

Caratterizzazione genetico-molecolare della piattaforma ampelografica siciliana

LUCIO BRANCADORO, GABRIELLA DE LORENZIS

Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali - Università degli Studi di Milano

L'importanza di una corretta identificazione varietale

Una corretta identificazione varietale ricopre una rilevante importanza scientifica e pratica in tutti i settori dell'arboricoltura. Questo problema interessa in modo particolare specie come la vite che, come noto, presenta aspetti di grande complessità, determinati sia dall'elevato numero di cultivar, molte delle quali di antica origine, sia dall'esistenza di frequenti casi di omonimia e sinonimia, dovuti alla circolazione del materiale genetico che è avvenuta fin dai tempi più antichi, grazie alla facilità di propagare agamicamente questa specie.

L'identificazione varietale deve fare riferimento a criteri e metodologie affidabili, sufficientemente oggettivi e ripetibili compatibilmente con le caratteristiche di variabilità di un organismo vegetale. La maggior parte delle varietà di vite europea (*Vitis vinifera* ssp. *sativa*), tranne pochi casi di varietà ottenute da incrocio controllato alla fine del 1800, ha avuto origine nel corso dei secoli attraverso meccanismi che vanno dalla domesticazione di viti selvatiche (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) all'incrocio spontaneo tra piante coltivate e/o indigene. Nel corso della loro storia, queste varietà sono state propagate, soprattutto, per via vegetativa e la diffusione in nuove aree geografiche ha determinato cambiamenti nel loro fenotipo, causando spesso una loro errata identificazione e rinomina. Frequenti sono i casi di utilizzo di nomi differenti per indicare la stessa varietà (sinonimie) o il medesimo nome per indicare varietà differenti (omonimie). È stato stimato che delle oltre 24.000 varietà di vite esistenti, quelle vere siano solo circa 15.000 (Sefc et al., 2000) o 14.000 (Alleweldt, 1986) o addirittura solo 5.000 (Truel et al., 1980).

I primi tentativi tassonomici risalgono, probabilmente, a circa 2000 anni fa con Columella, che già nel I secolo elencava le varietà impiegate descrivendone le qualità enologiche. Nel 1700, i botanici, a seguito di Linneo, si interessarono alla classificazione della vite basandosi sull'os-

servazione dei fiori e dei frutti. Più recentemente, nell'ottobre del 1872 si costituì la prima Commissione Internazionale di Ampelografia. Fino a quel momento la necessità, da parte dei viticoltori, di identificare con certezza la varietà coltivata, era limitata a pochi casi e questo poiché le realtà viticole nazionali ed europee risultavano molto frazionate e con ridottissimi interscambi di materiali. Si deve inoltre aggiungere che la realizzazione dei materiali di moltiplicazione e quindi la perpetuazione dei genotipi erano affidate al singolo viticoltore e pertanto non richiedevano una identificazione varietale certa. Con l'arrivo della fillossera (1874), il mondo viticolo fu stravolto: zone di antica tradizione viticola furono letteralmente distrutte e l'intero patrimonio genetico, frutto di secoli di accumulo e selezione di genotipi, dovette essere ristrutturato. Si venne così a creare una situazione di grande complessità e disordine in cui si sentì presto l'esigenza di intervenire con organi legislativi nazionali e di valenza internazionale. In tale clima, nel 1924, nacque l'Office International de la Vigne et du Vine (OIV), un'organizzazione intergovernamentale a carattere scientifico e tecnico. I dibattiti internazionali effettuati a Roma (1903), Lisbona (1935), Istanbul (1947) ed Atene (1950) condussero alla compilazione della prima scheda OIV nel 1951, modificata nel 1952 da Dalmasso (Dalmasso, 1964). Nel 1983, l'OIV giunse alla formulazione del 'Code des caractères descriptifs des variétés et espèces de Vitis' (in lingua francese, tedesca e spagnola). La lista dei descrittori OIV per le specie di *Vitis* e le varietà di *V. vinifera*, nella prima edizione del 1983, comprendeva 128 descrittori relativi all'ampelografia, alla fenologia, alla produttività e alla resistenza ad agenti biotici ed abiotici. Risale al 1997 la proposta, da parte dell'OIV, di una modifica del numero di descrittori da utilizzare nelle schede ampelografiche. Il numero minimo dei caratteri da impiegare come discriminanti varia in base allo scopo della descrizione: 8 caratteri per l'elenco internazionale, 21 per le banche dei geni, 78 per la protezione di varietà vegetali, 120 per una carat-

