

# Biodiversità nel germoplasma del melo emiliano-romagnolo e marchigiano

SARA ALESSANDRI<sup>1</sup> - STEFANO TARTARINI<sup>1</sup> - CLAUDIO BUSCAROLI<sup>2</sup> - LUCA DONDINI<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie (DipSA) - Università di Bologna  
<sup>2</sup>Centro Ricerche Produzioni Vegetali (CRPV) - Cesena (Fc)

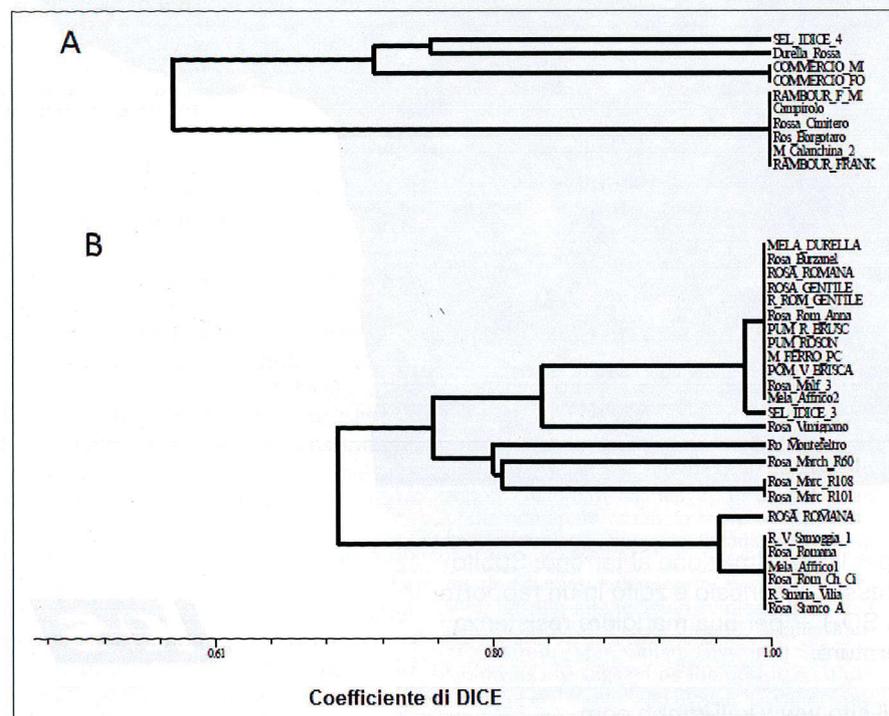
Il melo (*Malus x domestica*) appartiene alla famiglia delle Rosaceae che comprende più di 90 generi e 3.000 specie fra piante arboree, erbacee ed arbustive (Hummer e Janick, 2009). Grazie alla sua adattabilità ai diversi ambienti e climi, il melo ha avuto grande diffusione in tutto il mondo. Questa specie è stata portata in Europa attraverso le migrazioni umane circa 3.000 anni fa. Nei tempi medievali i monasteri in Europa ebbero un ruolo importante nella conservazione, nella selezione e nella propagazione delle diverse varietà. L'epoca rinascimentale fu un altro momento cruciale: nacquero, infatti, le

grandi collezioni di alberi da frutto, come quella dei Medici a Firenze, di cui i dipinti del Bimbi ne sono testimonianza unica. Queste mirabili pitture evidenziano ancora oggi come la variabilità delle forme e del colore dei frutti di melo fosse già allora molto vasta, se non addirittura maggiore di quella attuale (Baldini, 2004). In quel periodo furono selezionate alcune delle varietà che in seguito rappresenteranno le cultivar più coltivate di quei tempi, quali le Renette e le Calville (Buscaroli e Ventura, 1991). Contemporaneamente rimasero ben radicate nei territori delle singole regioni le varietà locali, come è il ca-

so della Mela Gelata che con diverse denominazioni era presente dalla Sicilia fino all'Abruzzo (probabilmente da qualche migliaio di anni, in un primo tempo sotto il nome di Melo Appio). In Emilia-Romagna erano note varietà di melo come Decio, Durello, Campanino, Muso di bue da cui sono poi derivate le mele Cavicchie, Cioca Rumela e altre mele musone note con nomi dialettali (Buscaroli e Ventura, 1991).

