

Allegati

**Allegato 1**

**GLOSSARIO DEI TERMINI TECNICI**

TERMINE/ACRONIMO	<i>Nomenclatura inglese</i> (quando il termine è frequentemente ed universalmente espresso in questa lingua)	DESCRIZIONE
ACCESSIONE		Termine usato correntemente nel lavoro di collezione delle risorse genetiche: indica l'entità da collezionare o collezionata, può essere indicata con un numero, un codice e/o il nome dell'agricoltore, di colui che l'ha individuata, del raccoglitore, ecc. e/o della località di raccolta. Ogni entità presente in una banca del germoplasma è un'accessione. Una stessa varietà, nello stesso areale (o in areali diversi dove la stessa è stata diffusa) può essere rappresentata da più accessioni. Nel caso di specie propagate per seme, ogni diversa accessione di una stessa varietà locale può assumere tratti distintivi ben differenziati. Nel caso di specie propagate vegetivamente, diverse accessioni della stessa varietà sono uguali, a meno che siano intervenute mutazioni genetiche, nel qual caso può così avere origine una nuova varietà.
ACLSV	<i>Apple chlorotic leaf spot virus</i>	Virus che colpisce, oltre il melo, il pero, il cotogno, il ciliegio dolce e acido, il pesco, l'albicocco e il susino.
ADATTAMENTO		Processo mediante il quale individui, popolazioni o specie modificano forma e funzioni per meglio sopravvivere in un certo complesso di condizioni ambientali. Adattamento indica anche il risultato del processo. L'adattabilità è il processo che porta all'adattamento.
AEGIS	<i>A European Genebank Integrated System</i>	Si tratta di un sistema integrato europeo di banche del germoplasma, previsto all'interno del Trattato Internazionale sulle Risorse Genetiche Vegetali.
AFLP	<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>	Polimorfismo della lunghezza dei frammenti di restrizione amplificati. Marcatori molecolari multi-locus dominanti basati sulla PCR di frammenti di DNA derivanti da digestione del DNA genomico con due specifici enzimi di restrizione. I frammenti ottenuti dalla digestione sono "ligati" ad opportuni adattatori oligonucleotidici e pre-amplificati con <i>primers</i> complementari ai siti di restrizione e alle sequenze degli adattatori, contenenti una base selettiva in 3'. Successivamente viene eseguita l'amplificazione utilizzando <i>primers</i> contenenti nucleotidi selettivi in 3' e marcati in 5'. I frammenti ottenuti sono poi separati su gel di acrilamide, trasferiti su apposite membrane visualizzati mediante lastra autoradiografica. L'origine del polimorfismo è data dalla presenza/assenza dei siti di taglio dell'enzima e dalle varie basi selettive.
AGRICOLTORE (COLTIVATORE) CUSTODE		Figura introdotta e definita da alcune Leggi Regionali per la tutela delle risorse genetiche di interesse agrario (Toscana 1997 e 2004; Marche 2003 ed Emilia-Romagna 2008). Sono definiti agricoltori (o "coltivatori") custodi coloro che, a seguito di iscrizione in appositi albi regionali sulla base di esperienza e di determinate caratteristiche aziendali, provvedono alla conservazione <i>on farm</i> delle risorse genetiche a rischio di estinzione iscritte

		nei repertori, secondo le modalità definite dalle rispettive leggi e dietro supervisione dell'Ente pubblico responsabile della conservazione.
<b>AGROBIODIVERSITÀ</b>		La diversità della vita relativa ai sistemi agricoli (vedi biodiversità). L'agro-biodiversità è essenzialmente legata agli agro-ecosistemi, cioè agli ecosistemi naturali modificati dall'uomo con l'introduzione della coltivazione finalizzata alla produzione agricola.
<b>AHTEG</b>	<i>Ad Hoc Technical Expert Group</i>	Si tratta di un ristretto gruppo di lavoro, composto da 2 soli esperti per ogni regione delle Nazioni Unite, scelti dal Segretariato della Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD) sulla base dei <i>curricula</i> proposti dalle Parti.
<b>ALBERO GENEALOGICO</b>	<i>Pedigree</i>	Rappresentazione grafica del succedersi delle diverse generazioni. Indicazione dei parentali, delle combinazioni di incrocio fra questi ed, eventualmente, della manifestazione di particolari caratteri.
<b>ALLELE</b>		Identifica una delle possibili forme alternative di un gene presente in una specifica localizzazione sul cromosoma ( <i>locus</i> ).
<b>ALLOGAMIA</b>		Situazione nella quale avviene l'unione fra gameti prodotti da individui diversi, anche nel caso in cui gli stessi siano in grado di produrre sia gameti maschili sia femminili (individui ermafroditi). L'allogamia è frutto dell'impollinazione incrociata. Ad esempio nelle specie foraggere i singoli fiori presentano sia l'ovario sia le antere, ma perché avvenga la fecondazione è necessario l'intervento di insetti pronubi che provochino lo "scatto" del fiore, cioè la fuoriuscita delle antere dalla loro posizione, l'insetto si "sporca" del polline di quel fiore portandolo sui fiori di altre piante (impollinazione entomofila). In altre specie, invece, come il mais i fiori maschili ("pennacchi") sono spazialmente separati sulla pianta da quelli femminili (spiga o "pannocchia") che pertanto possono ricevere il polline di altre piante grazie all'azione del vento (impollinazione anemofila).
<b>AP</b>	<i>Apple proliferation</i>	È un fitoplasma che, tra l'altro, provoca la produzione di frutti molto piccoli.
<b>AP-PCR</b>	<i>Arbitrarily Primed-Polymerase Chain Reaction</i>	Reazione a catena della polimerasi arbitrariamente innescata. Marcatori molecolari multi-locus dominanti basati sulla PCR. Tali marcatori sono generati analogamente ai RAPD, con la differenza che in questo caso il <i>primer</i> utilizzato come innesco è un <i>primer</i> universale a sequenza nota come M13.
<b>AUTOCTONIA</b>		L'essere autoctono, cioè la caratteristica di una popolazione vivente (umana, animale, vegetale, microbica) stanziata da epoca remota nel territorio in cui vivono. Il termine <i>autoctono</i> viene utilizzato anche come sinonimo di indigeno o aborigeno. Una varietà locale è autoctona quando è originaria dell'area in cui vive da sempre, mentre è alloctona quando si è stabilita in quell'area da tempi relativamente recenti, seppure sufficienti a consentirne l'adattamento alla stessa.



<b>AUTOGAMIA</b>		Quando la fecondazione avviene fra i gameti prodotti dallo stesso individuo. Ad esempio la gran parte dei cereali a paglia è autogama. L'autogamia è frutto dell'autofecondazione.
<b>BANCA DEL SEME O DEL GERMOPLASMA</b>	<i>Gene-bank o seed-bank</i>	Struttura presso la quale sono conservate collezioni di materiali genetici animali o vegetali (specie, varietà entro specie o genotipi in generale). Nel caso dei vegetali, si tratta di semi conservati in celle frigorifere in condizioni ambientali controllate oppure di piante intere conservate in campo o di tessuti conservati <i>in vitro</i> .
<b>BIODIVERSITÀ O DIVERSITÀ BIOLOGICA</b>	<i>Biodiversity</i>	L'insieme della diversità delle forme viventi; il termine fa riferimento a tre livelli di complessità: diversità entro specie, diversità nel numero di specie e diversità ecologica (diversità a livello di comunità di specie).
<b>BIOTECNOLOGIE</b>		Tutte le tecniche che fanno uso di organismi viventi (microrganismi, piante, animali) per la produzione di sostanze o funzioni utili all'uomo (prodotti alimentari, farmaci, processi fermentativi, ecc...).
<b>BIOTECNOLOGIE GENETICHE AVANZATE</b>		Sono di fatto le biotecnologie genetiche che vengono definite anche Ingegneria Genetica (vedi Ingegneria genetica).
<b>BIOTIPO</b>		Gruppo di esseri viventi con caratteristiche morfologiche e fisiologiche geneticamente omogenee.
<b>CAC</b>	<i>Conformitas Agraria Communitatis</i>	Comprende i materiali di moltiplicazione "aventi identità varietale e adeguata purezza varietale" ed è certificata dal fornitore (qualsiasi persona fisica o giuridica che esercita professionalmente almeno una delle seguenti attività riguardanti i materiali di moltiplicazione o le piante da frutto: riproduzione, produzione, protezione e/o trattamento, importazione, commercializzazione).
<b>CAPS</b>	<i>Cleaved Amplified Polymorphic Sequences</i>	Sequenze polimorfiche amplificate e ristrette. Marcatori molecolari singolo-locus codominanti basati sulla PCR. Questi marcatori sono evidenziati in seguito al sequenziamento di altri marcatori PCR derivati (ad esempio AFLP). Il frammento amplificato a sequenza nota può venire digerito con opportuni enzimi di restrizione. Il polimorfismo è dato dalla presenza/assenza del sito di restrizione.
<b>CARATTERE</b>	<i>Trait</i>	E' un attributo di un organismo che risulta dalla interazione di un gene, o di più geni, con l'ambiente. I caratteri possono essere controllati da un solo gene (caratteri monogenici) o da pochi geni (caratteri oligogenici) oppure da molti geni (caratteri poligenici o multifattoriali).

<b>CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA</b>		<p>Dettagliata e sistematica descrizione di materiale vegetale, rilevando tratti caratteristici in grado di distinguere popolazioni della stessa specie. Identifica quindi una serie di tratti che sono peculiari della specie in analisi, che si esprimono in maniera precisa ed uniforme, sono ben distinguibili ad occhio nudo e facilmente registrabili, hanno alta ereditabilità, alto valore discriminante a livello tassonomico e agronomico.</p>
<b>CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE</b>		<p>Caratterizzazione della variabilità genetica presente tra individui appartenenti alla stessa specie attraverso l'utilizzo di marcatori molecolari.</p>
<b>CBD</b>	<i>Convention on Biological Diversity</i>	<p>Convenzione sulla Diversità Biologica</p>
<b>CENTRI DI VALIVOV</b>		<p>Sono i Centri di diversità genetica delle piante individuati dallo studioso russo Vavilov, che li ha distinti in Centri di diversità primari (interessano una pluralità di specie e di solito si riscontra in essi il massimo della variabilità genetica di gran parte delle specie coltivate) e Centri di diversità secondari originatisi successivamente, per spostamento geografico delle specie per cause naturali o antropiche (dove si riscontra un numero minore di specie e una minore variabilità).</p>
<b>CERTIFICAZIONE</b>		<p>Processo formale che garantisce produzione e processo di produzione, in tutte le sue fasi o in parte di esse, condotto da un organismo terzo autorizzato o autocertificato.</p>
<b>CGRFA</b>	<i>Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture</i>	<p>Commissione sulle Risorse Fitogenetiche per l'Alimentazione e l'Agricoltura: commissione della FAO sulle risorse fitogenetiche, conta oggi 170 paesi e la Comunità europea e i principali obiettivi sono: garantire la conservazione e l'uso sostenibile delle risorse genetiche per l'alimentazione e l'agricoltura e assicurare la ripartizione giusta ed equa dei vantaggi derivanti dal loro uso, per le generazioni presenti e future.</p>
<b>CLONE</b>		<p>Insieme di individui geneticamente uguali fra di loro perché originati per propagazione vegetativa da un'unica pianta madre (esempio le specie arboree da frutto, alcune specie da fiore, ecc.).</p>
<b>CODICE GENETICO</b>		<p>È il codice che specifica l'inserimento di un particolare amminoacido (dei venti possibili) nelle catene polipeptidiche in modo che l'informazione contenuta nel DNA, e successivamente copiata nel RNA, possa essere esplicitata. L'unità di informazione del codice genetico è rappresentata da una determinata sequenza di tre nucleotidi (porzioni elementari di DNA e di RNA). Ciascuna sequenza è sempre specifica per un particolare amminoacido e questo avviene in tutti gli organismi viventi: il codice genetico è pertanto universale. Per esempio: la sequenza di nucleotidi Uracile-Guanina-Uracile (UGU) è specifica per la cisteina; la sequenza Adenina-Citosina-Guanina (ACG) per la treonina; la sequenza Guanina-Uracile-Adenina (GUA) per la valina, ecc.. Una sequenza UGU ACG CGUA determina pertanto una catena polipeptidica: cisteina-treonina-valina; una sequenza GUA GUA ACG un'altra catena polipeptidica: valina-valina-treonina. Le possibilità di combinazione dei nucleotidi, e quindi dei venti amminoacidi, sono ovviamente elevatissime. L'insieme di queste informazioni - appunto il codice genetico - è diverso per ciascun individuo vivente, ad eccezione dei cloni.</p>

<b>CODOMINANZA</b>		Interazione allelica per la quale nell'eterozigote entrambi gli alleli si esprimono e sono "riconoscibili" nel fenotipo.
<b>CONOSCENZE TRADIZIONALI</b>	<i>Indigenous or local knowledge</i>	Nozioni, pratiche e consuetudini comunemente legate ad una specifica comunità di persone in uno specifico territorio, tramandate di persona in persona per imitazione, iniziazione, apprendistato o per trasmissione orale.
<b>CONSANGUINEITÀ</b>	<i>Inbreeding</i>	Unione sessuale fra individui imparentati.
<b>CONSERVAZIONE EX SITU</b>	<i>Ex situ conservation</i>	Conservazione delle specie e delle popolazioni al di fuori del loro habitat naturale (nelle banche del germoplasma, nei campi collezione, negli orti botanici). Essa, in generale, si configura come un sistema "statico" di conservazione.
<b>CONSERVAZIONE IN SITU</b>	<i>In situ conservation</i>	È la conservazione di ecosistemi e di habitat naturali e il mantenimento e recupero di popolazioni specifiche, vitali, nel loro ambiente naturale o, nel caso di specie addomesticate o coltivate, nell'ambiente in cui esse hanno sviluppato le loro caratteristiche distintive. Si tratta di un sistema 'dinamico' di conservazione, perché sottoposto alla pressione selettiva ambientale, determinata da fattori biotici (uomo incluso) e abiotici.
<b>CONSERVAZIONE ON FARM (IN AZIENDA)</b>	<i>On farm conservation</i>	È di fatto una conservazione <i>in situ</i> . Il termine fa prevalente riferimento alle popolazioni di specie animali e vegetali coltivate/allevate continuamente nell'azienda agricola. In questo caso si rileva il ruolo essenziale svolto dagli agricoltori nella creazione, impiego e custodia delle risorse genetiche e il legame con la cultura (in senso lato) delle popolazioni umane che le hanno sviluppate.
<b>CONSERVAZIONE IN VITRO</b>		È un sistema di conservazione <i>ex situ</i> che prevede l'allevamento di cellule, tessuti e organi di specie vegetali <i>in vitro</i> in condizioni di asepsi (sterilità del materiale vegetale, degli ambienti e degli strumenti utilizzati), su terreni nutritivi a composizione chimica nota e in condizioni ambientali (luce e temperatura) controllate. Tecnica particolarmente indicata per la conservazione di alcune specie a propagazione vegetativa.
<b>COP</b>	<i>Conference of the Parties</i>	Organo politico decisionale della Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD), formato da tutti i paesi membri, che si riunisce una volta l'anno.
<b>CROMOSOMA</b>		Unità strutturale contenuta nel nucleo della cellula che porta i geni in ordine lineare.
<b>CPVO</b>	<i>Community Plant Varieties Office</i>	Ufficio Comunitario dei Brevetti Vegetali: decide in merito alle domande di privativa comunitaria per ritrovati vegetali sulla base di un esame formale e di un esame tecnico della varietà candidata. Una privativa comunitaria per ritrovati vegetali dura 25 o 30 anni in relazione alla specie. Le privative sono valide nei 27 Stati membri dell'Unione europea ( <a href="http://europa.eu/agencies/community_agencies/cpvo/index_it.htm">http://europa.eu/agencies/community_agencies/cpvo/index_it.htm</a> )
<b>CTV</b>	<i>Citrus Tristeza Virus</i>	Viroso che colpisce gli agrumi causando un deperimento progressivo della pianta.