terizzazione completa (includendo anche la descrizione delle caratteristiche agronomiche e tecnologiche). Un'ulteriore lista di descrittori è stata proposta dai membri dell'attuale progetto europeo di descrizione e catalogazione dei vitigni europei GENRES#081 (European Network for Grapevine Genetic Resources Conservation and Characterization), che prevede una prima parte di 34 descrittori primari (prevalentemente a carico della foglia e del frutto), 16 descrittori secondari (attitudinali) e 22 di natura ampelometrica (misurazioni biometriche).

Ampelografia ed ampelometria, i metodi utilizzati tradizionalmente per l'identificazione e caratterizzazione delle cultivar di vite, si basano su caratteri morfologici e impongono delle restrizioni: i) dal momento che le osservazioni riguardano prevalentemente foglie adulte, il metodo può essere applicato solo durante il ciclo vegetativo su organi e piante pienamente sviluppati; ii) il fenotipo delle piante è fortemente influenzato dalle condizioni ambientali e dallo stato sanitario della pianta, che causa alterazioni nelle analisi ampelografiche. Per queste ragioni sono stati esplorati nuovi metodi per l'identificazione varietale. Negli ultimi 25 anni sono stati presi in considerazione i marcatori genetici basati sui polimorfismi riscontrati a livello del DNA. Un marcatore molecolare a DNA è un frammento di DNA (*locus*) che, con la sua presenza, contraddistingue in modo caratteristico ed inequivocabile il tratto cromosomico di cui fa parte. Tale locus genomico può essere rilevabile con sonde (*probes*) o con corti inneschi di DNA (*primers*) specifici (genere specifici e/o specie specifici) e quindi fungere da valido strumento per evidenziare le differenze a livello molecolare (mutazioni) tra individui diversi. Le mutazioni che stanno alla base di tali polimorfismi sono dovute a inserzioni, traslocazioni, delezioni, duplicazioni, mutazioni puntiformi a carico del DNA. Le caratteristiche di un marcatore sono: i) non subisce interferenze da parte dell'ambiente, dato che coinvolge direttamente il genotipo dell'individuo, e non il suo fenotipo; ii) coprono qualsiasi parte del genoma, sia trascritta sia non trascritta, di conseguenza le analisi possono essere condotte su sequenze codificanti (esoni) e sequenze non codificanti (introni) del patrimonio genetico dell'individuo.

I microsatelliti o SSR (*Single Sequence Repeats*) appartengono alla categoria del DNA altamente ripetuto. La loro presenza è stata osservata in diversi organismi tra cui l'uomo (Litt and Luty, 1989), mentre la presenza di motivi ripetuti nel DNA nucleare vegetale è stata dimostrata da Delsey et al. (1983). La tipica sequenza di un microsatellite è caratterizzata da una ripetizione in tandem di una stessa sequenza di 2-6 basi azotate (es. (GA)_n, (GATA)_n). In base a quanto proposto da Weber (1990), i microsatelliti vengono classificati in: i) perfetti (se le ripetizioni non

hanno interruzioni); ii) imperfetti (con interruzioni); iii) composti (se accanto ad un motivo ripetuto ne è presente uno diverso e ripetuto). Oltre a poter essere tipicizzati rapidamente attraverso PCR (*Polymerase Chain Reaction*), i microsatelliti sono potenzialmente multiallelici, ovvero per un singolo *locus* si possono osservare microsatelliti di varie lunghezze e risultano dei marcatori co-dominanti, consentendo sia la discriminazione tra organismi omozigoti ed eterozigoti sia lo studio delle relazioni di parentela tra gli organismi.