Nel secolo scorso tutte le varietà autoctone coltivate localmente furono pian piano sostituite da alcune di origine estere, soprattutto americane, che presero il sopravvento. La frutticoltura oggi è concentrata, quindi, solo su poche varietà che hanno dato origine a numerosi mutanti spontanei diversi dal genotipo iniziale solo per pochi caratteri commerciali (varietà policlonali). La conservazione delle risorse genetiche del melo risulta essenziale per evitare la perdita di diversità genetica. Per questo motivo numerose collezioni di germoplasma della specie sono state sviluppate in tutta Europa, principalmente nelle regioni caratterizzate da più lunga tradizione frutticola: Belgio, Francia, Spagna e Italia. In seguito, a causa dei continui allarmi del mondo della ricerca sui rischi legati alla perdita di biodiversità e all'estinzione di molte varietà non più coltivate, la Ue ha emanato la Legge 194/2015 per la "tutela e la valorizzazione della biodiversità". Precedentemente la Regione Emilia-Romagna aveva introdotto la Legge 1/2008 con la quale era stato possibile attuare progetti di recupero e reintroduzione di vecchie varietà autoctone a rischio di estinzione.

Il germoplasma italiano del melo oggi può essere utilizzato per individuare varianti alleliche di geni che controllano le principali caratteristiche di



▲ Fig. 1 - (A e B). Particolari del dendrogramma delle 492 accessioni analizzate: del cluster con i sinonimi di Rambour Frank (A) e delle accessioni simili a Rosa Romana (B). Le accessioni della collezione DipSA sono scritte in maiuscolo, quelle appartenenti al gruppo delle 78 accessioni analizzate in questo lavoro in minuscolo

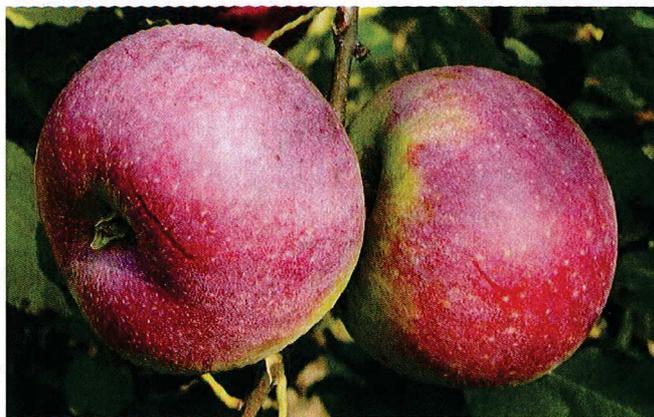
**TAB. 1 - ELENCO DELLE ACCESSIONI CON INDICAZIONE DELLA FONTE E DELLA LOCALITÀ DI CAMPIONAMENTO**