<b>CULTIVAR</b>	<i>Cultivar (cultivated variety)</i>	Vedi Varietà. Termine adottato internazionalmente dalla sintesi delle parole <i>cultivated</i> e <i>variety</i> . Termine utilizzato indistintamente per varietà migliorate o locali, purché coltivate.
<b>DAF</b>	<i>DNA Amplification Fingerprinting</i>	Tecnica di rilevamento di marcatori RAPD, in cui i prodotti di amplificazione PCR sono separati su gel di acrilamide in combinazione con una colorazione a base di nitrato di argento.
<b>DERIVA GENETICA</b>		È quella parte di evoluzione di una popolazione dovuta a modificazioni casuali, generazione dopo generazione, delle frequenze geniche e genotipiche: è di entità tanto maggiore quanto più piccola è la popolazione.
<b>DESCRIZIONE MORFOLOGICA</b>		Vedi caratterizzazione morfologica.
<b>DIVERSITÀ BIOLOGICA</b>		Vedi Biodiversità
<b>DIVERSITÀ DELLE SPECIE</b>		La diversità legata all'esistenza di specie diverse (per esempio il numero di specie diverse).
<b>DIVERSITÀ GENETICA</b>	<i>Genetic diversity</i>	Vedi Biodiversità
<b>DNA</b>		Acido DesossiriboNucleico: è il depositario dell'informazione genetica ed è composto da due catene di deossiribonucleotidi avvolte a costituire una doppia elica; le molecole del DNA sono capaci di autoreplicazione.
<b>DNA RICOMBINANTE</b>		Molecole di DNA nelle quali, con l'ausilio di tecniche di ingegneria genetica, sono state inserite sequenze nucleotidiche precedentemente assenti in quella determinata cellula vivente. Frequentemente in una molecola di DNA ricombinante sono presenti sequenze provenienti da organismi appartenenti a specie differenti o anche filogeneticamente lontane dalla specie oggetto di manipolazione genetica.
<b>DOMESTICAZIONE</b>		Processo attraverso cui una specie selvatica viene adattata alle specifiche esigenze e condizioni della coltivazione o dell'allevamento.
<b>DOMINANZA</b>		In genetica si riferisce ad una particolare interazione allelica in cui uno dei due alleli (dominante) "maschera" l'altro, che è detto recessivo.
<b>ECOTIPO</b>		È una popolazione spontanea, adattata ad un determinato ambiente (di solito geograficamente limitato) indipendentemente dall'intervento umano che, invece, è determinante nella varietà locale
<b>ECPGR</b>	<i>European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources</i>	Si tratta di un programma di collaborazione tra i Paesi della Regione Europea (che comprende anche Israele, Turchia e i paesi europei dell'ex Unione Sovietica) che ha l'obiettivo di contribuire ad una conservazione razionale ed efficace delle RGV <i>ex situ</i> ed <i>in situ</i> e ad aumentarne il loro utilizzo in Europa. Il Programma, finanziato dai paesi partecipanti e il cui

		Segretariato è ospitato da Bioversity International, è suddiviso in network per coltura o tematici.
<b>EQUILIBRIO GENETICO</b>		La situazione nella quale, nel corso delle successive generazioni, una popolazione mantiene costanti le sue frequenze geniche e genotipiche.
<b>ELETTROFORESI</b>		Tecnica di separazione di macromolecole di interesse biologico (acidi nucleici e proteine) basata sulla loro carica netta. Le macromolecole vengono fissate in una lastra di gel immersa in una soluzione elettrolitica: l'applicazione di una differenza di potenziale permette di separare molecole con carica simile in base al loro peso molecolare.
<b>ENDONUCLEASI DI RESTRIZIONE</b>		Enzima di origine batterica capace di tagliare i legami fosfodiesterici del DNA in corrispondenza di siti specifici di sequenze di basi, producendo frammenti polinucleotidici di dimensioni variabili. Tali sequenze sono generalmente dei palindromi, contengono cioè sequenze di basi a simmetria binaria (hanno la stessa sequenza su entrambi i filamenti quando lette in direzione 5'-3').
<b>ENSE (ora INRAN)</b>		Ente Nazionale delle Sementi Elette, ora accorpato dalla Legge 122/2010 all'INRAN (Istituto Nazionale di Ricerca per gli Alimenti e la Nutrizione), Istituto pubblico di ricerca, vigilato dal Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali, tra i cui compiti è previsto il controllo e la certificazione delle sementi.
<b>EREDITÀ</b>		La trasmissione dei caratteri genetici da genitori a figli.
<b>ERIDATABILITÀ</b>		É - per un determinato carattere - la frazione ereditabile della variabilità manifestata da un gruppo di individui della stessa specie.
<b>ERMAFRODITISMO</b>		Quando un stesso individuo presenta organi riproduttivi sia maschili sia femminili, sullo stesso fiore/infiorecenza o su fiori/infiorecenze separati.
<b>EROSIONE GENETICA</b>	<i>Genetic erosion</i>	Fenomeno per il quale si verifica perdita di diversità genetica entro sistema (perdita di specie), entro specie (perdita di razze/varietà/popolazioni), ed entro popolazione (perdita di alleli). Per le specie coltivate è frequentemente conseguenza dell'affermarsi di poche varietà e la scomparsa della coltivazione dei tipi locali. L'esasperazione dell'erosione genetica porta all'estinzione di popolazioni, specie e sistemi.
<b>ESFY-P</b>	<i>European Stone Fruit Yellow Phytoplasma</i>	Fitoplasma che colpisce le drupacee e si manifesta con un ingiallimento fogliare.
<b>EST</b>	<i>Expressed Sequence Tag</i>	Sequenza etichettata espressa. Frammenti di cDNA ottenuti a partire da mRNA isolato da cellule di tessuti specifici in un determinato momento del loro sviluppo.

<b>ESPRESSIONE GENICA</b>		È l'espressione di un gene, equivale a dire la manifestazione del carattere che il gene controlla. Non tutti i geni di un individuo sono "espressi", cioè il carattere da essi controllato non si manifesta.
<b>ESTINZIONE</b>		Vedi "Erosione genetica"
<b>ETEROZIGOSI</b>		Situazione per cui gli alleli di uno stesso gene sono diversi fra di loro. Nel caso in cui le forme alleliche siano uguali fra di loro si ha una situazione di omozigosi.
<b>ETEROZIGOTE</b>		Individuo che presenta forme alleliche diverse ad un certo locus.
<b>EURISCO</b>		EURISCO è un web-catalogo europeo delle RGV basato sulle Informazioni provenienti da tutte le collezioni <i>ex situ</i> mantenute in Europa. EURISCO è fondato su un network europeo di inventari nazionali <i>ex situ</i> ( <i>National Inventories</i> - NIs) che rendono i dati della biodiversità europea disponibili ovunque nel mondo. L'infrastruttura centrale di EURISCO è stata sviluppata con <i>software open-source</i> .
<b>EVOLUZIONE</b>		In senso darwiniano è il processo, ancora in atto, per il quale dalle forme viventi elementari primitive si passa a forme sempre più complesse per l'affermazione - generazione dopo generazione - dei mutanti meglio adattati all'ambiente.
<b>FENOTIPO</b>		È l'espressione visibile di un genotipo, risultato dell'interazione tra il genotipo e l'ambiente.
<b>FITOPLASMA</b>		Sono microrganismi patogeni delle piante, simili a batteri, dai quali differiscono per l'assenza di parete cellulare e per le dimensioni solitamente più piccole. Possono svilupparsi esclusivamente su tessuto vivo di un ospite: occupano il floema dei vegetali e sono sistemici. A differenza dei virus, i fitoplasmii possiedono un proprio metabolismo, tuttavia è assai ridotto tale che molte molecole vitali, indispensabili per la loro sussistenza, devono esser acquisite da cellule dell'ospite (vitalità biotrofica obbligata).
<b>GENE</b>	<i>Gene</i>	Unità ereditaria funzionale costituita da una frazione della molecola del DNA che generalmente presiede alla sintesi di una particolare catena polipeptidica (proteina).
<b>GENE POOL</b>		Vedi "Pool genico"
<b>GENOMA</b>		Informazione genetica contenuta in una serie di cromosomi di una determinata specie (genoma nucleare). Esiste anche un genoma citoplasmatico (mitocondriale e plastidiale).
<b>GENOTIPO</b>		Costituzione genetica di un individuo come risulta dall'insieme dei suoi geni. L'interazione fra genotipo e ambiente dà il fenotipo.

<b>GERMINABILITÀ</b>		Percentuale di semi in grado di germinare in particolari condizioni, entro un determinato periodo, secondo le norme indicate dai Metodi Ufficiali di Analisi per le Sementi.
<b>GERMOPLASMA</b>	<i>Germplasm</i>	Vedi Risorse Genetiche
<b>GMO</b>	<i>Genetic Modified Organism</i>	Vedi OGM - Organismo Geneticamente Modificato
<b>GRUPPO DI ASSOCIAZIONE</b>	<i>Linkage group</i>	Gruppi di associazione. Insieme di geni ubicati sullo stesso cromosoma che tendono ad essere ereditati insieme.
<b>HAIRLOOM</b>	<i>Hairloom</i>	"Gioiello di famiglia", specie i cui semi sono stati donati come dono speciale con l'obiettivo di tramandarne la coltivazione e usarne il prodotto secondo le conoscenze della tradizione.
<b>IBRIDAZIONE</b>		Secondo il concetto mendeliano ha lo stesso significato di incrocio. Si parla di ibridazione anche in riferimento ad incroci tra specie diverse (vedi Incrocio). L'ibridazione può avvenire naturalmente o essere ottenuta con l'intervento dell'uomo.
<b>IBRIDO</b>	<i>Hybrid</i>	Individuo risultante dall'unione di gameti differenti per uno o più alleli (vedi Ibridazione e Incrocio).
<b>IDEOTIPO</b>		Individuo ideale (pianta o animale) che incorpora tutte le caratteristiche positive che costituiscono l'obiettivo finale del lavoro di miglioramento genetico.
<b>IMPRONTA GENETICA</b>	<i>Fingerprinting</i>	Identificazione univoca di singoli individui in una data specie, in base ai profili dei marcatori molecolari rilevati.
<b>INCROCIO</b>	<i>Cross</i>	Unione sessuale fra due individui (parentali). Quando i parentali appartengono alla stessa specie si parla di incrocio intraspecifico. Quando appartengono a specie diverse o generi diversi si parla di incrocio interspecifico o intergenerico, rispettivamente. Un esempio di incrocio interspecifico è quello fra frumento tenero ( <i>Triticum aestivum</i> ) e frumento duro ( <i>Triticum durum</i> ), un esempio di incrocio intergenerico è quello fra segale ( <i>Secale cereale</i> ) e frumento duro ( <i>T. durum</i> ), che ha dato origine ad una nuova specie chiamata tritcale. Di solito il frutto dell'incrocio interspecifico o intergenerico è parzialmente o totalmente sterile.
<b>INCROCIO INTERGENERICO</b>		Fra specie appartenenti a generi diversi. Vedi incrocio.
<b>INCROCIO INTERSPECIFICO</b>		Fra specie diverse entro lo stesso genere. Vedi Incrocio.
<b>INCROCIO INTRASPECIFICO</b>		Fra varietà diverse entro la stessa specie. Vedi Incrocio.

<b>INGEGNERIA GENETICA</b>	<i>Genetic engineering</i>	L'uso di tecniche in vitro per produrre molecole di DNA che contengono nuove combinazioni di geni o di altre sequenze entro cellule viventi tale da renderle capaci di produrre nuove sostanze o di sviluppare nuove funzioni.
<b>INTER-MICROSATELLITE</b>		Vedere I-SSR.
<b>IPR</b>	<i>Intellectual Property Rights</i>	Diritti di proprietà intellettuale. È il sistema di tutela giuridica dei beni immateriali, cioè quei beni legati alla creatività/inventiva dell'uomo (opere d'arte, opere letterarie, invenzioni industriali, modelli, disegni, marchi, ecc.). Sono inclusi in questo ambito i diritti d'autore, i brevetti e i diritti sui marchi.
<b>ISOLAMENTO GENETICO</b>		Impossibilità per un gruppo di individui di una specie di scambiare il proprio patrimonio di geni e quindi di incrociarsi con individui di altre specie dando origine a progenie vitale.
<b>ISOLAMENTO RIPRODUTTIVO</b>		Situazione nella quale gli individui di un gruppo non possono unirsi sessualmente con gli individui di altri gruppi a causa della presenza di una barriera di natura ambientale, morfologica, fisiologica, comportamentale (es. barriere geografiche, sfasamento della maturità riproduttiva, ecc.).
<b>I-SSR</b>	<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>	Inter-sequenze semplici ripetute. Marcatori molecolari multi-locus dominanti basati sulla PCR indicati anche come inter-microsatelliti. Questi marcatori sono generati amplificando il DNA genomico con <i>primers</i> ancorati al 3' e 5' di SSR adiacenti. Il polimorfismo può essere dato dalla lunghezza del DNA compreso tra i due SSR, dal numero di ripetizioni nei singoli SSR, e dalla presenza di basi selettive.
<b>ITPGRFA</b>	<i>International Treaty for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture</i>	Trattato Internazionale sulle Risorse Genetiche Vegetali per l'Alimentazione e l'Agricoltura. Si tratta del trattato internazionale approvato nel corso della Conferenza FAO tenutasi a Roma nel 2001 che pone le basi fondamentali per la gestione, l'utilizzo e la tutela delle Risorse Genetiche Vegetali.
<b>IUCN</b>	<i>International Union for Conservation of Nature</i>	Unione Internazionale per la Conservazione della Natura
<b>LANDRACE</b>	<i>Landrace</i>	Vedi Varietà locale
<b>LINEA PURA</b>		Insieme di individui ottenuti per autofecondazione da un capostipite omozigote.
<b>LOCUS GENOMICO</b>		Termine che designa la posizione di un gene o di un'altra sequenza significativa all'interno di un cromosoma. Il locus può essere occupato da uno qualsiasi degli alleli di un gene.
<b>LTR</b>	<i>Long Term Repeats</i>	Sequenze lunghe ripetute che fiancheggiano l'estremità di un retrotrasposone.