Nonostante le difficoltà che si possono incontrare nell'individuazione di microsatelliti con un alto grado di polimorfismo, questo marcatore molecolare è uno strumento in grado di mettere in evidenza un'elevatissima diversità genetica: i polimorfismi visualizzati sono infatti dovuti a varianti alleliche dello stesso *locus* e ciò rende gli SSR dei marcatori ideali per il riconoscimento varietale. L'altissima ripetibilità si aggiunge ai vantaggi di cui sopra e fa dei microsatelliti uno dei marcatori molecolari più potenti ed utilizzati. L'efficacia e l'affidabilità di questo strumento molecolare hanno trovato larga applicazione per l'identificazione delle cultivar (Cipriani et al., 2012; Laucou et al., 2011), per l'analisi di parentela e la ricostruzione dei pedigree (Lacombe et al., 2012; De Lorenzis et al., 2012) e per studi di genetica di popolazione (De Andrés et al., 2012; Imazio et al., 2013).

L'ampia diffusione della tecnica SSR nell'identificazione varietale della vite ha portato allo sviluppo di una banca dati europea contenente i profili allelici dei microsatelliti di riferimento per l'identificazione varietale delle cultivar di vite. In questo contesto nasce GENRES#081, un progetto di ricerca finanziato dall'Unione europea e incentrato sulla standardizzazione e sullo scambio di informazioni riguardanti le risorse genetiche della vite (Dettweiler et al., 2000; This and Dettweiler, 2003), al fine di consentire lo sviluppo di un database comune internazionale. Nell'ambito di questo progetto sono stati selezionati nove marcatori SSR (VrZAG62, VrZAG79, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VVS2) indispensabili per la caratterizzazione genetica delle collezioni di vite (This et al., 2004).

Anche a livello nazionale sono nati dei progetti riguardanti l'attività di identificazione varietale e di salvaguardia della biodiversità viticola e sfociati nella creazione di database on-line, come supporto nel lavoro di caratterizzazione e recupero delle varietà viticole condotto nell'ambito del territorio nazionale. I due progetti sono: i) Database Viticolo Italiano, ideato e realizzato dal Dr. D'Onofrio dell'Università di Pisa (D'Onofrio and Scalabrelli, 2010); ii) Identivit, realizzato dal Centro di ricerca per la viticoltura di Conegliano Veneto, TV (Carraro et al., 2012).