N	Accessione	Fonte/ Comune	Località	N	Accessione	Fonte/ Comune	Località
1	Seriana	Itas Bocchialini	Parma	40	Durella rossa	Scozzoli	Forlì
2	Diacciata	Itas Bocchialini	Parma	41	Rosa Romana	S. Maria Villiana	Bologna
3	Rosa lunga	Itas Bocchialini	Parma	42	Rugginosa	Astra	Imola (BO)
4	Campirolo	Itas Bocchialini	Parma	43	Piataza	Astra	Imola (BO)
5	Cioca R. (piatta)	Itas Bocchialini	Parma	44	Musona gialla	M Consolo	Fusignano (RA)
6	Zambone	Itas Bocchialini	Parma	45	Rosa precoce Montefelro	Sebastiani M e G.	Maiolo (RN)
7	Grossa di Albizzano	Itas Bocchialini	Parma	46	Rosa Montefelro autunnale	Sebastiani M e G.	Maiolo (RN)
8	Rossa di Borgotaro	Itas Bocchialini	Parma	47	Mela Montefelro invernale	Sebastiani M e G.	Maiolo (RN)
9	Zucchetta di Parma	Itas Bocchialini	Parma	48	Grossa precoce Montefelro	Sebastiani M e G.	Maiolo (RN)
10	Locale Carpaneto	Itas Bocchialini	Parma	49	Rosa romana gentile	Bonantini A	Savigno (BO)
11	Rossa dei Carmelitani	Itas Bocchialini	Parma	50	Cioca Rumela (jusef ad Cesar)	Collinelle	Casola VS (RA)
12	Giasola Rusein ME117	Vivaio Scodogna	Parma	51	Mela Casola Val Senio	Collinelle	Casola VS (RA)
13	Nespol ME048V	Vivaio Scodogna	Parma	52	Piangente	Ghetti Daniele	Faenza (RA)
14	Pumela Giasola ME060	Vivaio Scodogna	Parma	53	Rosa Marchigiana R60	Assam	Marche
15	Cucumero	Itas Bocchialini	Parma	54	Melo delle balze	Villa Ghigi	Bologna
16	Rossa Berceto	Itas Bocchialini	Parma	55	Rosa Marchigiana R101	Assam-Marche	Marche
17	Buta bianca	Itas Bocchialini	Parma	56	Rosa Collinelle	Collinelle	Casola VS (RA)
18	Capel del prete	Itas Bocchialini	Parma	57	Rosa Marchigiana R108	Assam	Marche
19	Rosa (ME122V)	Vivaio Scodogna	Parma	58	Muso di Bue marchigiano	Assam	Marche
20	Livà	Parco di S.Vito	Modena	59	Musona rossa striata	Burzanella	Bologna
21	Cioca Rumela (jusef ad Cesar)	Parco di S.Vito	Modena	60	Musona verde	Burzanella	Bologna
22	Melo Zamboni	Parco di S.Vito	Modena	61	Rosa di Burzanella	Burzanella	Bologna
23	Rosa di Malfolle	Sapori- Malfolle	Bologna	62	Renetta	Burzanella	Bologna
24	Rosa di Val Samoggia (1)	Sapori- Malfolle	Bologna	63	Renetta rossa stellate	Burzanella	Bologna
25	Mela Affrico1	Affrico	Bologna	64	Rosa (Rotella) di Vimignano	Vimignano	Bologna
26	Mela Affrico2	Affrico	Bologna	65	Rosa Stanco	Stanco	Bologna
27	Rosa di Val Reno	Sapori- Malfolle	Bologna	66	Regina	Molino del rosso	Castiglion dei Pepoli (BO)
28	Renetta vera	Montefelro	Rimini	67	Rosa romana (gentile)	Molino del rosso	Castiglion dei Pepoli (BO)
29	Mela Calanchina 2	Vespignani, Castrocaro	Forlì	68	Mela Garofana	Burzanella	Bologna
30	Poppina	Villa Ghigi	Bologna	69	Mela Garofana 2	Burzanella	Bologna
31	Azzarola	Ghetti Daniele	Faenza (RA)	70	Rosa romana tardiva	Bertocchi,	Castel di Casio (BO)
32	Francesca 2	Poli	Casola VS (RA)	71	Rosa romana di Lizzano	Bertocchi,	Castel di Casio (BO)
33	Francesca 1	Collinelle	Casola VS (RA)	72	Rosa romana	A. Toni	S. Maria Villiana (BO)
34	Calanchina 1	Piazza Castrocaro	Forlì	73	Rosa romana	Cimitero	S. Maria Villiana (BO)
35	Durello Faenza	Ghetti Daniele	Faenza (RA)	74	Rossa	Cimitero	S. Maria Villiana (BO)
36	Mela F3	Ghetti Daniele	Faenza (RA)	75	Musabo	Cimitero	S. Maria Villiana (BO)
37	Decio selvaggio	Ghetti Daniele	Faenza (RA)	76	Rosa romana gentile	Cimitero	S. Maria Villiana (BO)
38	Fontanelle	Ghetti Daniele	Faenza (RA)	77	Rosa romana	Cà de Facchini-	Grizzana Morandi (BO)
39	Limonella acidula	Ghetti Domenico	Ceparano, Faenza	78	Api Stellata	F. Repetti	Piacenza

interesse agronomico e produttivo. Le collezioni di germoplasma sono quindi una fonte primaria di biodiversità utilizzata per allargare la base genetica dei moderni programmi di breeding e per lo sviluppo di nuove cultivar che recuperino le caratteristiche di adattabilità

ambientale, qualità e conservabilità dei frutti tipiche delle vecchie varietà, insieme ad alcune resistenze a patogeni. Questi benefici devono però compensare gli sforzi che vengono fatti dalle istituzioni pubbliche per finanziarne il mantenimento.