<b>MARCATORE CODOMINANTE</b>		Classe di marcatori molecolari singolo- <i>locus</i> che permettono di distinguere le situazioni eterozigoti da quelle omozigoti.
<b>MARCATORE DOMINANTE</b>		Classe di marcatori molecolari multi- <i>locus</i> che non permettono di distinguere le situazioni eterozigoti da quelle omozigoti.
<b>MARCATORE MOLECOLARE</b>		Frammento di DNA riconducibile ad un <i>locus</i> genomico rilevabile con sonde ( <i>probe</i> ) o inneschi ( <i>primer</i> ), che, in virtù della sua presenza, contraddistingue in maniera univoca il tratto cromosomico in cui risiede. I marcatori molecolari non sono generalmente riferibili all'attività di specifici geni, ma servono a rilevare differenze (polimorfismi) nella sequenza nucleotidica del DNA tra due o più individui.
<b>MATERIALE GENETICO</b>		Materiale di origine animale, vegetale, microbico o di altra origine contenente le unità funzionali dell'eredità.
<b>MICROSATELLITI</b>		Vedere SSR.
<b>MIGLIORAMENTO GENETICO O ALLEVAMENTO VEGETALE</b>	<i>Plant breeding</i>	Attività volta all'ottenimento di nuovo e migliore materiale vegetale, generalmente finalizzata all'ottenimento di varietà commerciali.
<b>MIGLIORATORE GENETICO</b>	<i>Breeder</i>	Soggetto che opera la selezione, con il fine di ottenere nuovo e migliore materiale vegetale.
<b>MINISATELLITI</b>		Vedere VNTR.
<b>MTA</b>	<i>Material Transfer Agreement</i>	Accordo di Trasferimento di Materiale vegetale (ATM). Si tratta di un sistema multilaterale predisposto <i>ad hoc</i> all'interno del Trattato per favorire lo scambio e la condivisione delle RGV per la ricerca e il breeding. Tale sistema multilaterale, al momento, vale però solo per le 64 specie agricole dell'allegato 1 ( <i>annex 1</i> ) del Trattato. La Legge italiana di ratifica di esecuzione del Trattato, all'art. 3, secondo capoverso, prevede che "il MiPAAF ha il compito di riferire sul piano internazionale circa lo stato di applicazione del Trattato e di monitorare gli interventi effettuati dalle Regioni e dalle Province Autonome".
<b>MUTAZIONE GENETICA</b>		Modificazione ereditaria del materiale genetico. Le mutazioni possono riguardare il genoma, il cromosoma o i singoli geni. Grazie alle mutazioni è possibile l'evoluzione.
<b>OGM</b>	<i>GMO. Genetic Modified Organism</i>	Organismo Geneticamente Modificato. Sono organismi che hanno subito una modificazione genetica in seguito all'applicazione di tecniche di ingegneria genetica. Sono definiti "transgenici" nel caso in cui il gene/i geni inserito/i proviene/provengono da una specie diversa, mentre sono "cisgenici" quando si tratta della stessa specie.

<b>OMOZIGOSI</b>		Situazione nella quale le due o più forme alleliche di un gene che controlla un carattere sono uguali, i tal caso l'individuo è omozigote per quel carattere. In caso contrario l'individuo è eterozigote per quel carattere. Questa situazione si può verificare per più geni che controllano più caratteri.
<b>OMOZIGOTE</b>		Individuo che presenta la stessa forma allelica ad un certo (o più) locus(i).
<b>PATRIMONIO VARIETALE</b>		Insieme delle varietà di una determinata specie che possono essere usate dagli agricoltori.
<b>PCR</b>	<i>Polymerase Chain Reaction</i>	Reazione a catena della polimerasi: è il termine con cui si identifica la reazione di amplificazione di un frammento di acido nucleico; tale reazione prevede una fase di denaturazione a temperature elevate (94-95° C) per favorire la separazione dei due filamenti che compongono la doppia elica di DNA, una fase di <i>annealing</i> (legame) ad una temperatura dipendente dalle sequenze dei <i>primer</i> utilizzati, per favorirne l'appaiamento alle regioni complementari dei filamenti denaturati e una fase di <i>elongation</i> , ad una temperatura di 72° C, per massimizzare la reazione di replicazione del DNA, catalizzata dalla Taq DNA-polimerasi (termostabile). La reazione viene ripetuta per più cicli al fine di ottenere milioni di copie del materiale genetico di partenza.
<b>PD (PDV)</b>	<i>Prune Dwarf o Prune Dwarf Virus</i>	Virus del nanismo delle drupacee.
<b>PLMVd</b>	<i>Peach Latent Mosaic Viroid</i>	Viroide che colpisce il pesco causando ritardo di fioritura e di maturazione e maculatura sui frutti.
<b>PNRSV</b>	<i>Prunus Necrotic Ringspot Virus</i>	Colpisce le drupacee provocando sintomi vari oltre la necrosi di gemme, foglie, germogli, branche.
<b>POLIMORFISMO GENETICO</b>		Variazioni/differenze nella sequenza nucleotidica del DNA tra due o più individui di una stessa specie o popolazione. Tali differenze (dovute a inserzioni, delezioni, traslocazioni, duplicazioni, mutazioni puntiformi, ecc.) possono essere rilevate mediante l'uso dei marcatori molecolari.
<b>POPOLAZIONE</b>		Insieme di individui della stessa specie che condivide un <i>pool</i> genico comune, cioè un insieme di alleli comuni.
<b>POPOLAZIONE LOCALE</b>	<i>Local population</i>	Termine frequentemente utilizzato per Varietà locale
<b>POOL GENICO</b>		Il <i>pool</i> genico è definibile come l'insieme delle forme alleliche presenti in una popolazione naturale o coltivata o in un raggruppamento tassonomico superiore. È possibile distinguere 3 pool genici:  1. <i>Pool</i> genico primario (PG1), corrisponde al concetto genetico della specie biologica; entro le forme di questo pool genico gli incroci sono facili, gli ibridi fertili e vitali, e il trasferimento di geni generalmente semplice. Il pool genico primario comprende sia forme spontanee (selvatiche) che coltivate (allevate).

		<p>2. <i>Pool</i> genico secondario (PG2) include specie diverse dalla specie sopra menzionata (PG1). Esse possono essere incrociate con quest'ultima e produrre ibridi parzialmente vitali e fertili. Il trasferimento di geni dal PG1 al PG2 (e viceversa) è pertanto possibile, ma con difficoltà diverse in relazione alla vicinanza genetica fra le specie.</p> <p>3. <i>Pool</i> genico terziario (PG3) include specie assai diverse dalla specie del PG1 che solo raramente possono incrociarsi con essa. Nel caso in cui avvenga l'incrocio gli ibridi sono quasi completamente sterili o non vitali. Il trasferimento di geni da questo pool genico al pool genico primario sono a volte possibili adottando tecniche particolari e/o utilizzando una specie ponte. Per il miglioramento classico questo <i>pool</i> rappresenta di più difficile utilizzo, proprio per la sua distanza genetica dalla pianta coltivata in oggetto.</p>
<b>PPV</b>	<i>Plum Pox Virus</i>	Detto anche Virus della sharka, colpisce albicocco, pesco e susino, raramente il ciliegio.
<b>PRIMER</b>		Innesco: filamento di acido nucleico, utilizzato come innesco per la sintesi del DNA in una reazione di PCR, catalizzata dall'enzima DNA-polimerasi. La sequenza del <i>primer</i> risulta complementare all'estremità 5' o 3' del frammento di DNA da amplificare.
<b>PROBE</b>		Vedi "Sonda"
<b>PRODOTTI TIPICI</b>		Per prodotto tipico agro-alimentare si intende un prodotto caratteristico con un forte legame con l'area geografica in cui nasce e con caratteristiche qualitative molto specifiche, dovute anche ai processi artigianali di lavorazione tramandati da generazioni. Spesso deriva da popolazioni vegetali o razze animali che si differenziano geneticamente da altre.
<b>PRODOTTI TRADIZIONALI</b>		Prodotti agroalimentari le cui metodiche di lavorazione, conservazione e stagionatura risultino consolidate nel tempo, omogenee per tutto il territorio interessato, secondo regole tradizionali, per un periodo non inferiore ai venticinque anni. Il MIPAAF ha redatto l'elenco nazionale dei Prodotti Agroalimentari Tradizionali (DM 18 luglio 2000. GU n. 194 del 21/08/200-Serie Generale).
<b>PROGENITORE SELVATICO</b>	<i>Wild relative</i>	Specie spontanea che ha relazioni filogenetiche con una specie coltivata, in quanto quest'ultima deriva dalla prima nel corso del processo evolutivo.
<b>QTL</b>	<i>Quantitative trait locus</i>	Designa una regione di DNA associata ad un particolare carattere quantitativo, ovvero un carattere poligenico determinato dalla somma dell'azione di più geni, la cui manifestazione fenotipica è variabile ed è influenzata dall'ambiente.
<b>RGV</b>		Risorse Genetiche Vegetali. È la definizione che viene data dal Trattato Internazionale sulle Risorse Genetiche Vegetali: "qualsiasi materiale genetico di origine vegetale che abbia un valore effettivo o potenziale per l'alimentazione e l'agricoltura". In esse sono comprese tutte le forme coltivate, i progenitori selvatici delle forme coltivate, le specie affini non progenitrici di quelle coltivate e le specie spontanee non coltivate, comunque utilizzate dall'uomo per scopi particolari (piante officinali, piante tintorie, ecc.).

<b>RAPD</b>	<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>	DNA polimorfico amplificato a caso. Marcatori molecolari multi-locus dominanti basati sulla PCR. Questi marcatori sono generati amplificando il DNA con un <i>primer</i> a sequenza arbitraria. Il polimorfismo è dato dalla capacità del <i>primer</i> di ibridarsi o meno alle sequenze di DNA. Essendo scarsamente riproducibile questa tipologia di marcatori viene considerata poco affidabile ed obsoleta.
<b>RAZZA</b>		Concetto simile o sinonimo di varietà, di solito usato per le specie animali.
<b>RETROTRASPOSONI</b>		Rappresentano la classe più comune di elementi genetici mobili. Essi si distinguono dalle altre classi di trasposoni per la loro abilità nel muoversi via un RNA intermedio che è convertito in DNA prima della reinserzione. La trasposizione di questi elementi dipende infatti dalla formazione di un RNA sul quale opera una trascrittasi inversa, codificata dallo stesso DNA del retrotrasposone, che consente di ottenere un DNA a doppia elica il quale si inserisce poi in una nuova posizione del genoma dell'ospite.
<b>RFLP</b>	<i>Restriction Fragment Length Polymorphism</i>	Polimorfismo della lunghezza dei frammenti di restrizione. Marcatori molecolari singolo-locus codominanti basati sull'ibridazione di sonde. Questi marcatori sono generati digerendo il DNA genomico con enzimi di restrizione. I frammenti ottenuti vengono separati mediante elettroforesi e poi trasferiti su apposite membrane; successivamente avviene il lavaggio con una sonda marcata. In seguito ad auto-radiografia è possibile visualizzare l'avvenuta ibridazione o meno della sonda. Il polimorfismo è dato dalla presenza\assenza dei siti di taglio dell'enzima e dalla capacità della sonda di ibridarsi ai frammenti generati.
<b>RNA</b>		Acido RiboNucleico: è l'acido che si forma sullo stampo del DNA e che è implicato nel processo della sintesi proteica e nella formazione di organelli cellulari.
<b>SAMPL</b>	<i>Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci</i>	Amplificazione selettiva di loci microsatellite polimorfici. Marcatori molecolari multi-locus dominanti basati sulla PCR. Marcatori derivanti dagli AFLP la cui rilevazione si basa sull'uso di un <i>primer</i> complementare a due sequenze SSR adiacenti ( <i>primer</i> SAMPL) in combinazione con un normale <i>primer</i> AFLP. La presenza del <i>primer</i> SAMPL fa sì che soltanto i frammenti ristretti-ligati e pre-amplificati che racchiudono al loro interno microsatelliti adiacenti possano fungere da stampo.
<b>SBH</b>	<i>Southern Blot Hybridization</i>	Tecnica basata sulla rilevazione di specifiche sequenze di DNA in una miscela complessa. Prevede il trattamento del DNA di partenza con endonucleasi di restrizione, al fine di ottenere frammenti di diverse dimensioni, separati successivamente su gel d'agarosio o di acrilamide. I frammenti separati sono quindi sottoposti a denaturazione e trasferimento su filtro di nitrocellulosa. Il filtro viene immerso in una soluzione contenente sonde marcate che ibridano con sequenze di DNA complementari.
<b>SBSTTA</b>	<i>Subsidiary Body for the Technical, Technological</i>	Organo sussidiario per la consultazione scientifica, tecnica e tecnologica a supporto della Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD). È gestito dalla <i>Conference of the Parties</i> (COP) ed ha una funzione consultiva.

	<i>and Scientific Advice</i>	
<b>SCAR</b>	<i>Sequence Characterized Amplified Regions</i>	Regioni amplificate di sequenza caratterizzata. Marcatori molecolari singolo-locus codominanti basati sulla PCR. Questi marcatori sono generati amplificando con <i>primers</i> specifici sequenze note. Il polimorfismo è dato dalla presenza/assenza delle sequenze di appaiamento dei <i>primers</i> e dalla dimensione del frammento compreso tra queste.
<b>SEED SAVERS</b>	<i>Seed savers</i>	Letteralmente "salvatore di semi". Cercatore e conservatore informale di vecchie varietà non più coltivate o di varietà locali, comunque di varietà a rischio di erosione genetica. Esistono nel mondo numerose organizzazioni non governative (ONG) che hanno organizzato reti di <i>seed savers</i> per lo scambio di semi delle varietà che necessitano di conservazione. Le più ricche di associati sono Seed Savers Exchange negli USA e Arche Noah in Europa.
<b>SELEZIONE</b>		Qualsiasi processo naturale o artificiale che permette l'incremento in proporzione di alcuni genotipi o gruppi di genotipi nelle generazioni successive, usualmente alle spese di altri genotipi. Nel miglioramento genetico indica la scelta gli individui che daranno origine alla generazione successiva e all'ottenimento di una nuova varietà.
<b>SELEZIONE CONSERVATRICE</b>		Metodo di selezione finalizzata al mantenimento in purezza di una varietà al fine di preservarne le caratteristiche e di produrre il seme di partenza per la produzione di categorie commerciali dello stesso.
<b>SELEZIONE MASSALE</b>		Metodo di selezione che prevede la scelta di individui in base al loro fenotipo all'interno di una popolazione geneticamente variabile.
<b>SEME</b>		Il termine si usa in senso biologico oppure "il termine esprime un concetto biologico". Organo che si sviluppa dall'ovulo dopo la fecondazione, contenente le riserve nutritive e l'embrione da cui trarrà vita una nuova pianta. Nelle Angiosperme è racchiuso nel frutto, mentre nelle Gimnosperme è nudo, protetto da un tegumento.
<b>SEMENTE</b>		Il termine si usa in senso tecnologico. Seme usato per la semina, che di solito ha subito un qualche processo di pulizia e/o condizionamento. Vedi semente certificata.
<b>SEMENTE CERTIFICATA</b>		Sementi assoggettate ai previsti controlli ufficiali o sotto sorveglianza ufficiale da parte di un organismo pubblico appositamente delegato. In Italia la certificazione delle sementi è operata dall'INRAN (ex ENSE) Istituto Nazionale di Ricerca per l'Alimentazione e la Nutrizione – (ex Ente Nazionale Sementi Elette). Le confezioni di sementi certificate sono identificate da un'etichetta ufficiale rilasciata dall'Istituto di certificazione. Per le specie agricole identificate dalla normativa, la certificazione è obbligatoria. In questo caso le categorie ammesse alla commercializzazione sono Pre-Base (PB), Base (B), 1° riproduzione (R1) e, per talune specie, 2° riproduzione (R2). Per le specie ortive oltre a tali categorie è prevista la categoria "sementi standard" soggette a controllo ufficiale per sondaggio.

