possibile avere un'idea della variabilità presente all'interno della varietà e ottenere un profilo genetico medio della varietà. A partire da queste indicazioni si può procedere con lo studio delle relazioni tra varietà...

Vedi allegato



RelatedPost

Marzo 2017, LETTER
TRE

PRIMA calls for
proposals. Call:
Section 1 Farming...

Il ponte tra Hong
Kong – Zhuhai –
Maca...

Possibili interventi
irrigui in agricoltura

Condividi