Per un uso corretto e consapevole delle accessioni di germoplasma bisogna superare il problema della corretta identificazione delle accessioni, complicata dalla mancanza di uno standard varietale riconosciuto a cui fare riferimento e dalla variabilità ambientale



▲ Fig. 2 - A sinistra, la varietà Rambour Frank (DipSA); a destra l'accessione Campiolo.

che ne rende difficile l'univoca identificazione solo su base fenotipica. A questi problemi si aggiungono anche i criteri piuttosto generici di denominazione utilizzati in passato nella diffusione delle varietà che hanno generato un elevato livello di ridondanza.

La caratterizzazione molecolare delle collezioni di germoplasma mira, perciò, ad una riduzione del numero di genotipi da collezionare, eliminando le ridondanze ed identificando i genotipi unici. Queste conoscenze sono fondamentali per conservare le risorse genetiche a tempo indeterminato e per gestire uno scambio di materiale vegetale a livello internazionale (Hummer *et al.*, 2015). Il Dipartimento di Scienze Agrarie dell'Università di Bologna (DipSA) possiede una vasta collezione di germoplasma di *Malus x domestica* che comprende anche antiche varietà (480 accessioni, di cui 212 genotipi diploidi unici); questa collezione è stata fenotipizzata per molti caratteri negli ultimi 25 anni e i dati raccolti sono oggi disponibili per gli studi di mappaggio per associazione (Liang *et al.*, 2015; Urrestarazu *et al.*, 2016).

I microsatelliti (o SSR, "Simple Sequence Repeat") sono oggi considerati i marcatori molecolari più adatti per esplorare la diversità genetica delle specie vegetali. Tali marcatori individuano le regioni di DNA caratterizzate da una ripetizione in tandem di una stessa sequenza di basi azotate (da 1 a 4 basi) e presentano un'iper-variabilità di forme alleliche nei singoli *loci* all'interno di ciascuna specie. Alcuni di questi sono stati utilizzati per valutare la diversità genetica e le relazioni tra le diverse collezioni di germoplasma di melo della Spagna (Urrestarazu *et al.*, 2012), della Svezia (Garkava-Gustavsson *et al.*, 2008) e dell'Italia (Liang *et al.*, 2015), così come in specie di mele selvatiche

(Reim *et al.*, 2013). Recentemente lo stesso approccio è stato utilizzato per analizzare la distribuzione e la struttura della diversità genetica del melo a livello europeo (Urrestarazu *et al.*, 2016), evidenziando la presenza di tre gruppi principali: germoplasma dei Paesi mediterranei, dell'Europa occidentale (Spagna, Francia, Belgio e Inghilterra) e del Nord-Est Europa (Svezia e Russia).

Questo lavoro di ricerca, realizzato in collaborazione dal Centro Ricerche Produzioni Vegetali (CRPV) dell'Emilia-Romagna e dal Dipartimento di Scienze Agrarie ha analizzato con marcatori molecolari (SSR) una serie di accessioni raccolte in diverse zone delle regioni Emilia-Romagna e Marche e determinata l'identità o meno di quelle aventi talvolta lo stesso nome di varietà presenti in altre collezioni. Sono state identificate diverse accessioni triploidi. Infine, è stata determinata la diversità genetica estendendo l'analisi anche alle accessioni appartenenti alla collezione del DipSA che potrà in futuro essere arricchita con le varietà uniche identificate.