Tab. 1 Lista delle 72 varietà siciliane genotipizzate con 11 loci SSR

Varietà	Gruppo	Provenienza	Colore della Bacca	Varietà	Gruppo	Provenienza	Colore della Bacca
Albanello	2	SR	B	Muscatiddruni bianco	2	PA	B
Alicante	2	CT	N	Muscatiddruni nera	2	ME	N
Arbanello	2	ME	B	Nerello cappuccio	1	CT	N
Barbarossa	2	PA	N	Nerello mascalese	1	CT	N
Bianca	2	ME	B	Nero d'Avola	1	SR	N
Bracau	2	CT	N	Nocera	2	ME	N
Carricante	1	CT	B	Orisi	2	ME	N
Catanese nero	2	CT	N	Orisi 2	2	ME	N
Catarratto	1	TP	B	Orisi 3	2	ME	N
Cela-Cela	2	PA	N	Orisi 4	2	ME	N
Cori di Palummo	2	CT	N	Perricone	1	TP	N
Corniola nera	2	PA	N	Pignolo	2	ME	N
Damaschino	2	TP	B	Preventivo	2	ME	N
Dolcetta	2	SR	N	Prunestra	2	CT	N
Dunnuni	2	TP	B	Quattro rappe	2	TP	N
Franchitaddru	2	ME	B	Recunu	2	SR	B
Frappato	1	SR	N	Recunu 2	2	SR	B
Giugnaiola	2	TP	N	Reliquia 6	2	SR	N
Greca	2	PA	B	Reliquia 37	2	TP	N
Grecanico	1	AG	B	Reliquia 38	2	TP	B
Grillo	1	TP	B	Reliquia bianca 1	2	CT	B
Inzolia	1	TP	B	Reliquia bianca 25	2	ME	B
Inzolia bianca	2	TP	B	Reliquia bianca 56	2	TP	B
Inzolia nera	2	TP	N	Reliquia nera 10	2	ME	N
Lievuso	2	ME	B	Reliquia nera 24	2	ME	N
Lucignola	2	ME	N	Reliquia nera 32	2	ME	N
Maiulina	2	TP	B	Signurina	2	TP	B
Malvasia	2	CT	B	Tasta e Lassa	2	PA	N
Malvasia di Lipari	2	ME	B	Usirioto	2	ME	N
Marsigliana	2	PA	B	Visparola 4	2	CT	B
Minnella nera	2	CT	N	Visparola 62	2	CT	B
Minnella bianca	2	CT	B	Visparola 66	2	CT	B
Montuonico	2	PA	B	Vitrarolo	2	ME	N
Moscato bianco	2	SR	B	Vitrarolo 27	2	ME	N
Moscato di Noto	2	SR	B	Vitrarolo 47	2	ME	N
Muscatiddruni	2	ME	N	Zibibbo	1	TP	B

Legenda: 1 varietà principali; 2 varietà minori. AG Agrigento; CT Catania; ME Messina; PA Palermo; SR Siracusa; TP Trapani. B bianco; N nero.

L'identità genetica della piattaforma ampelografica siciliana

La Sicilia oltre a vantare una delle più ampie superfici vitate d'Italia, risulta l'area di più antica tradizione enoica della Penisola. Questo primato è documentato dai reperti fossili di età protostorica ritrovati nelle Isole Eolie, che sono i più antichi tra quelli scoperti in Italia. Questa Regione è stata uno dei più importanti centri di diffusione della viticoltura nel bacino del Mediterraneo, ciò a seguito sia della colonizzazione greca delle coste occidentali, che diffuse le varietà provenienti dal bacino orientale nonché le tecniche vitivinicole tipiche del popolo greco (Scienza, 2004), sia perché è da ritenersi uno dei centri secondari più antichi di domesticazione della vite.

La viticoltura siciliana è caratterizzata da una complessità di cultivar autoctone che possono essere classificate in funzione della loro diffusione regionale e si può identifica-

re un gruppo di varietà principali, estesamente coltivate nei diversi areali viticoli della Regione, tra le quali si annoverano: *Carricante*, i *Catarratti* (*comune e lucido*), *Nero d'Avola*, *Nerello cappuccio*, *Nerello mascalese*, *Perricone*, *Grillo*, *Grecanico*, *Inzolia* e *Frappato*. A queste si devono aggiungere numerose accessioni minori che possiedono un profilo genetico unico e differente da quello delle cultivar principali (Carimi et al., 2010) e che caratterizzano nello specifico le diverse aree viticole della Regione.

Un set di 11 marcatori SSR è stato utilizzato per esplorare la biodiversità genetica della piattaforma ampelografica siciliana ed indagare le relazioni genetiche tra le varietà siciliane ed i maggiori vitigni italiani. Nell'ambito del progetto Regionale di Salvaguardia e Valorizzazione della Piattaforma Viticola Regionale sono state condotte le analisi genetiche sulle 11 principali cultivar e su 61 accessioni minori (Tab. 1), campionate in antichi vigneti privati ed attualmente presenti nella collezione sperimentale della Regione

Sicilia a Marsala (Trapani), al fine di preservare la biodiversità viticola dell'Isola rintracciata durante il progetto.

Dall'analisi del profilo SSR delle 72 accessioni di vite prese in esame, sono stati riscontrati numerosi casi di sinonimie tra varietà minori, nonché casi di sinonimie tra varietà principali e varietà minori.