<b>SNP</b>	<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>	Polimorfismo di singoli nucleotidi: classe di marcatori single-locus, codominanti, basati sulla PCR che permettono di evidenziare polimorfismi riconducibili a differenze di singoli nucleotidi.
<b>SONDA</b>	<i>Probe</i>	Frammento di acido nucleico di lunghezza variabile utilizzato per rilevare determinate sequenze nucleotidiche, complementari alla sonda, nel target di riferimento (DNA o RNA).
<b>SPECIE</b>		Insieme di individui che possono interincrociarsi liberamente fra di loro dando origine ad una progenie illimitatamente fertile e feconda. In genere la specie è geneticamente distinta e riproduttivamente isolata da altre specie.
<b>S-SAP</b>	<i>Sequence-specific amplification polymorphism</i>	Polimorfismo di amplificazione di sequenze specifiche: marcatore derivante dagli AFLP, la cui tecnica di analisi è utilizzata per la rilevazione di retrotrasposoni e permette di analizzare la variabilità connessa alla loro posizione d'inserzione nel genoma, quella dovuta alle regioni fiancheggianti siti di inserzione o variabilità a livello delle sequenze LTR.
<b>SSR</b>	<i>Simple Sequence Repeats</i>	Sequenze semplici ripetute. Marcatori molecolari singolo-locus codominanti basati sulla PCR, comunemente detti microsatelliti. Questi marcatori si basano sull'evidenziare caratteristiche sequenze oligonucleotidiche (2-5 pb) ripetute in serie lungo tutto il genoma. Il marcatore è generato utilizzando <i>primers</i> fiancheggianti la sequenza ripetuta. In questo caso il polimorfismo è dato dal numero di volte che il motivo è ripetuto.
<b>STS</b>	<i>Sequence-Tagged Sites</i>	Siti con sequenza bersaglio nota: classe di marcatori molecolari con sequenza bersaglio nota a cui appartengono i CAPS e gli SCAR (vedi). Tali marcatori sono individuabili mediante una normale PCR. L'origine del polimorfismo è data dalla lunghezza del frammento amplificato.
<b>THERMAL CYCLER</b>		Strumento utilizzato per effettuare reazioni di PCR, dotato di una piastra riscaldante all'interno della quale vengono inserite le provette contenenti le miscele di reagenti con il materiale genetico da amplificare.
<b>TIPICITÀ</b>		L'insieme di caratteristiche uniche di immagine, tradizione, tecnologia, cultura, che sono proprie di uno specifico territorio e che sono alla base delle tecniche di realizzazione di prodotti agricoli e gastronomici.
<b>TRANSGENICO</b>		Organismo che ha ricevuto un DNA da una specie diversa mediante tecniche di ingegneria genetica (è un OGM).
<b>TRATTATO INTERNAZIONALE</b>		Viene così indicato per brevità il Trattato Internazionale sulle Risorse Genetiche Vegetali per l'Alimentazione e l'Agricoltura o ITPGRFA (vedi).
<b>TRASPOSONE</b>		Elemento di DNA mobile all'interno del genoma, cioè in grado di spostarsi da una posizione all'altra.
<b>UPOV</b>	<i>International Union for the Protection of New Varieties of</i>	Acronimo originale francese di <i>Union Internationale pour la Protection des Obtentions Végétale</i> , Unione per la Protezione delle Nuove Varietà di Piante. È una organizzazione intergovernativa, con sede a Ginevra, fondata nel 1961 in occasione della Convenzione Internazionale di Parigi per la

	<i>Plants V</i>	protezione delle nuove varietà di piante. Entrata in vigore nel 1968, è stata poi oggetto di successive revisioni nel 1972, 1978 e 1991 (quest'ultimo in vigore dal 24/4/1998). Scopo dell'UPOV è quello di promuovere un sistema di protezione sui ritrovati vegetali ed assicurare che i membri dell'Unione riconoscano i risultati raggiunti dai costitutori vegetali, concedendogli un diritto di proprietà intellettuale. Inoltre assiste i paesi membri nel processo di implementazione nella propria legislazione nazionale. Aderiscono all'UPOV oltre 50 paesi, fra cui anche l'Italia. Per essere idonee alla protezione, le varietà devono rispondere a requisiti di: novità e distinguibilità dalle varietà già esistenti, uniformità e stabilità ( <a href="http://www.upov.org/index_en.html">http://www.upov.org/index_en.html</a> ).
<b>VALORIZZAZIONE</b>		Processo economico, politico, sociale per il quale un bene (risorsa genetica e/o prodotti da essa derivati) è posto in condizioni di ottenere un valore aggiunto rispetto al suo valore tal quale.
<b>VARIABILITÀ</b>		Il fenomeno per il quale gli individui le popolazioni di una specie si presentano diversi gli uni dagli altri a livello genotipico e/o fenotipico.
<b>VARIETÀ DA CONSERVAZIONE</b>		Concetto di recente coniazione, anche espresso - ma non definito - nella Direttiva 98/85/CE. Varietà, popolazione locale, ecotipo, clone di piante di interesse agricolo minacciati da erosione genetica e varietà di ortive prive di valore intrinseco per la produzione vegetale ai fini commerciali, ma sviluppate per la commercializzazione in condizioni particolari. La definizione comprende, in particolare, le varietà non più presenti nel circuito commerciale.
<b>VARIETÀ LOCALE</b>	<i>Local variety, landrace, folk variety</i>	Una varietà locale di una coltura che si riproduce per seme o per via vegetativa è una popolazione variabile, che è identificabile e usualmente ha un nome locale. Non è stata oggetto di miglioramento genetico "formale", è caratterizzata da un adattamento specifico alle condizioni ambientali di un'area di coltivazione (tollerante a stress biotici e abiotici di quell'area) ed è strettamente associata con gli usi, le conoscenze, le abitudini, i dialetti e le ricorrenze di una popolazione che sviluppa e continua la sua coltivazione.
<b>VARIETÀ MIGLIORATA</b>	<i>Bred variety</i>	Varietà derivata da un processo di miglioramento genetico, frutto di selezione scientificamente operata su una popolazione naturale o su una popolazione derivata da un incrocio. Perché si possa operare un'azione di selezione è necessario disporre di variabilità genetica.
<b>VARIETÀ</b>	<i>Variety, (cultivated variety)</i>	Insieme di piante coltivate, chiaramente distinte per caratteri morfologici, fisiologici, citologici, chimici, ecc., che conservano i loro caratteri distintivi quando riprodotte per via sessuale o asessuale.
<b>VIROIDE</b>		È un agente infettivo simile a un virus, costituito da una piccola molecola di RNA aploide circolare (alcune centinaia di nucleotidi), senza rivestimento capsidico. I viroidi infettano i vegetali e possono essere trasmessi tramite semi, pollini e strumenti agricoli.

<b>VNTR</b>	<i>Variable Number of Tandem Repeats</i>	Numero variabile di sequenze ripetute in tandem. Marcatori molecolari singolo-locus codominanti basati sull'ibridazione di sonde, indicati anche come minisatelliti. Il marcatore viene generato in modo analogo al RFLP ma differisce nel tipo di sonda utilizzata che, in questo caso, è disegnata su sequenze di elementi ripetuti in tandem (10-60 pb). Il polimorfismo deriva dalla presenza/assenza dei siti di taglio dell'enzima e dal numero delle ripetizioni tra questi.
<b>VULNERABILITÀ GENETICA</b>		Mediando un concetto definito dall'IUCN ( <i>International Union for Conservation of Nature</i> , Unione Mondiale per la Conservazione della Natura), la vulnerabilità genetica è l'incapacità di una risorsa genetica a contrastare/adattarsi agli stress biotici e abiotici. Maggiore è l'uniformità genetica di una risorsa, maggiore è la sua vulnerabilità genetica e maggiori sono gli input esterni necessari a difenderla. La vulnerabilità è uno dei tanti criteri usati dall'IUCN per redigere le cosiddette "liste rosse" di specie, appunto, "vulnerabili", cioè a rischio di erosione/estinzione ( <a href="http://www.iucn.org/">http://www.iucn.org/</a> ).
<b>WTO</b>	<i>World Trade Organization</i>	Organizzazione mondiale per il commercio, alla quale aderiscono numerosi governi e che si occupa di negoziare gli accordi commerciali, di redigere le regole per il commercio, di dirimere le controversie commerciali ( <a href="http://www.wto.org">http://www.wto.org</a> ).



## **Allegato 2**

# **ACCORDO STANDARD DI TRASFERIMENTO DI MATERIALE VEGETALE (ASTM)**

**(liberamente tradotto dai testi originali in lingua inglese, spagnola, francese)**

## **Accordo Standard di Trasferimento di Materiale vegetale (*Standard Material Transfer Agreement*)**

Con la risoluzione 2/2006 l'Organo Direttivo del Trattato Internazionale FAO sulle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura ha adottato il 16 giugno 2006 l'Accordo Standard per il Trasferimento del Materiale vegetale (SMTA).

In tale risoluzione sono state richiamate le premesse, gli obiettivi e i termini di riferimento per l'adozione dell'MTA.

In particolare si è fatto riferimento alla parte IV del Trattato riguardo la condivisione dei benefici e l'accesso al Sistema Multilaterale ed alle garanzie di implementazione da parte della Comunità Internazionale. Inoltre sono stati richiamati, quali elementi fondamentali per la predisposizione dell'MTA, gli artt. 12.3a, 12.3b, 12.3g e 13.2d (ii) ed altre rilevanti disposizioni del medesimo Trattato. Inoltre, in aggiunta alla condivisione dei benefici di carattere obbligatorio derivanti dalla commercializzazione, è stata enfatizzata la condivisione dei benefici monetari e non, di tipo volontario, quale elemento cruciale per l'effettiva implementazione del Sistema Multilaterale.

Con l'adozione di questo importante strumento, è stato richiesto al Segretariato del Trattato di monitorare l'implementazione dell'MTA e relazionare all'Organo Direttivo nella III Sessione (2009) circa le modalità di pagamento e la condivisione dei benefici da parte dei Paesi sottoscrittori del Trattato.

Infine la FAO, quale parte terza nello scambio tra donatori e riceventi di materiale vegetale, avrà il compito di far rispettare le regole stabilite nell'MTA sulla base delle direttive che saranno individuate nella prossima Sessione dell'Organo Direttivo prevista nell'anno 2007.

Preambolo.

Considerato che

- Il Trattato Internazionale sulle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura (di seguito indicato come "il Trattato") è stato adottato nella 31<sup>a</sup> Sessione della Conferenza FAO il 3 novembre 2001 ed è entrato in vigore il 29 giugno 2004.
- Gli obiettivi del Trattato sono la conservazione e l'uso sostenibile delle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura e la giusta ed equa condivisione dei benefici derivanti dal loro uso, in armonia con la Convenzione sulla diversità biologica, per l'agricoltura sostenibile e la sicurezza alimentare.

- Le parti contraenti del Trattato, nell'esercizio del loro diritto sovrano sulle loro risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura, hanno stabilito un Sistema Multilaterale in grado di garantire l'accesso facilitato a tali risorse e condividere, in un modo giusto ed equo, i benefici derivanti dall'utilizzazione di queste risorse, su una base di complementarietà e di rafforzamento mutuale.
- Gli artt. 4, 11, 12.4 e 12.5 del Trattato sono tenuti in dovuta considerazione.
- Sono riconosciute le diversità dei sistemi giuridici delle parti contraenti con rispetto delle loro regole procedurali nazionali governanti l'accesso e l'arbitrato, nonché gli obblighi derivanti dalle convenzioni internazionali applicabili a tali regole procedurali.
- L'art. 12.4 del Trattato dispone che l'accesso facilitato nell'ambito del Sistema Multilaterale sarà regolamentato dall'MTA e l'Organo Direttivo del Trattato, nella sua risoluzione 2/2006 del 16 giugno 2006 ha adottato l'Accordo Standard di Trasferimento di Materiale.

#### **ARTICOLO 1. PARTI DELL'ACCORDO**

1.1 Il presente Accordo di Trasferimento di Materiale (di seguito indicato come "questo Accordo") è l'Accordo Standard di Trasferimento di Materiale previsto dall'art. 12.4 del Trattato.

1.2 Questo Accordo è

TRA: (nome e indirizzo del donatore o dell'istituzione donante, nome ed ufficio ed altre informazioni del funzionario autorizzato) (di seguito menzionato come "il Donatore"),

E: (nome e indirizzo del ricevente o dell'istituzione ricevente, nome ed ufficio ed altre informazioni del funzionario autorizzato) (di seguito menzionato come "il Ricevente").

1.3 Le parti di questo Accordo stabiliscono quanto segue:

#### **ARTICOLO 2. DEFINIZIONI**

In questo Accordo le espressioni di seguito riportate avranno il seguente significato:

- ✓ **Disponibile senza restrizione:** un Prodotto è considerato disponibile senza restrizione ad altri per ricerca e breeding quando il medesimo è disponibile per ricerche e breeding senza alcuna obbligazione legale o contrattuale, o restrizioni tecnologiche, che precluderebbero il loro uso secondo quanto specificato nel Trattato.

- ✓ **Materiale genetico:** si intende il materiale di origine vegetale, includendo il materiale riproduttivo e di propagazione vegetativa, contenente unità funzionali di eredità.
- ✓ **Organo Direttivo:** si intende l'Organo Direttivo del Trattato.
- ✓ **Sistema multilaterale:** si intende il Sistema Multilaterale stabilito dall'art. 10.2 del Trattato .
- ✓ **Risorse Genetiche Vegetali per l'Alimentazione e l'Agricoltura:** si intende ogni materiale genetico di origine vegetale con valore attuale o potenziale per l'alimentazione e l'agricoltura.
- ✓ **Risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo:** si intende il materiale derivato dal Materiale, e distinto da esso, non ancora pronto per la commercializzazione e per il quale il miglioratore abbia intenzione di proseguirne lo sviluppo o di trasferirlo ad altra persona o entità per proseguirne lo sviluppo. Il periodo di sviluppo per le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo sarà considerato concluso quando queste risorse sono commercializzate sotto forma di prodotto.
- ✓ **Prodotto:** si intende una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura che incorpora il Materiale o qualsiasi delle sue parti o componenti genetiche che sono pronte per la commercializzazione, escludendo prodotti di base (commodities) ed altri prodotti usati per l'alimentazione umana, animale e per la trasformazione.
- ✓ **Vendita:** si intende il fatturato lordo risultante dalla commercializzazione del Prodotto o Prodotti, attraverso il Ricevente suoi affiliati licenziatari, affittuari ed altro.
- ✓ **Commercializzare:** si intende vendere un Prodotto o Prodotti per fini monetari nel Mercato aperto e "commercializzazione" ha un significato equivalente. Commercializzazione non includerà alcuna forma o trasferimento di risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo.