### Origine del materiale vegetale: analisi molecolari e della diversità genetica

Sono state analizzate 78 accessioni reperite in diverse località delle regioni Emilia-Romagna (es. Parma, Gaggio Montano, Faenza e Imola) e Marche. In alcuni casi erano accessioni conservate in alcune importanti collezioni di germoplasma sia pubbliche (Itas Boccialini, Vivai Scodogna, Parco Bosco di Carrega, Parco di S. Vito), sia private (Tab. 1). Per ciascuna accessione, le foglie giovani dalla parte apicale del germoglio sono state raccolte in campo ed è stato estratto il DNA seguendo il protocollo di Maguire *et al.* (1994). Il DNA, diluito ad una concentrazione standard

di 10 ng/l, è stato analizzato con i marcatori SSR CHVf1, CH03G07, GD12, CH01H10, CH01H03b, CH01H02, Hi05E07, CN444542, CH02D08, CH01F02, CH01A09, CH04C07, CH02C09, CH05C06, CH01H01, distribuiti su tutto il genoma e organizzati in "multiplex" per l'analisi al sequenziatore capillare (ABI 3100) come descritto da Liang *et al.* (2015). I dati molecolari così ottenuti sono stati comparati ed allineati con i profili SSR di tutte le accessioni presenti nella collezione del DipSA (per un totale di 492 accessioni) per identificare gli eventuali casi di sinonimia e/o omonimia utilizzando il software NTSYSpc 2.0 con il coefficiente di DICE (Dice 1945).

L'analisi "cluster" e la costruzione del dendrogramma relativo alle distanze genetiche sono stati ottenuti mediante il metodo UPGMA ("Unweighted Pair-Grop Method"). La biodiversità della popolazione in studio è stata valutata tramite il software Cervus vers. 3.0. Dopo esclusione dal "dataset" dei campioni triploidi e delle varietà sinonime, è stata condotta un'analisi della struttura genetica tramite il programma Structure 2.3.3 per definire il numero di gruppi ("pool genici") all'interno delle collezioni analizzate.

### Risultati

#### Analisi SSR, identificazione di accessioni triploidi, sinonimie e omonimie

Le analisi dei profili SSR al sequenziatore capillare hanno evidenziato un alto grado di polimorfismo fra i 78 campioni analizzati, come atteso per una specie auto-incompatibile quale è il melo. In generale, le frequenze alleliche non sono risultate distribuite uniformemente all'interno dei *loci* indagati, andando da percentuali molto

basse (1,3%) per diversi *loci* (alleli unici su 78 campioni) ad alte come 73,1% per l'allele a 131 bp del CH01H10 e a 257 bp del Hi05E07 e il 76,9% per l'allele a 154 bp del CH1H02. Sono stati identificati in media 16 alleli per *locus* per un totale di 240 alleli. Dai dati ottenuti in questo lavoro non sono emersi alleli nuovi rispetto a quelli già identificati con gli stessi microsatelliti su 414 genotipi della collezione DipSA.

Successivamente è stato realizzato un dendrogramma che ha identificato le somiglianze e/o identità tra le accessioni della collezione DipSA e le 78 varietà in esame. L'analisi cluster ha permesso di analizzare i casi di sinonimia e omonimia presenti nell'insieme dei genotipi analizzati come pure la presenza di errori di denominazione; 30 accessioni delle 78 in esame mostravano lo stesso profilo allelico di altre accessioni appartenenti alla collezione DipSA, ma con denominazione varietale differente. In particolare, si è notato che i profili molecolari di quattro varietà raccolte in luoghi differenti (Campiolo, Rossa, Rossa di Borgotaro e Mela Calanchina 2) non erano distinguibili da Rambour Frank (DipSA). Questo può essere spiegato da una propagazione di un singolo genotipo

che ha assunto nomi differenti a seconda del luogo (Fig. 1A; Fig. 2). Inoltre, si è osservato che le varietà Livà e Rosa di Val Reno sono risultate uguali (come profili molecolari) alla varietà triploide Rosa d'Oliveto della collezione DipSA.

In alcuni casi, fra alcuni genotipi, è stata trovata la presenza di un singolo allele diverso come nel caso di Rossa X e Rossa dei Carmelitani, Bella del Giardino e Capel del Prete, Muso di Bue e Muso di Bue Marchigiano. Sono stati inoltre individuati quattro cluster composti da sole varietà triploidi, due dei quali, in particolare, presentavano varietà simili a Rosa Romana (Fig. 1 B). Accessioni denominate come Rosa Romana sono presenti in entrambi i cluster a dimostrazione che l'analisi molecolare ha una grande utilità quale supporto delle analisi pomologiche che saranno in futuro necessarie per risolvere questa fonte di incertezza. In questo gruppo di varietà, inoltre, si evidenzia che le Rose Marchigiane non sono identiche fra loro e differiscono per diversi alleli. Questo gruppo include anche il genotipo denominato Rosa precoce di Montefeltro. Anche in questo caso sarebbe importante associare all'analisi molecolare un'attenta indagine pomologica

e fenotipica al fine di fare chiarezza su questo gruppo di accessioni.