Nonostante ciò, sono stati identificati, in totale, 48 profili genetici unici. Il numero elevato di accessioni aventi un profilo genetico unico conferma l'alta variabilità della piattaforma viticola siciliana, composta sia da varietà principali, largamente utilizzate a seguito dell'intensificazione della viticoltura per produzioni enologiche di elevata qualità, sia da varietà minori, le cui potenzialità risultano inesplorate e potrebbero risultare molto interessanti grazie al loro potenziale agronomico ed enologico.

Le sinonimie individuate tra le varietà minori sono: i) *Orisi*, *Recunu* e due accessioni di *Visparola*; ii) *Arbanello* e *Usirioto*; iii) *Catanese nera*, *Bracau* e *Tasta e Lassa*; iv) *Cela-Cela* e *Preventivo*; v) *Moscato bianco*, *Moscato di Noto* e *Muscatiddruni bianco*; vi) *Muscatiddruni* e *Muscatiddruni nera*. Alcune *Reliquie* (accessioni autoctone antiche di sconosciuta denominazione) sono risultate sinonimi di *Dolcetta*, *Greca*, *Maiulina*, *Muscatiddruni*, *Vitrarolo* e *Visparola*.

Dall'analisi dei sinonimi è stato riscontrato che in Sicilia sono coltivate, con le medesime denominazioni o con denominazioni locali, cultivar che hanno maggiore o minore rilevanza in altre regioni viticole italiane ed internazionali. Ne sono un esempio: i) *Moscato bianco*, coltivato nel Nord Italia come *Moscato bianco* o *Moscato di Caneli*, in Campania come *Moscato di Baselice* ed in Francia come *Muscat Blanc à Petits Grains* (Crespan and Milani, 2001; Costantini et al., 2005); ii) *Bracau* e *Malvasia*, coltivati in Campania con le denominazioni di *Nerella* e *Sanginella* rispettivamente (Costantini et al., 2005); iii) *Muscatiddruni*, o meglio conosciuto in Italia e oltre i confini nazionali come *Moscato di Amburgo* (Crespan and Milani, 2001); iv) *Montuonico*, conosciuto in Calabria come *Mantonico di Bianco* (Gasparro et al., 2012); v) *Malvasia di Lipari*. Un esempio eclatante di come vengano coltivati vitigni considerati importanti a livello nazionale, ma la cui identità non è riconosciuta, è il caso del *Sangiovese*, diffusamente coltivato nell'Isola come *Cela-Cela*, *Preventivo* ed erroneamente *Nerello mascalese* e *Nerello cappuccio* (Vouillamoz et al., 2007; Branzanti et al., 2010).

Come abbiamo potuto constatare, numerosi sono i casi di collegamenti ampelografici tra Sicilia, Calabria e Campania. Per esempio, il *Nerello mascalese* è conosciuto nei vecchi vigneti della provincia di Reggio Calabria con il nome di *Nerello* o *Negrello*. In Calabria, questi due nomi vengono spesso associati al *Sangiovese* (Schneider et al., 2009). Sempre in Calabria, il *Nero d'Avola* è chiamato *Calabrese*.