### **ARTICOLO 3. MATERIA OGGETTO DELL'ACCORDO STANDARD DI TRASFERIMENTO DEL MATERIALE**

Le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura specificate nell'*annex* 1 a questo Accordo (di seguito indicate come "il Materiale") e la disponibilità delle informazioni relative riferite all'art. 5b e all'annesso 1 sono trasferite dal Donatore al Ricevente secondo i termini e le condizioni fissate in questo Accordo.

#### **ARTICOLO 4. DISPOSIZIONI GENERALI**

4.1 Questo Accordo è concluso entro il quadro del Sistema Multilaterale e sarà implementato ed interpretato conformemente agli obiettivi ed alle disposizioni del Trattato.

4.2 Le parti riconoscono che esse sono assoggettate all'applicabilità di procedure e misure legali, che sono state adottate da parte delle parti contraenti al Trattato, in conformità con il Trattato ed in particolare con quanto previsto dagli artt. 4, 12.2 e 12.5 dello stesso Trattato.

4.3 Le parti a questo Accordo riconoscono che (l'entità designata dall'Organo Direttivo) agisce da parte dell'Organo Direttivo del Trattato e del suo Sistema Multilaterale, è la parte terza beneficiaria di questo Accordo.

4.4 La parte terza beneficiaria ha il diritto di richiedere informazioni appropriate come previsto negli artt. 5e, 6.5c, 8.3 e nell'annesso 2 par. 3 di questo Accordo.

4.5 Il diritto concesso al/alla (entità designata dall'Organo Direttivo) suddetto non impedirà al Fornitore ed al Ricevente di esercitare il proprio diritto all'interno di questo Accordo.

#### **ARTICOLO 5. DIRITTI E OBBLIGHI DEL FORNITORE**

Il Fornitore trasferirà il Materiale con rispetto alle seguenti disposizioni del Trattato:

- a) l'accesso sarà accordato velocemente, senza bisogno di costi aggiuntivi e di tracciabilità per ogni singola accessione o, qualora sia previsto un pagamento, quest'ultimo non eccederà il costo minimo necessario;
- b) tutti i *passport data* disponibili e, soggetti alla legislazione in vigore, ogni altra informazione descrittiva associata e non confidenziale, sarà resa disponibile con le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura fornite;
- c) l'accesso alle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo, inclusi i materiali in corso di sviluppo dagli agricoltori, restano a discrezione del proprio detentore, durante il periodo del proprio sviluppo;
- d) l'accesso alle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura protette da proprietà intellettuale o da altre forme di privativa sarà disposto in coerenza con gli accordi internazionali e con le leggi nazionali;
- e) il Fornitore informerà periodicamente l'Organo Direttivo riguardo gli accordi di trasferimento del materiale movimentato, in accordo con quanto sarà stabilito

dall'Organo Direttivo. Questa informazione sarà resa disponibile dall'Organo Direttivo alla terza parte beneficiaria.

#### **ARTICOLO 6. DIRITTI ED OBBLIGHI DEL RICEVENTE**

6.1 Il Ricevente si impegna affinché il Materiale sia usato e conservato unicamente per fini di ricerca, breeding e allevamento per l'alimentazione e l'agricoltura. Tra gli obiettivi non saranno inclusi usi chimici, farmaceutici e/o altri usi non diretti all'alimentazione umana ed animale.

6.2 Il Ricevente non rivendicherà alcuna proprietà intellettuale o altro diritto che limiti l'accesso facilitato al Materiale in virtù del presente Accordo o sue parti genetiche o suoi componenti, nella forma ricevuta dal Sistema Multilaterale.

6.3 Nel caso che il Ricevente conservi il Materiale ricevuto, lo stesso fornirà il Materiale e le relative informazioni indicate nell'art. 5.b disponibili al Sistema Multilaterale mediante l'uso dell'accordo standard di trasferimento del materiale.

6.4 Nel caso che il Ricevente trasferisca il Materiale ricevuto mediante questo Accordo ad un'altra persona o entità (di seguito indicata come "il ricevente successivo"), lo stesso sarà chiamato a

- a) definire un nuovo Accordo Standard di Trasferimento di Materiale secondo i termini e le condizioni dell'MTA;
- b) notificarlo all'Organo Direttivo in accordo con l'art. 5e.

Nel rispetto con quanto suddetto, il Ricevente non avrà obblighi futuri riguardanti le attività intraprese dal ricevente successivo.

6.5 Nel caso che il Ricevente trasferisca risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo ad un'altra persona o entità lo stesso sarà chiamato a:

- a) farlo attraverso un nuovo Accordo Standard di Trasferimento di Materiale secondo i termini e le condizioni dell'MTA, a patto che l'art. 5c dell'Accordo Standard di Trasferimento del materiale non possa essere applicato;
- b) identificare, nell'annesso I al nuovo accordo di trasferimento del materiale, il Materiale ricevuto dal sistema multilaterale e specificare che le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo che si trasferiscono derivano dallo stesso Materiale;

c) notificare all'Organo Direttivo, secondo quanto previsto dall'art. 5e;

d) non avere alcuna obbligazione riguardanti le attività intraprese dal ricevente successivo.

6.6 L'uso di un accordo di trasferimento di materiale secondo quanto previsto dal paragrafo 6.5 sarà possibile senza pregiudicare il diritto delle parti nel prevedere condizioni aggiuntive, relativamente ai successivi prodotti in corso di sviluppo, includendo, qualora appropriato, il pagamento di denaro.

6.7 Nel caso che il ricevente commercializzi un Prodotto che è una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura e che incorpora Materiale come indicato nell'art. 3 di questo Accordo, e qualora tale Prodotto non sia disponibile ad altri senza restrizione per gli obiettivi di ricerca e breeding, il ricevente pagherà una percentuale fissa sulle vendite del Prodotto commercializzato nel meccanismo stabilito dall'Organo Direttivo, in accordo con l'allegato 2 di questo Accordo.

6.8 Nel caso che il ricevente commercializzi un Prodotto che è una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura e che incorpora Materiale come indicato nell'art. 3 di questo Accordo, e qualora tale Prodotto sia disponibile ad altri senza restrizione per gli obiettivi di ricerca e breeding, il ricevente sarà incoraggiato ad un pagamento volontario nel meccanismo stabilito dall'Organo Direttivo, in accordo con l'allegato 2 di questo Accordo.

6.9 Il ricevente renderà disponibile al Sistema Multilaterale mediante il sistema informatico disposto dall'art. 17 del Trattato, tutte le informazioni non confidenziali quale risultato delle attività di ricerca e sviluppo condotte sul Materiale, e sarà incoraggiato a condividere i risultati conseguiti da tali ricerche e sviluppo. Dopo la conclusione o l'abbandono del periodo di protezione di un diritto di proprietà intellettuale su un prodotto che incorpora il Materiale, il ricevente è incoraggiato a mettere un campione di questo Prodotto nella collezione che è parte del Sistema Multilaterale, per ricerche e breeding.

6.10 Un ricevente che ottiene un diritto di proprietà intellettuale su dei prodotti sviluppati dal Materiale o dai suoi componenti, provenienti dal Sistema Multilaterale e attribuisce tale diritto di proprietà intellettuale a una parte terza, trasferirà gli obblighi di questo accordo relativi alla condivisione dei benefici alla parte terza.

6.11 Il ricevente può optare, secondo quanto previsto nell'allegato IV, quale alternativa al pagamento previsto dall'art. 6.7, per i seguenti sistemi di pagamento:

- a) il ricevente pagherà una quota scontata durante il periodo di validità dell'opzione;
- b) il periodo di validità dell'opzione sarà di 10 anni, rinnovabile, secondo quanto previsto dall'allegato III di questo accordo;
- c) il pagamento sarà calcolato sulla vendita dei prodotti e sulla vendita di ogni altro prodotto che è una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura appartenente alla stessa specie, come stabilito nell'allegato I del Trattato, al quale il Materiale indicato nell'allegato I di questo Accordo appartiene;
- d) il pagamento sarà effettuato indipendentemente se il prodotto sia disponibile o meno senza restrizione;
- e) il pagamento rateale ed ogni altro termine o condizione applicabile a questa opzione, incluse le quote scontate, sono fissate nell'allegato III a questo Accordo;
- f) il ricevente sarà esonerato da ogni obbligo di pagamento previsto dall'art. 6.7 di questo Accordo o di precedenti o successivi Accordi Standard di Trasferimento di Materiale già iniziati con riferimento alla stessa specie;
- g) dopo la fine del periodo di validità di questa opzione il ricevente effettuerà il pagamento sui prodotti che incorporano materiale ricevuto durante il periodo nel quale questo articolo era in vigore, quando tali prodotti non sono disponibili senza restrizione. Questi pagamenti saranno calcolati secondo lo stesso criterio stabilito nel paragrafo a) suddetto;
- h) il ricevente notificherà all'Organo Direttivo che egli ha optato per questa modalità di pagamento. Se non viene notificata l'opzione sarà applicata la modalità di pagamento specificata nell'art. 6.7.

#### **ARTICOLO 7. DIRITTO APPLICABILE**

Il diritto applicabile include i Principi Generali della Giurisprudenza, includendo i principi UNIDROIT dei contratti commerciali internazionali 2004, gli obiettivi e le rilevanti disposizioni del Trattato, e, qualora necessario per le opportune interpretazioni, le decisioni dell'Organo Direttivo.



## **ARTICOLO 8. CONTENZIOSI**

- 8.1 I contenziosi possono essere avviati da parte del fornitore o del ricevente o dell'entità designata dall'Organo Direttivo agente da parte dell'Organo Direttivo del Trattato e del suo Sistema Multilaterale.
- 8.2 Le parti di questo accordo concordano che l'entità designata dall'Organo Direttivo, rappresentante l'Organo Direttivo e il Sistema Multilaterale, ha il diritto, come parte terza beneficiaria, di avviare procedure di indagine riguardanti diritti ed obblighi del fornitore e del ricevente previsti da questo Accordo.
- 8.3 La parte terza beneficiaria ha il diritto di richiedere che appropriate informazioni, includendo qualora necessario anche campioni vegetali, siano rese disponibili dal fornitore e dal ricevente, riguardo i loro obblighi nel contesto di questo accordo. Ogni informazione o campione così richiesto sarà, se del caso, disposto dal fornitore e dal ricevente.
- 8.4 Ogni contenzioso derivante da questo accordo sarà risolto nei seguenti modi:
- a) accordo amichevole: le parti cercheranno, in buona fede, di risolvere il contenzioso attraverso negoziazioni;
  - b) mediazione: se il contenzioso non è stato risolto attraverso negoziazione le parti possono scegliere la mediazione attraverso una parte terza neutrale che è il mediatore scelto di comune accordo;
  - c) arbitrato: se il contenzioso non è stato risolto tramite la negoziazione o la mediazione ogni parte può ricorrere all'arbitrato mediante le Regole di Arbitrato di un Ente internazionale riconosciuto dalle parti in questione. In mancanza di tale accordo, il contenzioso sarà concluso considerando le Regole di Arbitrato della Camera di Commercio Internazionale mediante la scelta di uno o più arbitri in accordo con le dette regole. Ogni parte del contenzioso può, qualora deciso, nominare il suo arbitro dalla lista di esperti che l'Organo Direttivo sarà chiamato a stabilire per tale attività; ambedue le parti o gli arbitri nominati da loro, possono accordarsi nominando un arbitro unico o un arbitro presidente, secondo il caso, da tale lista dei esperti. Il risultato di tale arbitrato sarà vincolante.

## ARTICOLO 9. TEMATICHE AGGIUNTIVE

### Garanzie

9.1 Il fornitore non garantirà sicurezza o indicazioni del Materiale né la correttezza dei dati del passaporto che accompagna il Materiale. Né sarà garantita la qualità, vitalità o la purezza (genetica o meccanica) del materiale fornito. La condizione fitosanitaria del Materiale è garantita unicamente come descritta nel certificato fitosanitario che accompagna il Materiale. Il ricevente assume tutte le responsabilità per uniformarsi con le regole di biosicurezza e quarantena delle nazioni che ricevono il materiale nonché con quelle di import e commercializzazione del materiale genetico.

### Durata dell'accordo

9.2 Questo accordo resterà in vigore fino a quando resterà in vigore il Trattato.

## ARTICOLO 10. FIRME/ACCETTAZIONE

Il fornitore e il ricevente possono scegliere il metodo di accettazione a meno che ogni parte richieda che questo accordo debba essere firmato.

### Opzione 1. Firma

Io (nome completo del funzionario autorizzato), rappresento e garantisco di avere l'autorità ad attuare questo Accordo da parte del **fornitore** e sono consapevole della responsabilità della mia istituzione e degli obblighi a conformarmi alle disposizioni di questo Accordo, nella forma e nel principio, al fine di promuovere la conservazione e l'uso sostenibile delle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura.

Firma.....

Data.....

Nome del fornitore.....

---

Io (nome completo del funzionario autorizzato), rappresento e garantisco di avere l'autorità ad attuare questo Accordo da parte del **ricevente** e sono consapevole della responsabilità della mia istituzione e degli obblighi a conformarmi alle disposizioni di questo Accordo, nella forma e nel principio, al fine di promuovere la conservazione e l'uso sostenibile delle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura.

Firma.....

Data.....

Nome del ricevente.....

---

**Opzione 2. Accordo Standard di Trasferimento di Materiale. Involucro sigillato o sotto plastica (*Shrink wrap contracts*)**

Il Materiale è fornito alle condizioni di accettazione dei termini di questo Accordo. L'uso e l'accettazione da parte del Fornitore e del Ricevente del Materiale costituiscono l'accettazione dei termini di questo Accordo.

**Opzione 3. Accordo Standard di Trasferimento di Materiale elettronico (*Click-wrap*)**

- ***Shrink wrap contracts***: contratti o accordi di licenza o altri termini e condizioni di natura contrattuale che possono essere solo letti e accettati dal consumatore dopo l'apertura del medesimo prodotto. Il termine descrive la pellicola di plastica usata per scatole di software anche se questi contratti non sono limitati al solo settore informatico.
- ***Web-wrap, click-wrap e browse-wrap***: sono termini correlati che si riferiscono a contratti di licenza del software che viene scaricato e utilizzato su Internet.

## **Annex 1**

### **Lista dei materiali forniti**

Questo allegato contiene una lista del Materiale fornito nell'ambito di questo Accordo, incluse le informazioni ad esso associate menzionate nell'art. 5b.

Queste informazioni sono di seguito indicate o possono essere consultabili al seguente website:

<http://www.planttreaty.org/content/article-xiv>.

Le seguenti informazioni sono incluse per ogni materiale elencato: tutti i dati del passaporto disponibili e, soggetto alle leggi applicabili, ogni altra informazione descrittiva, associata, disponibile e non confidenziale.