Infine, si è valutata la presunta omonimia di alcune varietà raccolte in luoghi diversi quali, ad esempio, Francesca-1, Francesca-2, provenienti da Casola Valsenio (Ra) (Poli e Collinelle; Tab. 1). Queste accessioni sono risultate genotipicamente diverse tra loro e diverse dalle accessioni Francesca (Mi) e Francesca (Tn) della collezione del DipSA. Francesca-1 è simile alla varietà Arkansas, introdotta in Italia presumibilmente alla fine dell'800, e Francesca-2 è risultata un genotipo unico, diverso dalle altre accessioni. Anche in questo caso le differenze tra le due accessioni erano evidenti già dalle osservazioni pomologiche e le analisi molecolari hanno solo fornito un'ulteriore conferma. Questa è la dimostrazione che nel passato, nella propagazione del materiale, sono avvenuti errori di percorso che hanno lasciato effetti nel presente, in particolare errori nella denominazione delle accessioni.

#### **Analisi della struttura genetica**

Per questa analisi sono stati considerati solo i 244 genotipi unici diploidi identificati nell'analisi precedente (in-

cludendo i 212 genotipi del DipSA e i 32 del presente lavoro). L'analisi delle frequenze alleliche ha dimostrato che questo ampio raggruppamento di genotipi è strutturato in due gruppi principali (Fig. 3): il primo gruppo è composto da 134 genotipi e il secondo da un insieme di 110 genotipi. Infatti, si è osservato che 22 delle 78 varietà in esame erano raggruppate nel primo gruppo (comprendente principalmente varietà italiane), mentre solamente 10 varietà appartenevano al secondo (Tab. 2). Questo approccio ha inoltre mostrato che il gruppo 2 è rappresentato da un insieme eterogeneo di varietà di melo che include le accessioni internazionali provenienti dalla collezione DipSA, utilizzate come varietà di riferimento. Quindi, questa analisi statistica ha ben distinto due "pool" genici mediterranei e ci fa supporre che uno di essi abbia subito maggiormente l'influenza dei "pool" genici europei descritti da Urrestarazu *et al.* (2016). Questi due gruppi principali sono stati poi analizzati in modo indipendente per esplorare l'ipotesi di una sottostruttura in ciascun gruppo. Il gruppo 1 è risultato chiaramente diviso in due sottogruppi, ciascuno comprendente 11 accessioni tra quelle in esame (Tab. 2). Il gruppo 2 non ha invece evidenziato la presenza di un'ulteriore strutturazione.

Questa analisi ha misurato, con buona approssimazione, il livello di diversità genetica presente nel germoplasma del melo e definito i gruppi all'interno dei quali questa diversità genetica diminuisce. Queste informazioni potranno essere di grande importanza per nuovi programmi di breeding che mirino ad ampliare la base genetica della specie



▲ Fig. 3 - "Barplot" dell'analisi della struttura su 244 genotipi diploidi unici. Il rosso indica l'appartenenza al primo gruppo, mentre il verde rappresenta il gruppo 2.

attraverso il recupero di queste accessioni e delle relative varianti alleliche dei geni che controllano i caratteri di resistenza, resilienza e qualità dei frutti.

### Conclusioni

Con questo studio riportiamo una caratterizzazione molecolare di una raccolta di 78 accessioni di melo provenienti dalla regione Emilia-Romagna e dalle Marche, comprendente soprattutto varietà di melo non più commerciali (ad esempio le varietà Decio, Campanino, Cavicchio) e gruppi di accessioni geneticamente affini a Rosa Romana. Queste varietà, in ogni caso, hanno dimostrato la capacità di sapersi adattare ai diversi ambienti. Altre accessioni, quali Durello di Forlì, hanno sviluppato resistenze verso alcuni patogeni (quali ad esempio la ticchiolatura). Proprio per questo motivo sarebbe auspicata la loro reintroduzione nei programmi di miglioramento genetico.

