

Caratterizzazione genetico-molecolare di antiche varietà locali venete di mais vitrei da polenta ascrivibili alle tipologie "Biancoperla", "Marano" e "Sponcio"

Barcaccia G.¹, Cherubin S.¹, Volpato M.¹, Galla G.¹, Pino S.², Leoni A.³, Sanson S.⁴, Pastro G.⁴, Baldan G.⁵, Tranzillo V.⁵, Converso R.⁶ and Arduin M.⁶

¹DAFNAE, Università di Padova, Viale dell'Università, 16, Legnaro (PD), Italy; ²Provincia di Vicenza, Istituto di Genetica e Sperimentazione Agraria "N. Strampelli", Lonigo (VI), Italy; ³Istituto Agrario ISSS "D. Sartor", Castelfranco Veneto (TV), Italy; ⁴Istituto Agrario IIS "A. Della Lucia", Feltre (BL), Italy; ⁵Istituto Agrario ISI "Duca degli Abruzzi", Padova (PD), Italy; ⁶Veneto Agricoltura, Settore Ricerca Agraria, Legnaro (PD), Italy.

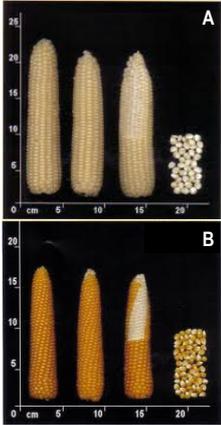


Figura 1. Spighe e cariossidi di mais Biancoperla (A) e Marano (B).

Le varietà locali sono popolazioni di piante d'interesse agro-alimentare costituite e affermatesi in una determinata area geografica in seguito alle disponibilità offerte dall'ambiente naturale e dalle tecniche colturali imposte dall'uomo, compresa la scelta del seme da reimpiegare. La loro caratterizzazione è mirata al conseguimento della "autoconservazione", cioè al mantenimento della varietà e all'incremento della sua produttività o al miglioramento della qualità dei suoi prodotti, dotati peraltro di tipicità.

L'obiettivo della caratterizzazione morfologica e genetico-molecolare è rappresentato dalla costituzione di una varietà sintetica a larga base genetica per ciascuna delle tipologie "Biancoperla", "Marano" e "Sponcio" di mais da polenta (Figura 1).

Ciascuna varietà è stata sottoposta a selezione individuale delle piante corrispondenti all'ideotipo su base fenotipica, valutando descrittori morfologici riguardanti la spiga e la cariosside. Tale selezione ha permesso la definizione di sottogruppi di 40-60 piante madri aventi le caratteristiche desiderate e rappresentative di ogni varietà. Le analisi molecolari basate sulla rilevazione di marcatori SSR sono state incentrate su un panel di loci selezionati in base alla loro posizione di mappa (BIN) e al loro indice di polimorfismo (PIC).

Tabella 1. Elenco dei loci marcatori impiegati in questa ricerca, con informazioni sulla posizione genomica (BIN), il motivo microsatellite (SSR) e il loro indice di polimorfismo (PIC).

LG	Arm	BIN	Locus ID	Locus detected	SSR sequence	PIC
1	S	1.01	phi056	tub1	GCC	0.67
2	L	2.08	phi127	phi127	AGAC	0.70
3	L	3.05	phi073	gst4	CAG	0.65
4	L	4.11	phi076	cat33	GAGCGG	0.65
5	S	5.01	phi024	Ohp2	CCT	0.69
6	L	6.04	phi031	pl1	GTAC	0.57
7	S	7.00	phi057	o2	GCC	0.61
8	S	8.00	umc1075	umc1075	ATTGC	0.69
9	L	9.04	phi016	sus1	GGT	0.52
10	L	10.04	phi084	nacl	GAA	0.49

Tabella 2. Statistiche descrittive di diversità genetica basate sui profili SSR. In tabella sono riportati i valori di eterozigotità osservata (Ho), attesa (He) e media (Ha). La tabella riassume anche le stime degli indici di fissazione: F_{IT} , F_{ST} e F_{ST} e del flusso genico (Nm).

Marker locus Id.	H-statistics			F-statistics			Gene flow Nm	
	Ho	He	Ha	Fis	Fit	Fst		
Marcatori SSR	PHI056	0,291	0,318	0,308	-0,066	0,052	0,110	2,019
	PHI127	0,405	0,494	0,447	0,059	0,148	0,095	2,389
	PHI073	0,567	0,674	0,553	0,008	0,169	0,162	1,291
	PHI076	0,468	0,655	0,561	0,142	0,261	0,139	1,547
	PHI024	0,603	0,729	0,616	0,033	0,184	0,156	1,353
	PHI031	0,389	0,489	0,461	0,159	0,203	0,052	4,575
	PHI057	0,309	0,486	0,352	0,067	0,315	0,266	0,691
	UMC1075	0,532	0,738	0,646	0,135	0,234	0,115	1,928
	PHI016	0,357	0,667	0,506	0,254	0,445	0,257	0,723
	PHI084	0,236	0,660	0,540	0,576	0,650	0,176	1,170
Popolazioni	Marano	0,418	0,478	0,474	0,126	0,293	0,191	1,060
	Sponcio	0,479	0,567	0,558	0,155	0,190	0,041	5,848
	Biancoperla	0,380	0,469	0,465	0,190	0,357	0,206	0,964
	Overall St.Dev	0,416	0,591	0,499	0,148	0,281	0,156	1,351