### **ELENCO DELLE SPECIE COLTIVATE INCLUSE NEL SISTEMA MULTILATERALE**

**Specie coltivate alimentari (dove non è indicata la specie si intendono tutte le specie del genere)**

Albero del pane (*Artocarpus*)

Asparago (*Asparagus*)

Avena (*Avena*)

Barbabietola (*Beta*)

Brassica, *Brassica* spp., sono compresi i generi *Brassica*, *Armoracia*, *Barbarea*, *Camelina*, *Crambe*, *Diplotaxis*, *Eruca*, *Isatis*, *Lepidium*, *Raphanobrassica*, *Raphanus*, *Rorippa* e *Sinapis*. Si tratta di oleaginose e ortaggi quali il cavolo, il colza, la senape, il crescione, la rucola, il ravanello, la rapa. La specie *Lepidium meyenii* (maca) è esclusa.

Caiano (*Cajanus*)

Cece (*Cicer*)

Agrumi, *Citrus* compresi, come portainnesto, *Poncirus* e *Fortunella*.

Noce di cocco (*Cocos*)

Principali aracee (*Colocasia*, *Xanthosoma*)

Principali aracee: taro, colocasia, cavolo caraibico, malanga

Carota (*Daucus*)

Ignome (*Dioscorea*)

Miglio africano (*Eleusine*)

Fragola (*Fragaria*)  
Girasole (*Helianthus*)  
Orzo (*Hordeum*)  
Patata dolce (*Ipomoea*)  
Cicerchia, pisello quadrato (*Lathyrus*)  
Lenticchia (*Lens*)  
Mela (*Malus*)  
Manioca, *Manihot*, unicamente la *Manihot esculenta*  
Banana/banana da farina *Musa*, tranne la *Musa textilis*  
Riso (*Oryza*)  
Miglio perlato (*Pennisetum*)  
Fagiolo, *Phaseolus* tranne il *Phaseolus polyanthus*.  
Pisello (*Pisum*)  
Segale (*Secale*)  
Patata, *Solanum*, compresa la sezione *Tuberosa* ed esclusa la *Solanum phureja*.  
Melanzana, *Solanum*, compresa la sezione *Melongena*.  
Sorgo (*Sorghum*)  
Triticale (*Triticosecale*)  
Frumento *Triticum* spp. compresi *Agropyron*, *Elymus* e *Secale*.  
Fava /Veccia *Vicia* Niebè spp. e *Vigna*  
Mais, *Zea*, ad eccezione di *Zea perennis*, *Zea diploperennis* e *Zea luxurians*.

### **Specie da foraggio**

#### LEGUMINOSE

*Astragalus chinensis*, *cicer*, *arenarius*  
*Canavalia ensiformis*  
*Coronilla varia*  
*Hedysarum coronarium*  
*Lathyrus cicera*, *ciliolatus*, *hirsutus*, *ochrus*, *odoratus*, *sativus*  
*Lespedeza cuneata*, *striata*, *stipulacea*

*Lotus corniculatus, subbiflorus, uliginosus*

*Lupinus albus, angustifolius, luteus*

*Medicago arborea, falcata, sativa, scutellata, rigidula, truncatula*

*Melilotus albus, officinalis*

*Onobrychis viciifolia*

*Ornithopus sativus*

*Prosopis affinis, alba, chilensis, nigra, pallida*

*Pueraria phaseoloides*

*Trifolium alexandrinum, alpestre, ambiguum, angustifolium, arvense, agrocicerum, hybridum, incarnatum, pratense, repens, resupinatum, rueppellianum, semipilosum, subterraneum, vesiculosum*

#### GRAMINACEE

*Andropogon gayanus*

*Agropyron cristatum, desertorum*

*Agrostis stolonifera, tenuis*

*Alopecurus pratensis*

*Arrhenatherum elatius*

*Dactylis glomerata*

*Festuca arundinacea, gigantea, heterophylla, ovina, pratensis, rubra*

*Lolium hybridum, multiflorum, perenne, rigidum, temulentum*

*Phalaris aquatica, arundinacea*

*Phleum Pratense*

*Poa alpina, annua, pratensis*

*Tripsacum Laxum*

#### ALTRE SPECIE

*Atriplex halimus, nummularia*

*Salsola Vermiculata*

## ***Annex 2***

### **Tariffa e modalità di pagamento previsti dall'art. 6.7 di questo Accordo**

1. Se un ricevente, suoi affiliati, licenziatari e contraenti, commercializzano un prodotto o prodotti lo stesso ricevente pagherà l'1,1% della vendita del prodotto o prodotti meno un 30%; eccezionalmente non sarà previsto un pagamento sul prodotto o prodotti che:
  - a) sono disponibili ad altri senza restrizione per ricerca e breeding secondo quanto previsto dall'art. 2 di questo accordo;
  - b) sono stati acquistati o in altro modo ottenuti da altre persone o entità le quali hanno già effettuato un pagamento sul prodotto o sui prodotti o sono esentati dagli obblighi di pagamento previsti al sottoparagrafo suddetto (a);
  - c) sono venduti o commercializzati come prodotti di base (*commodity*).
2. Qualora un prodotto contenga una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura prelevato dal Sistema Multilaterale mediante due o più accordi di Trasferimento di Materiale basato sull'MTA solo un pagamento sarà richiesto secondo quanto stabilito dal suddetto paragrafo 1.
3. Il ricevente fornirà all'Organo Direttivo, entro sessanta (60) giorni dopo la fine di ogni anno solare 31 dicembre, un rapporto annuale nel quale sia indicato:
  - a) la vendita del prodotto o dei prodotti da parte del ricevente suoi affiliati, licenziatari e contraenti per un periodo di dodici mesi e comunque non oltre il 31 dicembre di ogni anno;
  - b) l'ammontare del pagamento dovuto;
  - c) le informazioni che consentono l'identificazione di ogni eventuale restrizione all'origine del pagamento nell'ambito del concetto della distribuzione dei benefici.
4. Il pagamento sarà dovuto e possibile a partire dalla sottomissione di ogni rapporto annuale. Tutti i pagamenti dovuti all'Organo Direttivo saranno possibili in (moneta da specificare) per il conto di (il conto fiduciario o altro meccanismo stabilito dall'Organo Direttivo in accordo con l'art. 19.3f del Trattato).

### ***Annex 3***

#### **Termini e condizioni del pagamento alternativo previsto dall'art. 6.11 di questo Accordo.**

1. La tariffa scontata per il pagamento effettuato secondo quanto previsto all'art. 6.11 sarà pari allo 0,5% della vendita dei prodotti e della vendita di altri prodotti che sono risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura appartenenti alla stessa specie, come indicato nell'allegato 1 del Trattato ed al quale il Materiale riferito nell'allegato 1 di questo Accordo appartiene.
2. Il pagamento sarà disposto in accordo con le istruzioni bancarie indicate al paragrafo 4 dell'allegato 2 a questo Accordo.
3. Quando il ricevente trasferisce una risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo, il trasferimento sarà effettuato a condizione che il successivo ricevente pagherà, nel meccanismo stabilito dall'Organo Direttivo in riscontro all'art. 19.3f del Trattato, lo 0,5% della vendita del prodotto derivato da tale risorsa genetica vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura in corso di sviluppo, sia esso disponibile o non disponibile senza restrizione.
4. Almeno sei mesi prima della fine del periodo dei dieci anni dalla sottoscrizione di questo Accordo ed inoltre, sei mesi prima della fine del successivo periodo di cinque anni, il ricevente potrà notificare all'Organo Direttivo la sua decisione di opzione per rinunciare all'applicazione di questo articolo. Tale notifica dovrà essere comunque inoltrata anche per comunicare la fine dei rispettivi periodi. Qualora il Ricevente abbia optato per questo articolo ed abbia sottoscritto un altro Accordo Standard di Trasferimento di Materiale, il periodo decennale di durata decorrerà dalla data di sottoscrizione del primo Accordo Standard di Trasferimento di Materiale.
5. Qualora il Ricevente abbia in corso o dia avvio nel futuro ad un Accordo Standard di Trasferimento di Materiale per il Materiale appartenente alla stessa specie, il Ricevente pagherà solo nel meccanismo suddetto la percentuale delle vendite come stabilito in accordo con questo articolo o con lo stesso articolo di un altro Accordo Standard di Trasferimento di Materiale. Non saranno richiesti pagamenti cumulativi.



#### ***Annex 4***

**Opzione per il pagamento per specie in alternativa allo schema di pagamento previsto  
dall'art. 6.11 di questo Accordo**

Io (nome completo del Ricevente o del funzionario autorizzato dal Ricevente) dichiaro di optare  
per il pagamento previsto dall'art. 6.11 di questo Accordo.

Firma .....

Data .....

## **Allegato 3**

# **PROPOSTA DI ACCORDO SEMPLIFICATO DI TRASFERIMENTO DEI MATERIALI VEGETALI PER USO DIRETTO**

Si tratta di una proposta rivolta alle Regioni per gestire la tracciabilità/rintracciabilità delle risorse genetiche vegetali per uso diretto, richieste da e per enti di ricerca, agricoltori singoli o associati, privati cittadini. Resta l'obbligo d'uso del ASTM per qualsiasi trasferimento di materiale vegetale per l'alimentazione e l'agricoltura appartenente alle specie elencate nell'Allegato 1 del Trattato internazionale sulle risorse fitogenetiche per scopi di ricerca, didattico e breeding sotto la gestione e controllo delle Parti contraenti del Trattato e di dominio pubblico.

Spett.le

.....  
.....

**(ente che conserva la risorsa genetica, quali banca dei semi, campo collezione, altri)**

**Oggetto:** richiesta di materiale genetico.

Il sottoscritto

.....  
**(colui che richiede il materiale all'ente che lo conserva; può essere un comune cittadino, un agricoltore, un amatore, uno studioso, un ente di ricerca/sperimentazione)**

Nato a ....., il .....

Residente in .....

In rappresentanza di .....

Con sede in .....

---

## DICHIARA CHE

la presente richiesta di materiale genetico, relativa a

- specie .....
- varietà/razza .....
- per un quantitativo di ..... (quantità, numero individui, .....

## AVVIENE A SCOPO

- hobbistico/amatoriale,
- coltivazione diretta,
- di conservazione,

**(segnare con una croce le voci interessate)**

Il sottoscritto:

- si impegna ad informare in modo puntuale e preciso circa risultati e informazioni sul materiale genetico ricevuto e la destinazione e l'uso del prodotto raccolto;
- nel caso l'uso non si esaurisca in un ciclo colturale, si impegna a darne comunicazione per gli eventuali ciclo colturali successivi;
- dichiara di non assumere alcun diritto sul prodotto di tali risorse genetiche;

- esclude qualsiasi impiego volto alla creazione di organismi geneticamente modificati;

In fede.

Firma e data

## **Allegati 4**

# **DETTAGLI TECNICI DI METODOLOGIE RIPORTATE NELLE LINEE GUIDA**

## Allegato 4.1

# CONSERVAZIONE *EX SITU* DI SPECIE ERBACEE

### 1. Biologia del seme

Il seme, per quanto sembri privo di attività fisiologica, è comunque un organismo vivente con una fisiologia particolare ed un metabolismo estremamente ridotto, ma non arrestato del tutto. Per questa ragione i semi di differenti specie hanno un differente comportamento durante la fase di conservazione. A fini conservativi, occorre distinguere le piante in base alle caratteristiche di conservazione del seme; allo scopo si individuano due categorie di semi: ortodossi e recalcitranti.

**Seme ortodosso:** seme che mantiene per lungo tempo la facoltà germinativa se portato a un ridotto contenuto di umidità e conservato a basse temperature in contenitori ermetici, ossia che impediscano lo scambio di gas e vapore acqueo con l'ambiente di conservazione. In linea di massima, quanto più si abbatta il contenuto d'acqua del seme e si riduce la temperatura di conservazione, tanto più a lungo il seme mantiene intatta la propria capacità germinativa.

L'effetto del contenuto d'acqua del seme in funzione della sua conservazione è sintetizzato nella seguente tabella 1.1.

**Tabella 1.1.** Effetto del contenuto di acqua del seme in funzione della sua conservazione

Contenuto d'acqua del seme	Interazione con la conservazione
< 5%	Aumentato rischio di ossidazione della componente lipidica
5-6%	Livello considerato un buon compromesso per la maggior parte delle specie
6-15%	Aumentano progressivamente le possibilità di sviluppo di microrganismi e funghi saprofiti e/o parassiti
> 18%	La respirazione del seme è molto alta aumentando quindi il suo consumo energetico con conseguente rapida riduzione della vitalità
> 30%	Innesco dei processi di germinazione

I semi ortodossi si conservano molto bene nelle banche di germoplasma, purché sia garantita un'efficace disidratazione, pulizia e temperatura adeguata. Spesso nei magazzini degli agricoltori i semi ortodossi possono essere conservati per qualche tempo (anche qualche un anno, a seconda della specie) purché sia garantita l'assenza di umidità, anche in condizioni di temperatura non

ideali (variazioni stagionali). Il periodo di sopravvivenza, in questo caso, varia da specie a specie e da genotipo a genotipo all'interno della specie. Un esempio limite in tal senso è dato dal successo di ricercatori israeliani nel far geminare semi di dattero, ritrovati in uno scavo archeologico nella fortezza di Masada e datati al radio carbonio circa 2000 anni, i quali avevano conservato la capacità germinativa. La longevità estrema di quei semi potrebbe essere dovuta ad un ridottissimo contenuto d'acqua del seme conseguente alle condizioni di quasi totale aridità che vigono nell'area del ritrovamento, a dispetto delle variazioni estreme di temperatura della zona (Sallon *et al.*, 2008).

**Seme recalcitrante:** seme che perde rapidamente la germinabilità se il contenuto d'acqua scende al di sotto di un livello critico, che dipende dalla specie. Non tollera quindi lunghi periodi di conservazione ed è caratterizzato da tenori idrici molto elevati al momento della disseminazione (Berjak *et al.* 1990). In genere a questa categoria non appartengono specie di piante agrarie, ma quasi esclusivamente piante tropicali, ornamentali o d'interesse forestale (*Araucaria araucana*, *Aesculus hippocastanum*, *Quercus* spp., ecc.). Presenta generalmente peso elevato per l'alto contenuto in acqua, variabile tra il 30 ed il 70%, e dimensioni notevoli.

Si ipotizza che in questi semi la germinazione inizi di fatto al momento stesso della disseminazione, per cui eventuali diminuzioni del loro livello di umidità provocano gli stessi danni che provoca la siccità post-germinativa ai semi ortodossi, e che l'evoluzione del processo germinativo possa essere molto lenta (querce), moderatamente veloce (cacao) oppure molto spedita (mangrovie). In conservazione si può solo rallentare questo processo e solo per le specie che siano in grado di sopportarlo (querce, castagno). In ogni caso il tempo di conservazione è limitato ed in nessun modo si può paragonare a quello dei semi ortodossi.

La loro specifica biologia della germinazione e la difficoltà di conservare il seme da un anno all'altro, hanno di fatto impedito la domesticazione delle specie con semi recalcitranti. Tuttavia, l'uomo ha imparato a gestire queste specie attraverso un processo assimilabile alla conservazione *in situ*, accompagnata da un processo di selezione spinta che eliminava gli individui difformi, impedendone la riproduzione. In questa maniera si sono potuti affermare boschi di specie d'interesse per l'uomo con un discreto livello di adattamento alle esigenze umane.