Il pool iniziale di 78 accessioni è stato analizzato utilizzando un set di 15 marcatori SSR polimorfici. I risultati ottenuti hanno evidenziato anche la presenza di numerose accessioni triploidi

che probabilmente sono state selezionate e propagate in passato per alcune loro caratteristiche agronomiche positive quali la grande pezzatura del frutto. Si è osservata, inoltre, un'elevata ridondanza dovuta principalmente a casi di sinonimia (profilo genetico uguale, ma con nome diverso), di omonimia e alla presenza di nuovi genotipi unici non ancora considerati nel germoplasma italiano (e diversi rispetto a quelli analizzati da Liang *et al.*, 2015). Questo lavoro ha identificato 32 genotipi diploidi unici, di cui 9 varietà sono sinonime di altre accessioni appartenenti alle 78 in esame e 21 sono risultate ridondanti rispetto alle accessioni presenti nella collezione del DipSA.

Questo riflette gli scambi di materiale propagato vegetativamente che si sono verificati in diverse regioni, come si è sottolineato in altri studi (Liang *et al.*, 2015; Pina *et al.*, 2014), anche a livello europeo (Urrestarazu *et al.*, 2016). L'identificazione di accessioni sinonime ha sottolineato l'importanza di verificare collezioni di germoplasma con strumenti potenti come i marcatori molecolari. Questi strumenti sono fondamentali per evitare ridondanza nelle collezioni e le problematiche della certificazione varietale per la propagazione nei vivai. L'analisi con marcatori molecolari deve essere quindi un supporto all'analisi pomologica che dovrà verificare e, in alcuni casi, correggere le denominazioni dei 32 genotipi che hanno mostrato un'unicità dei profili molecolari.

I risultati del presente studio sono inoltre in linea con quanto precedentemente descritto dal lavoro di Urrestarazu *et al.* (2016) relativamente al germoplasma europeo nel quale l'analisi di struttura ha evidenziato la presenza di tre sottogruppi. La variazione riscontrata tra i gruppi e all'interno dei singoli gruppi può riflettere una combinazione di processi storici di migrazione/selezione e fattori di adattamento ai diversi ambienti portando ad un'ampia

**TAB. 2 - ATTRIBUZIONE DEI 32 GENOTIPI UNICI (SU 78 ACCESSIONI ANALIZZATE) AL GRUPPO 1 (DIVISO ULTERIORMENTE IN GRUPPO 1.1 E 1.2) E GRUPPO 2 DOPO ANALISI DI STRUTTURA**

Gruppo 1		Gruppo 2
Gruppo 1.1	Gruppo 1.2	
Rosa lunga	Zucchetta di Parma	Capel del prete
Api Stellata	Giasola Rusein ME117	Melo Zamboni
Azzarola	Cucumero	Francesca_1
Buta bianca	Rossa Berceto	Mela F3
Cioca Rumela (jusef ad Cesar)	Rosa (ME122V)	Locale Carpaneto
Durella rossa	Francesca_2	Mela Garofana 2
Melo delle balze	Durello Faenza	Musona gialla
Muso di Bue marchigiano	Decio selvaggio	Piangente
Nespul ME048V	Rugginosa	Grossa di Albizzano
Pumela Giasola ME060	Mela Montefeltro invernale	Zambone
Mela Casola Val Senio	Musona rossa striata	

variazione genetica in una struttura di popolazione limitata. I risultati hanno confermato l'importanza di tutelare e di mantenere le varietà selvatiche e quelle antiche per consentire un aumento della variabilità allelica presente all'interno delle collezioni di germoplasma e per salvaguardare i diversi genotipi in diversi ambienti, incrementando così gli areali di diffusione della specie. Questi risultati permettono di stilare un piano di conservazione per i genotipi unici, in quanto in molti casi le piante analizzate rappresentano campioni unici, la cui scomparsa causerebbe una sicura perdita di biodiversità.