La struttura genetica dei vitigni siciliani

La struttura genetica della piattaforma ampelografica siciliana evidenziata dalla caratterizzazione molecolare riflette l'eterogeneità e l'unicità di questo patrimonio genetico, come illustrato nel grafico relativo al risultato di PCA (*Principal Component Analysis*) (Fig. 1). L'analisi PCA ha evidenziato la separazione delle varietà principali e di quelle minori in due gruppi distinti: i) il primo costituito da 9 delle 11 varietà principali e da alcune varietà minori; ii) il secondo costituito da *Grillo* e *Zibibbo* e il resto delle varietà minori. Le varietà afferenti al primo gruppo a loro volta sono raggruppate in due sottogruppi, costituiti l'uno da varietà provenienti dalla Sicilia occidentale (*Catarratto*, *Inzolia* e *Grecanico*, fatta eccezione per *Nero d'Avola* di origine orientale) e l'altro da varietà provenienti dalla Sicilia orientale (*Carricante*, *Frappato*, *Nerello cappuccio* e *Nerello mascalese*, fatta eccezione per *Perricone* di origine occidentale). La separazione delle varietà provenienti dalla Sicilia occidentale da quelle della Sicilia orientale riflette le diverse influenze storiche e culturali che hanno riguardato queste aree geografiche. Infatti, nel corso del IX secolo a.C., la parte occidentale era abitata dai Sicani, i più antichi abitanti della Sicilia, mentre la parte orientale dai Siculi, un popolo proveniente dalla penisola italiana. Successivamente, nel VIII secolo a.C. l'Isola fu dominata dai Punici e dai Greci, che occuparono rispettivamente la parte occidentale ed orientale (Pastena, 2009). Testimonianze dell'influenza greca si possono ancora riscontrare nei nomi delle attuali varietà siciliane, come *Grecanico*, *Grecau* e *Greca*.

Invece, nel secondo gruppo sono state raggruppate le varietà che hanno una diversa origine geografica, quali: *Alicante*, conosciuta in Sardegna come *Cannonau* ed in Spagna come *Garnacha*, probabilmente introdotta in Sardegna durante la dominazione spagnola dell'Isola (De Mattia et al., 2009); *Zibibbo* o *Moscato di Alessandria*, una varietà antica originaria, verosimilmente, del Nord Africa e diffusa successivamente nel bacino del mar Mediterraneo (Di Vecchi Staraz et al., 2007). Tra questi campioni, *Grillo* è risultato l'unico di possibile origine siciliana, progenie dell'incrocio 'Catarratto x Zibibbo' (Di Vecchi Staraz et al., 2007).

Le relazioni genetiche delle varietà siciliane con i vitigni del resto d'Italia

Lo studio delle relazioni genetiche tra le varietà, ovvero dei rapporti di parentela con altri vitigni, ha lo scopo di far luce sull'origine, la storia, la provenienza e l'evoluzione dell'area colturale delle varietà di vite.