Merita rilevare che il grado di eterozigosi osservato (Ho), mediamente pari al 42%, è risultato inferiore a quello atteso (He) in ognuna delle varietà, con coefficienti di inbreeding (Fis e Fit) sem pre positivi, variabili tra 0,13 e 0,36, dovuti ad un eccesso di genotipi omozigoti rispetto a quanto voluto dall'equilibrio HW. Inoltre, l'indice di fissazione (Fst) è risultato piuttosto basso, pari a 0,16, evidenziando che circa l'84% della variazione genetica è riscontrabile entro varietà e solo il 16% è attribuibile a differenziazione genetica tra varietà, peraltro con coefficienti di flusso genico (Nm) significativi tra "Marano" e "Sponcio" (compresi tra 1,1 e 5,8) e inferiore all'unità per il "Biancoperla" (0,9).

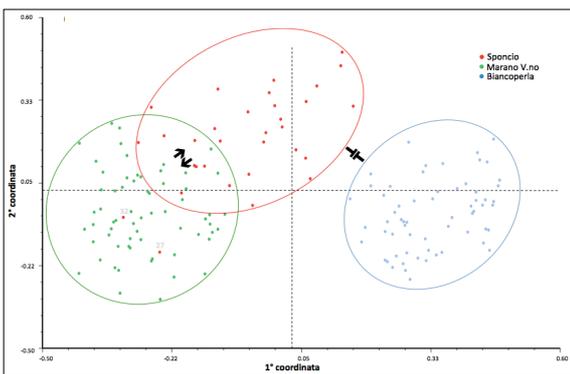


Figure 2. Centroidi bidimensionali che rappresentano la distanza genetica calcolata sulla base dei profili SSR, tra tutti gli individui/genotipi di mais.

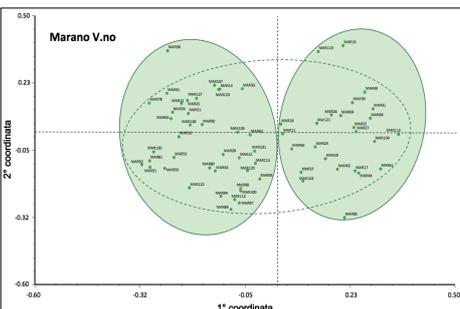


Figure 3. Centroidi bidimensionali relativi ai soli individui/genotipi di Marano.

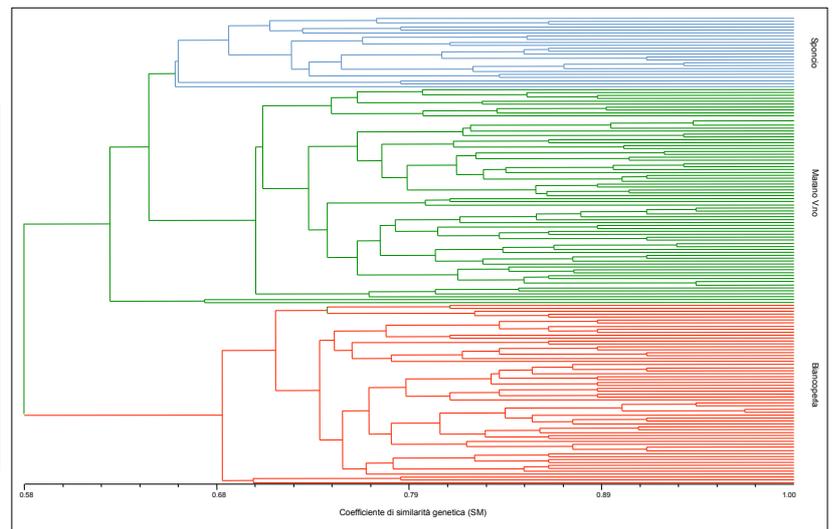


Figure 4. Dendrogramma UPGMA basato sui dati ottenuti con le analisi SSR e rappresentante la similarità genetica stimata in tutti i possibili confronti a coppie tra tutti gli individui/genotipi di mais delle varietà locali considerate in questo studio.

La varietà di "Marano" ha mostrato la presenza di due sottogruppi geneticamente divergenti, a differenza delle varietà di "Biancoperla" e "Sponcio" che invece sono risultate geneticamente più omogenee.

Attraverso l'interincrocio in isolamento delle piante ottenute da uguali quantitativi di seme, provenienti dalle spighe raccolte dalle piante madri scelte a livello morfologico e genetico, sarà possibile la moltiplicazione del seme di varietà sintetiche a larga base genetica per ciascuna delle tre tipologie di mais da polenta.

Ricerca svolta nell'ambito del Progetto speciale BIONET anni 2012/14, Misura 214H del PSR - Rete Regionale della Biodiversità, finanziato dalla Regione Veneto