I semi recalcitranti, almeno in alcuni casi, possono essere conservati per un periodo limitato utilizzando specifiche infrastrutture che garantiscono un rallentamento dei processi di

degradazione del seme senza provocare gravi danni. Requisiti importanti per la conservazione di questi semi sono la necessità di mantenere un livello adeguato di areazione dei semi per evitare accumulo di CO<sub>2</sub> e lo sviluppo di parassiti e patogeni, accompagnata dalla necessità di mantenere il livello minimo di idratazione che non faccia subire danni al seme. Solo poche aziende specializzate in essenze naturali e forestali svolgono questo compito (Berjak *et al.*, 1990).

**Quiescenza e dormienza.** La forte riduzione dell'attività metabolica e fisiologica del seme durante il periodo che intercorre tra la dispersione e la germinazione viene definito "quiescenza". La quiescenza è un normale fenomeno fisiologico che si ottiene riducendo drasticamente la respirazione, ovvero quel fenomeno che, grazie ad una serie di processi metabolici, consente di produrre energia dalle componenti di riserva del seme, soprattutto i carboidrati. Con la germinazione, normalmente, la quiescenza s'interrompe, la respirazione aumenta considerevolmente ed il seme consuma le riserve per alimentare il germoglio fino a quando questo diventa autotrofo. L'innesco della germinazione è determinato dall'aumentata disponibilità di acqua del seme, attraverso meccanismi passivi (diffusione delle molecole d'acqua, capillarità, ecc.) ed attivi (trasportatori molecolari, ecc.).

Tuttavia, alcuni semi, soprattutto di piante selvatiche, pur in condizioni ideali ed in perfetto stato di conservazione, non germinano. Questo meccanismo, noto col nome di "dormienza", è un meccanismo di adattamento/evoluzione che garantisce alla pianta di sopravvivere a brevi periodi umidi seguiti da siccità o di superare annate sfavorevoli. In alcuni casi i semi possono restare dormienti nel terreno anche fino a 20 anni, come nel caso della pianta parassita *Orobanche crenata* tipico parassita delle coltivazioni di leguminose (Kebreab e Murdoch, 1999).

La dormienza può essere dovuta a fattori endogeni (fisiologici e genetici) o esogeni (morfologici). Nel primo caso, si possono utilizzare tecniche per rompere la dormienza basate su metodi fisici o chimici. Ad esempio, si può simulare l'avvento dell'inverno sottoponendo i semi imbibiti a temperature di 2-5°C per un periodo da due a diverse settimane. Sono stati individuati specifici geni che "sentono" il freddo e regolano l'azione di altri geni chiave della germinazione. In genere il segnale chimico del freddo attiva qualche componente ormonale. In alcune specie tale segnale è rappresentato dalle giberelline, per cui in molte specie è possibile rompere la dormienza imbibendo i semi in soluzioni diluite (20-200 ppm) di GA<sub>3</sub> (Thomas, 1989).



Nel caso di dormienza dovuta a fattori esogeni, spesso il motivo è da ricercare nello spessore e nella struttura del tegumento che, di fatto, impediscono all'acqua di raggiungere i tessuti vitali del seme. Dopo qualche tempo, grazie all'azione di fattori fisici (sfregamento, ecc.) o biotici (funghi saprofiti, ecc.) il tegumento diviene permeabile consentendo quindi la germinazione. Questo meccanismo si ritrova tipicamente in piante tropicali, ma anche in alcune tipicamente mediterranee. Per superarlo, basta scarificare il seme, mediante una piccola incisione del tegumento in un'area lontana dall'embrione, o mediante abrasione del tegumento usando limette o agenti abrasivi. Nei casi estremi si può dissezionare l'embrione e farlo germinare su apposito mezzo di coltura *in vitro*.

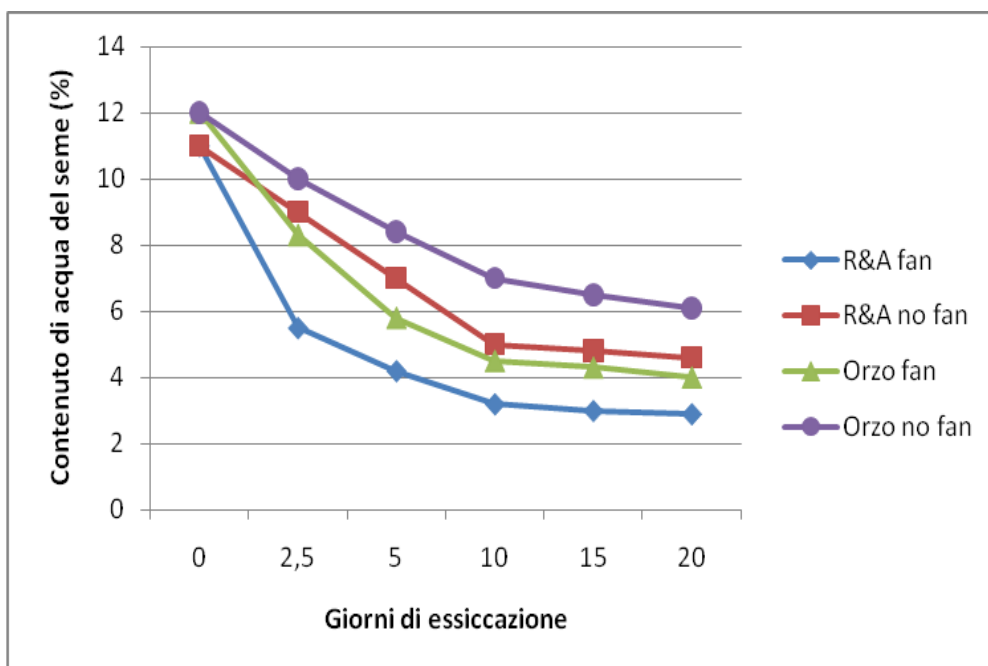
## **2. Gestione dei semi per la conservazione**

I semi, prima della conservazione, devono essere sottoposti ad alcune operazioni preliminari, di cui la più importante è certamente la disidratazione. Il materiale generalmente arriva dal campo con ancora un discreto livello di contenuto d'acqua del seme. Per evitare danni al seme, date le temperature se si tratta di raccolta estiva, i materiali possono essere conservati tal quali in celle fredde a circa 5°C fino al processamento, che comunque dovrebbe essere fatto nel più breve tempo possibile (Linington 2004). Prima di procedere all'essiccazione, i campioni vengono ventilati e setacciati per allontanare semi estranei, frammenti vegetali, terreno ed altre grossolane impurità. Successivamente si procede all'essiccazione con vari metodi di seguito descritti.

**Seccare al sole.** In assenza di impianti di essiccazione forzata, il contenuto di umidità di semi può essere ridotto in campo dopo il raccolto asciugando i semi al sole sull'aia. Questo è il metodo tradizionalmente utilizzato dagli agricoltori, ma non garantisce una sufficiente disidratazione per la conservazione. Inoltre, in particolari condizioni (alta temperatura, e forte umidità del seme raccolto) questo metodo può provocare più danni che vantaggi. Il sistema prevede la raccolta dei semi quando sono completamente secchi in campo, lasciandoli in campo per un paio di giorni al sole per poi vagliarli e distenderli in strati sottili sulle aie asciugare al sole

**Disidratazione ad aria forzata.** In questo sistema, aria a temperatura ambiente o leggermente riscaldata è fatta forzatamente fluire sui semi, così da raccogliere il vapore acqueo. L'evaporazione raffredda il seme e quindi reduce il rischio di danneggiamento, purché la temperatura dell'aria non

sia elevata. Comunque, anche nel caso si usi aria a temperatura ambiente, la velocità dell'aria che corre sui semi, per effetto Venturi, provoca una depressione che facilita l'evaporazione superficiale dell'acqua, similmente a quanto accade quando si soffia sul caffè bollente per raffreddarlo (figura 2.1).



**Figura 2.1.** Comparazione delle curve di disidratazione ad aria forzata (fan) con quella naturale (no fan) per riso e avena (R&A) ed orzo (ridisegnato da Hu *et al.*, 1998)

**Armadi o celle di disidratazione.** La disidratazione a caldo ( $> 40^{\circ}\text{C}$ ) è sconsigliata, specialmente se protratta a lungo. Secondo alcuni studi, la disidratazione ad alta temperatura, come quella al sole, non è dannosa, se eseguita con attenzione. Comunque, c'è il pericolo di sovraesporre i semi a temperatura alta dopo il raggiungimento del livello desiderato di umidità. Inoltre, i semi grandi possono fessurarsi o subire distacchi dell'embrione se disidratati ad alta temperatura o troppo rapidamente. Le temperature usate generalmente nelle banche semi per la disidratazione sono comprese tra  $10$  e  $20^{\circ}\text{C}$ . Non c'è accordo sul livello finale di contenuto idrico e di conseguenza sul valore di umidità relativa (UR) dell'aria ottimale per la disidratazione. Molte banche conservano i semi disidratati a una UR del 15% circa (approssimativamente 3,5-6,5% di contenuto d'acqua del seme, a seconda del contenuto di olio dei semi). Altre spingono la disidratazione più a fondo (Pérez-García *et al.*, 2007; 2008). Altre, ancora, usano livelli di UR leggermente più alti (20-25%)

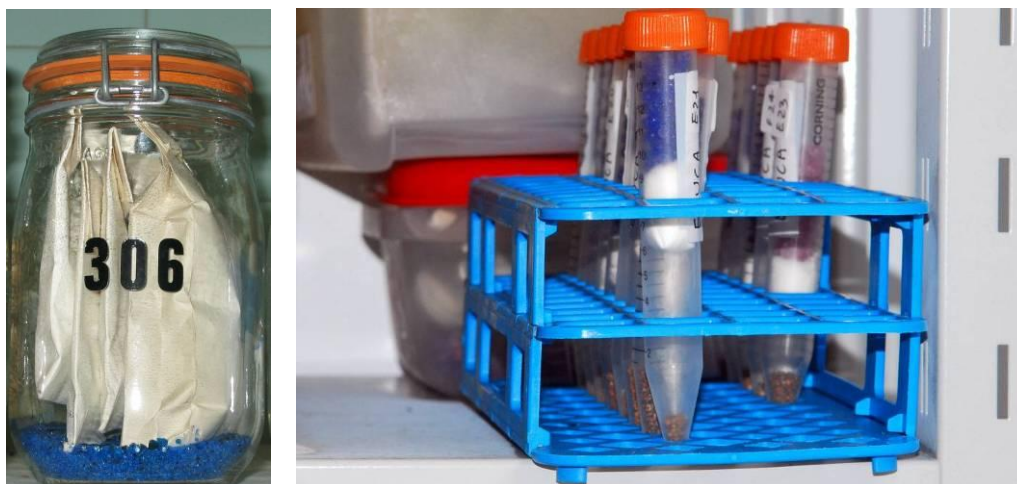
perché il contenuto d'acqua dei semi potrebbe in teoria scendere a livelli sub-ottimali per la conservazione a lungo termine, se stoccati a temperature inferiori a 0°C.

Il binomio temperatura/umidità relativa ideale per la disidratazione dipende dalla specie, dal tipo e forma del seme, dal contenuto d'acqua del seme, ecc., ossia da una molteplicità di fattori per cui non è possibile stabilire un protocollo univoco per tutte le specie. Tuttavia, per la maggior parte delle specie agrarie, ad eccezione di quelle che hanno semi particolarmente grandi (esempio il fagiolo di Lima) è possibile partire da un protocollo standard, da verificare ed eventualmente adattare alle proprie condizioni. Si può quindi raccomandare di disidratare i semi, equilibrandoli in un ambiente con 15% di UR e temperatura compresa tra di 10-20°C (15°C è un ottimo compromesso) provvisto di circolazione d'aria sufficiente ad evitare che si formino micro-zone con parametri diversi. In generale la ventilazione dell'impianto di raffreddamento è sufficiente alla bisogna, ma in alcuni casi potrebbe essere necessario un supplemento di areazione in funzione della dimensione della cella, dell'affollamento della stessa, della forma e dimensione degli scaffali, ecc.). L'obiettivo finale è di raggiungere un contenuto d'acqua del seme compreso tra 3,5 e 6,5%, a seconda del contenuto di olio dei semi (più olio più acqua), se il successivo stoccaggio è previsto a temperature inferiori a 0°C. Per stoccaggi a temperature superiori a 0°C, si raccomanda una ultra-disidratazione (*ultra-drying*) a livelli inferiori di contenuto idrico.

I metodi per deumidificare i semi comprendono diversi sistemi.

(a) **Contenitori sigillati e sostanze dessiccanti.** I dessiccanti sono sostanze igroscopiche, come il gel di silice, in grado di eliminare dall'aria il vapore acqueo. E' un metodo economico, ma relativamente efficace (**figura 2.2**). Lo svantaggio, è che il gel di silice deve essere cambiato con frequenza per garantire il livello di disidratazione ed i contenitori debbono essere veramente ermetici per evitare introduzione di aria dall'esterno. Il compianto Prof. Gomez-Campo ha gestito una banca di germoplasma di specie autoctone della Penisola Iberica e Mediterranee, utilizzando questo metodo pubblicando una serie di articoli sull'argomento (Perez Garcia *et al.*, 2007; 2008).

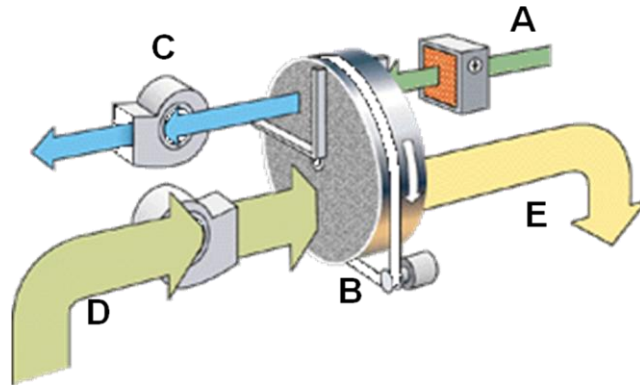
La questione di contenitori può essere approfondita all'indirizzo [http://www.seedcontainers.net/the\\_risk\\_of\\_inadequate\\_containers.html](http://www.seedcontainers.net/the_risk_of_inadequate_containers.html). Il metodo può essere usato per collezioni piccole.