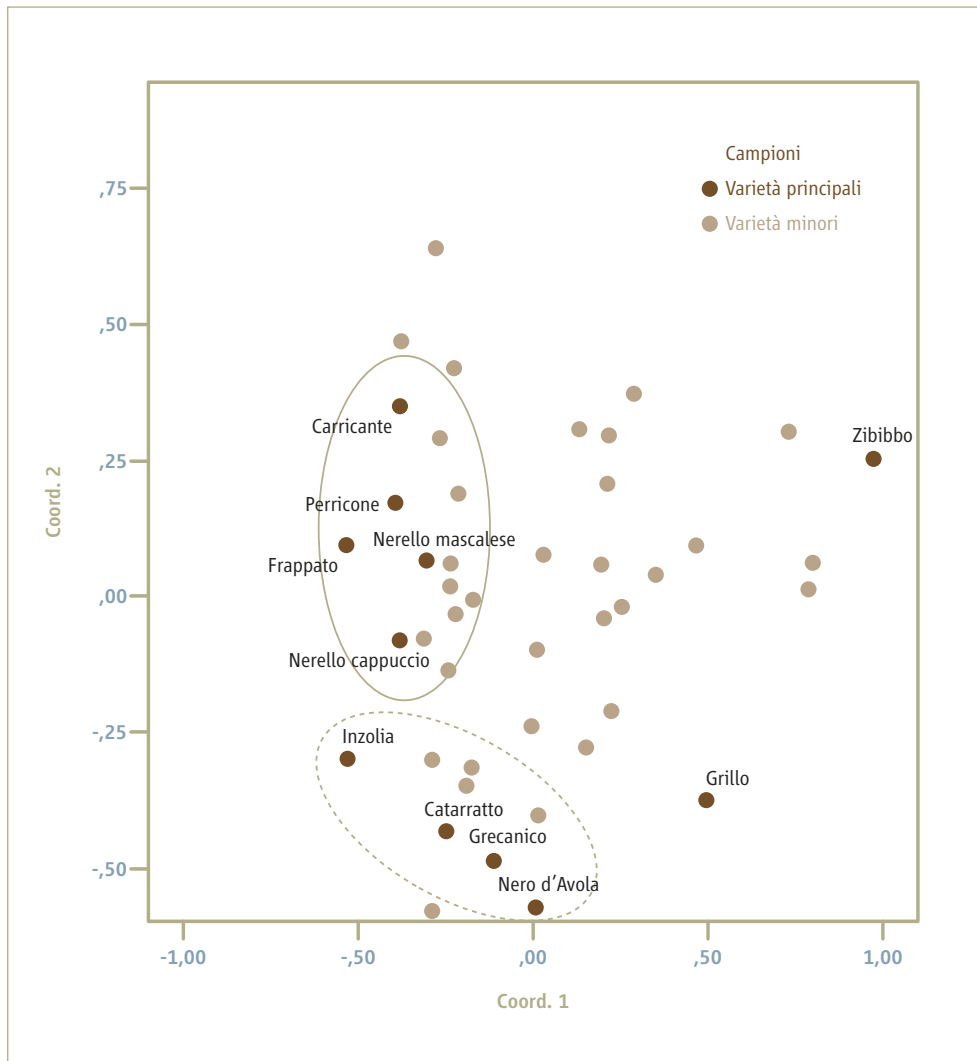


Fig. 1 Rappresentazione grafica del risultato di PCA (Principal Component Analysis) ottenuto dall'analisi di 48 varietà siciliane con 11 marcatori microsatellite. Varietà della Sicilia orientale: ellisse linea continua; varietà della Sicilia occidentale: ellisse linea tratteggiata.

Come riportato nella sezione precedente, è ormai noto da tempo che il *Grillo*, una varietà coltivata principalmente nella provincia di Trapani ed utilizzata per la produzione del vino *marsala*, è il risultato dell'incrocio tra *Catarratto* e *Zibibbo*, un biotipo del *Moscato di Alessandria*.

Lo studio delle relazioni di parentela tra le più importanti varietà italiane e le principali cultivar siciliane ha portato a considerare il *Sangiovese* una varietà che si presumeva provenisse dall'area tirrenica, connessa alla piattaforma ampelografica siciliana (Di Vecchi Staraz et al., 2007). Molteplici sono i lavori scientifici riguardanti lo studio dell'origine ed il pedigree di questa cultivar che hanno attestato un numero elevato di varietà italiane, coltivate in diverse regioni d'Italia come Puglia, Calabria, Sicilia e Toscana, aventi una relazione di parentela di primo grado (genitore-figlio) con il *Sangiovese*: *Foglia tonda*, *Frappato*, *Gaglioppo*, *Mantonicone*, *Morellino del Casentino*, *Morellino del Valdarno*, *Nerello mascalese*, *Perricone*, *Susumaniello*, *Tuccanese di Turi* e *Vernaccia nera del Valdarno* (Crespan et al., 2008; Di Vecchi Staraz et al., 2007).

Pareri contrastanti riguardano la zona di origine del *Sangiovese*. Le prime notizie storiche attestanti la coltivazione del *Sangiovese* risalgono al XVI secolo, quando il fiorentino Soderini nomina questa cultivar nel suo trattato *La coltivazione delle viti*. Nonostante la sua ampia diffusione nell'area viticola della Toscana e dell'Emilia Romagna, risulta sempre più evidente che il *Sangiovese* abbia un'origine meridionale, dato l'elevato numero di rapporti di parentela riscontrati con i vitigni del Sud Italia. Le ipotesi a favore di questa tesi sono due: i) la prima è stata proposta da Vouillamoz et al. (2007) ed attesta il *Sangiovese* come progenie di *Ciliegiolo*, una varietà del Centro Italia, e *Calabrese di Montenuovo*, una varietà autoctona della Calabria; ii) la seconda avanzata da Bergamini et al. (2012) sostiene che il *Sangiovese* sia progenie di *Ciliegiolo* e *Negrodolce*, un'antica varietà autoctona originaria della Puglia.