#### SUMMARY

Le collezioni di germoplasma del melo sono considerate attualmente una valida fonte per la salvaguardia della biodiversità che è caratterizzata principalmente da varietà antiche autoctone a rischio d'estinzione. Nell'ottica di una loro razionalizzazione, è essenziale la caratterizzazione fenotipica e molecolare delle accessioni. In questo lavoro di ricerca sono state analizzate a livello molecolare diverse accessioni di melo raccolte in diverse località della regione Emilia-Romagna e delle Marche utilizzando 15 microsatelliti (o SSR, Simple Sequence Repeat). Quest'analisi ha determinato la corrispondenza varietale delle accessioni (includendo alcune sinonimie) ed identificato un insieme di genotipi diploidi unici. I risultati sono stati allineati con quelli relativi al-

la genotipizzazione della collezione del DipSA (Dipartimento di Scienze Agrarie dell'Università di Bologna). Il germoplasma italiano del melo nel suo complesso è risultato essere strutturato in due gruppi principali, il primo dei quali, che comprende la maggior parte delle accessioni italiane o presunte autoctone, è risultato suddiviso in due ulteriori due sottogruppi. Il secondo gruppo invece è rappresentato da un insieme eterogeneo di varietà di melo che include per la maggior parte anche una serie di varietà estere utilizzate come riferimenti.

#### BIBLIOGRAFIA

- Baldini E (2004). Cinque secoli di pomologia italiana. Edito dal Dipartimento di Colture Arboree, pp 28-33
- Buscaroli C, Ventura M (1991) – Il germoplasma del melo in Emilia Romagna. Rivista di Frutticoltura 1: 63-67
- Dice LR (1945) Measures of the amount of ecological association between species. Ecology 26:297-302
- Garkava-Gustavsson L, Kolodinska Brantestam A, Sehic J, Nybom H (2008) Molecular characterisation of indigenous Swedish apple cultivars based on SSR and S-allele analysis. Hereditas 145:99-112
- Hummer KE, Janick J (2009) Rosaceae: taxonomy, economic importance, genomics. In: Folta KM, Gardiner SE (eds) Genetics and genomics of Rosaceae. Springer, New York, pp 1-17
- Hummer KE, Dempewolf H, Bramel P, Markham R, Stover E (2015) Status of global strategies for horticultural fruit crops. Acta horticultrae Jacobs MM, Smulders MJ, van den Berg RG, Vosman B (2011) What's in a name; Genetic structure in *Solanum* section *Petota* studied

- using population-genetic tools. BMC Evol Biol 11:42
- Liang W, Dondini L, De Franceschi P, Paris R, Sansavini S, Tartarini S (2015) Genetic diversity, population structure and construction of a core collection of apple cultivars from Italian germplasm. Plant Mol Biol Rep 33:458-473
- Maguire TL, Collins GG, Sedgley M (1994) A modified CTAB DNA extraction procedure for plants belonging to the family Proteaceae. Plant Mol Biol Rep 12:106-109
- Reim S, Hölten A, Höfer M (2013) Diversity of the European indigenous wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in the East Ore Mountains (Osterzgebirge), Germany: II. Genetic characterization. Genet Resour Crop Evol 60:879-892
- Urrestarazu J, Denancé C, Ravon E, Guyader A, Guisnel R, Feugey L, Poncet C, Lateur M, Houben P, Ordidge M, Fernandez-Fernandez F, Evans KM, Paprstein F, Sedlak J, Nybom H, Garkava-Gustavsson L, Miranda C, Gasmann J, Kellerhalls M, Suprun I, Pikunova AV, Krasova NG, Torutaeva E, Dondini L, Tartarini S, Laurens F, Durel CE (2016) Analysis of the genetic diversity and structure across a wide range of germplasm reveals prominent gene flow in apple at the European level. BMC Plant Biology (2016) 16:130
- Urrestarazu J, Miranda C, Santesteban LG, Royo JB (2012) Genetic diversity and structure of local apple cultivars from Northeastern Spain assessed by microsatellite markers. Tree Genet Genomes 8: 1163-1180. ■

Nota degli autori: in questo lavoro sono riportati i nomi delle 78 accessioni così come indicati negli elenchi delle collezioni o comunicati dai proprietari delle piante. Non si fa perciò riferimento a denominazioni di varietà già descritte in bibliografia.