Tra i 48 profili unici delle varietà siciliane analizzate con i mi-

crosatelliti, 7 tra i vitigni minori hanno evidenziato una relazione di parentela di primo grado con il *Sangiovese*: *Arbanello*, *Bianca*, *Lievuso*, *Lucignola*, *Nerello mascalese*, *Orisi* ed un'accessione di *Visparola*. Mentre, tra le varietà principali, oltre a *Frappato*, *Nerello mascalese* e *Perricone* (la cui parentela padre-figlio con *Sangiovese* era stata già evidenziata), *Carricante* è stato identificato come una varietà avente un rapporto di secondo grado con *Sangiovese*. Inoltre, *Lievuso* è risultato essere progenie dell'incrocio '*Sangiovese* x *Montuonico*', come pure il *Nerello mascalese* (Gasparro et al., 2012). Dal momento che la zona di origine e produzione delle varietà connesse con il *Sangiovese* da una relazione di primo o secondo grado o aventi il medesimo profilo genetico è l'area viticola dei monti Nebrodi, ne consegue che la Sicilia orientale, la parte di Isola che ha avuto i maggiori scambi culturali ed economici con il Sud Italia, risulti la parte della Regione maggiormente connessa al *Sangiovese*. Ne deriva che questi dati confermano e rafforzano la forte connessione tra la Sicilia ed il *Sangiovese*, che sembra abbia giocato un ruolo chiave nella co-

stituzione della base genetica del germoplasma di vite proprio della Sicilia e del Sud Italia.

Le principali varietà in sintesi

Carricante. Alcune accessioni di *Visparola*, una varietà minore conosciuta dai tempi di Francesco Cupani (in *Hortus Catholicus*, 1696) nella zona dei monti Nebrodi (ME), hanno evidenziato il medesimo profilo genetico del *Carricante*.

Catarratto. In Sicilia, sono coltivati differenti biotipi di *Catarratto*, che differiscono per presenza di pruina sulla superficie della bacca (*Catarratto bianco comune*, con presenza di pruina, e *Catarratto bianco lucido*, con assenza di pruina). Queste cultivar sono registrate nel Registro Nazionale delle varietà di vite come varietà distinte, ma condividono il medesimo profilo SSR. Alcuni biotipi di *Catarratto*, come il *Catarratto amantiddatu* o *mantellato*, sono erroneamente identificati come *Catarratto*, dalle analisi genetiche risultano avere il medesimo profilo allelico del *Carricante*.

Grecanico. Varietà diffusa anche in altre regioni italiane, come il Veneto, con il nome di *Garganega*.

Inzolia. In letteratura sono descritti differenti biotipi di *Inzolia*, sia ad acino bianco, sia ad acino nero. Il profilo genetico dell'accessione *Inzolia bianca*, una cultivar considerata minore, è risultato identico a quello della cultivar principale. Inoltre, il biotipo a bacca nera, *Inzolia nera*, è geneticamente distinguibile dalla cultivar *Inzolia*. La cultivar *Ansonica*, coltivata nella Regione Lazio e Toscana, è un sinonimo di questa varietà.

Nerello mascalese. In Calabria questa varietà è conosciuta come *Nerello* o *Negrello*.

Nero d'Avola. Sinonimo di *Calabrese*, una cultivar ampiamente diffusa in Calabria ed iscritta al Registro Nazionale delle varietà di vite come varietà di riferimento.

Zibibbo. L'analisi molecolare di differenti biotipi di *Zibibbo*, come *Zibibbo augustano*, *Zibibbo carricante* e *Zibibbo grosso*, ha evidenziato un profilo genetico unico. Anche il biotipo a bacca nera, *Zibibbo nero*, ha evidenziato il medesimo profilo allelico. La cultivar minore *Maiulina* è stata identificata come sinonimo.