**Figura 2.2.** Conservazione di campioni con gel di silice (Foto sn Gomez-Campo, dx Cifarelli)

- (b) **Incubatori essiccanti.** Un modo efficace per disidratare i semi è dato da alcuni tipi di incubatori essiccanti, che consentono il controllo dell'umidità fino a bassi livelli, controllati con una sonda corredata di registrazione dei dati. Si tratta, in effetti, di una minuscola cella di disidratazione, dove la circolazione d'aria è assicurata da un ventilatore. L'umidità viene abbattuta usando mezzi fisici (vedi dopo) o chimici, ovvero facendo fluire l'aria su sostanze fortemente igroscopiche. Sebbene simile al precedente, in teoria, il fatto di avere un controllo del flusso dell'aria e della sua umidità consente risultati molto più efficaci. Questo metodo consente di controllare il livello finale di contenuto d'acqua dei semi con buona accuratezza e di trattare collezioni più grandi rispetto al metodo (a).
- (c) **Cella di disidratazione.** E' il metodo più costoso, ma in assoluto il più preciso. Dev'essere adottato da banche con elevato numero annuo di collezioni da conservare. Umidità relativa (UR) e temperatura della cella possono essere regolate a piacere tramite deumidificatori ad assorbimento (sorption dryers) e sistemi di refrigerazione. I deumidificatori usano di norma gel di silice o cloruro di litio (LiCl) come sostanze dessiccanti e sono collegati alla cella, debitamente isolata, da un apposito sistema di canalizzazione che provvede a recuperare l'aria interna della cella, e deumidificarla ed a restituirla alla cella stessa. Altre canalizzazioni portano al deumidificatore, spesso allocato fuori dalla cella stessa, l'aria necessaria per la rigenerazione ed a portare all'esterno l'aria di rigenerazione carica di umidità (**figura 2.3**). Il livello di deumidificazione della cella è controllato da un sistema elettronico, un attuatore, che

provvede a regolare il sistema di controllo della temperatura ed i cicli di lavoro del sorption dryer, mediante alcuni sensori posti all'interno della cella stessa.



**Figura 2.3.** Schema del “sorption dryer”: A) aria esterna viene riscaldata a circa 120°C per la rigenerazione; B) tamburo igroscopico; C) aria calda ed umida di rigenerazione torna all'esterno; D) aria fredda ed umida proveniente dalla cella; E) aria fredda e secca ritorna alla cella (ridisegnato da immagine del fornitore Sunshine Industries)

Questo tipo di celle, oltre a garantire una elevata affidabilità e precisione, permettono anche un'elevata processività, consentendo di deumidificare contemporaneamente centinaia di campioni. Inoltre le stesse sono molto flessibili in quanto è possibile riprogrammare i parametri operativi in funzione della velocità di deumidificazione o della dimensione dei semi o ancora di qualsiasi altro parametro l'operatore voglia considerare. Infine, alcuni modelli di controller permettono una programmazione raffinata, consentendo di alternare fasi caratterizzate da differenti parametri operativi. Questo può essere utile in caso ad esempio di semi grandi o molto umidi, che man mano che perdono acqua richiedono parametri operativi più stringenti.

**Controllo del contenuto di acqua del seme (SWC, Seed Water Content ).** È il peso dell'acqua contenuta nei semi, espressa percentualmente rispetto al peso fresco del campione.

Si calcola mediante la formula  **$SWC = [(peso\ fresco - peso\ secco) / peso\ fresco \times 100]$** .

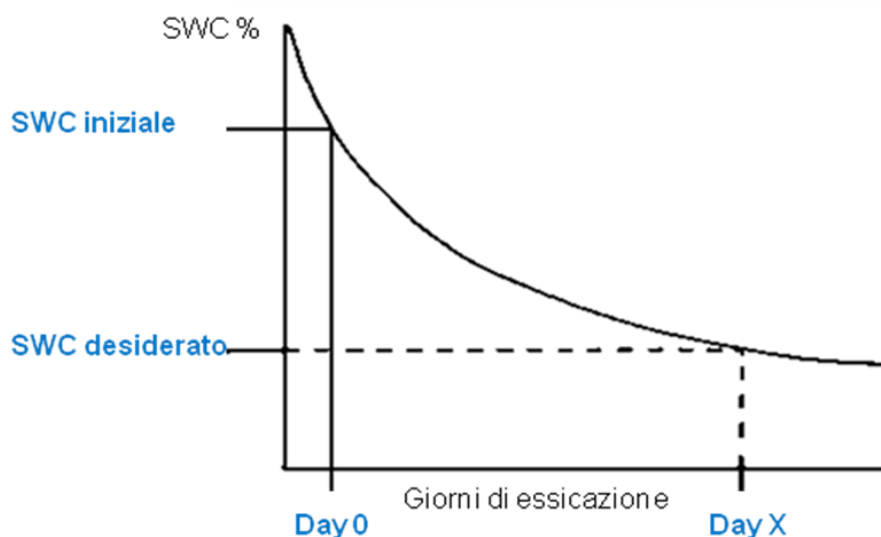
Per effettuare il controllo, il metodo standard è purtroppo distruttivo. All'uopo si pongono alcuni semi in un pesafiltro di cui si conosce esattamente la tara e si pesa: questo è il peso fresco. Successivamente si pone il pesafiltro senza coperchio in una stufa a 133°C per 2 ore. Allo scadere del tempo, si riposiziona il coperchio ed una volta raffreddato di pesa: questo è il peso secco. Applicando la formula sopra riportata si può monitorare il contenuto d'acqua del seme. Durante

l'essiccazione occorre monitorare periodicamente il SWC, sacrificando una piccola parte dei semi (Linington, 2004).

Tuttavia, per determinare se un campione ha raggiunto il SWC desiderato senza sacrificare semi, è possibile determinare il SWC per approssimazione, laddove è noto il SWC iniziale. A tale scopo, si usa un piccolo campione di semi che viene usato come testimone e che viene rapidamente pesato per monitorare l'avanzamento della disidratazione, utilizzando la seguente formula che usa due valori: contenuto d'acqua del seme iniziale ( $SWC_i$ ) ed il contenuto d'acqua del seme desiderato ( $SWC_d$ ).

La formula è: peso dei semi al  $SWC_d = (100 - SWC_i) / (100 - SWC_d) * \text{peso iniziale dei semi}$ . Tuttavia oggi sono in commercio apparecchi elettronici in grado di misurare il SWC con metodi non distruttivi, purché vengano opportunamente tarati specie per specie utilizzando il metodo distruttivo dell'essiccazione in forno.

**Processo di essiccazione.** Ogni specie, in funzione della struttura del seme e della sua composizione, perde acqua in una specifica maniera. Ad un determinato binomio di temperatura ed umidità della cella, ogni specie perde quindi SWC secondo una curva che viene chiamata "curva standard di essiccazione" (**figura 2.4**).

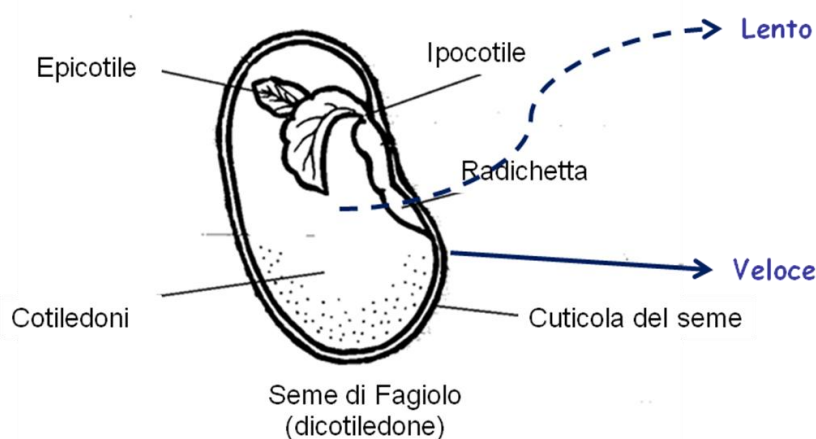


**Figura 2.4.** Curva standard di essiccazione

Tuttavia, specie che possiedono semi simili possono avere curve standard di essiccazione molto simili tra di loro. Nella pratica quotidiana, ad esempio, tutti i cereali simili al frumento (orzo,

segale, avena, ecc.) possono essere trattati usando la stessa curva del frumento. La curva standard, o meglio, un insieme di curve standard consentono di prevedere con buona approssimazione quanti giorni debbono restare in cella di disidratazione, ad uno specifico binomio temperatura/umidità relativa, i campioni di una determinata specie che vi entrano con un determinato SWC affinché raggiungano il SWC desiderato per la conservazione (**figura 2.4**).

Secondo forma, dimensione e composizione, alcuni semi possono essere disidratati più velocemente, altri, invece, devono essere trattati con maggiore lentezza, per evitare danni alla struttura del seme. Prendiamo ad esempio un seme di grandi dimensioni (fagiolo, fava, ecc.) in cui magari vi è anche una cuticola di non trascurabile spessore (**figura 2.5**). In un tale seme, l'acqua presente nelle parti più interne, diffonde all'esterno più lentamente di quella presente nelle parti più esterne del seme. Una disidratazione troppo rapida porterebbe ad una forte contrazione dei tessuti esterni mentre quelli interni resterebbero turgidi. Di conseguenza i tessuti esterni potrebbero lacerarsi, anche perché essendo più secchi, diventano maggiormente friabili. Una disidratazione troppo veloce potrebbe causare fessurazioni della cuticola, via di accesso per parassiti e saprofiti, causa di distacco dell'embrione, distacco dei cotiledoni, ecc.



**Figura 2.5.** Velocità di diffusione dell'acqua in un seme grande

### 3. Confezionamento dei campioni

I semi essiccati vengono confezionati per la conservazione. Il contenitore ha non solo lo scopo meccanico di contenere i semi per evitare che si confondano, ma deve anche soggiacere a specifiche fisico-chimiche che garantiscano la massima conservazione del seme.

Un buon contenitore non deve rilasciare sostanze che possano alterare la fisiologia del seme. Ad esempio, i contenitori in Polietilene possono rilasciare etilene che, essendo un ormone vegetale, potrebbe compromettere la capacità germinativa dei semi. Deve, inoltre, essere resistente all'attacco di patogeni e saprofiti, quindi la carta in nessuna delle sue forme è adeguata ad una lunga conservazione. Infine, ma non meno importante, il contenitore deve impedire il passaggio di umidità e gas, per evitare, da un lato l'alterazione del SWC del campione conservato, e dall'altro una troppo rapida ossidazione delle componenti chimiche del seme più sensibili al fenomeno.

Nel gene bank dell'Istituto di Genetica Vegetale del CNR a Bari (IGV) vengono usati due tipi di contenitori: buste a triplice strato (PVC-alluminio-PVC) e barattoli d'acciaio (del tipo di quelli usati per le conserve alimentari). In altri *genebank*, ad esempio al *Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research* (IPK) di Gatersleben (Germania) sono anche usati barattoli di vetro con coperchio ermetico.

Analizziamo il procedimento in uso all'IGV. Per i campioni destinati alla conservazione a breve-medio termine, si usano le buste triplo strato, che contengono tra 400 e 500 semi. Questo è il numero minimo in grado di rappresentare in modo sufficiente la variabilità genetica del campione. Le buste sono termosaldate ad una pressione atmosferica di 100-150 mm Hg, cioè non sottovuoto, ma a ridotta tensione d'aria. Questo consente di avere una tensione di O<sub>2</sub> sufficientemente bassa da rendere trascurabili i processi di ossidazione. Non conviene abbassare ancora la pressione, per non rischiare di forare il contenitore. Per questo, campioni con semi particolarmente appuntiti o con strutture potenzialmente appuntite (ad esempio la rachilla dei semi dei cereali vestiti) possono essere insacchettati anche a pressioni superiori (ca. 200-250 mm Hg).

Per i campioni destinati alla lunga conservazione, invece, si utilizzano barattoli di acciaio, in quanto il PVC a temperature inferiori a 0°C diviene progressivamente più friabile e potrebbe incrinarsi e quindi compromettere la tenuta del contenitore. Per ridurre la quantità di aria presente nel barattolo, si cerca di massimizzare il rapporto tra semi ed aria libera, ovvero riempiendo fino all'orlo i contenitori e curando di assestare al massimo i semi contenuti. Qualche autore oggi propone di utilizzare atmosfere controllate, ovvero atmosfera di azoto puro o arricchita in azoto. Queste atmosfere e le tecnologie relative si stanno molto diffondendo assieme alla diffusione dei prodotti vegetali di quarta gamma. Tuttavia il loro uso nelle banche dei semi al momento non è ancora diffuso (**figura 3.1**).





**Figura 3.1.** Un tecnico dell'IGV mostra barattoli contenenti campioni nella cella a lunga conservazione (A) e buste nella cella a medio-breve termine (B) (foto Cifarelli)

#### **4. Conservazione dei campioni**

La conservazione a medio-breve periodo serve per una molteplicità di scopi, quali ad esempio, lo scambio di materiali con l'esterno, l'attività di sperimentazione e ricerca, la rigenerazione periodica, ecc. Per questa ragione all'IGV si conservano circa 10 buste di materiale per ciascun campione. Le temperature di conservazione sono in genere prossime a 0°C e per evitare gocciolamento o brinatura dovuti alla condensa dell'umidità esterna, la cella viene mantenuta ad una umidità relativa di circa 35% UR utilizzando un sistema "sorption dryer" simile a quello utilizzato per la essiccazione dei semi. Le buste vengono aperte solo per le necessità sopra esposte. Il periodo di conservazione previsto per questo tipo di campioni viene stimato superiore a 10 anni, ma recenti esperienze compiute all'IGV dimostrano che questa è una stima pessimistica, in quanto se ben essiccati il "life span", ovvero il periodo in cui la maggior parte dei semi resta vitale, può essere molto superiore, in relazione alla specie.

Per la conservazione di lungo termine si usano temperature più basse, ovvero attorno a -20°C. In queste condizioni i semi dovrebbero teoricamente avere un *lifespan* (durata della vita) superiore agli stessi campioni conservati a 0°C di un fattore attorno a 4, cioè dovrebbero mantenersi ben vitali per tempi di circa 40 anni o più. Tuttavia, dati certi su base sperimentale non esistono, in quanto la più vecchia banca dei semi (quella di Vavilov di Leningrado, Russia) è stata istituita nel 1925, ma la tecnologia delle celle a -20°C è molto più recente, risalendo ai primi anni 1970. Di

fatto, quindi, sono disponibili al momento campioni che hanno al massimo una quarantina di anni e sono ancora in genere ben vitali, come atteso.

Gli impianti di conservazione oggi sono basati su tecnologie del freddo molto mature, perché la loro progettazione non si discosta troppo da quella utilizzata dalle catene del freddo per i prodotti alimentari. Questo significa anche una maggiore sicurezza degli impianti, in quanto su tutto il territorio nazionale esistono ditte in grado di mettere in essere una rapida riparazione che dovesse rendersi necessaria. Oggi si affacciano al mercato anche nuove tecnologie del freddo che potrebbero giocare nel futuro un ruolo di particolare interesse nel migliorare la sicurezza delle collezioni esistenti.

Come è possibile osservare nel dettaglio delle buste e dei barattoli (**figura 4.1**), le informazioni rilevanti relative al campione vengono riportate sull'etichetta al fine di facilitare l'attività degli operatori. Tuttavia, per le collezioni questo non è sufficiente, ma occorre mantenere un database riportante le informazioni relative al campione. Prima di tutto, ciascun campione viene identificato da un numero (numero di accessione) che lo identifica univocamente. Tutte le informazioni relative a questo campione debbono fare riferimento a questo numero.



**Figura 4.1.** Barattoli e buste in dettaglio (foto Cifarelli)

Occorre far notare che, contrariamente a quanto spesso usa, la parola “accessione” non ha alcun significato genetico o scientifico in generale. Essa significa semplicemente un “oggetto” che si

aggiunge ad una collezione. Infatti, anche gli oggetti museali o i libri di una biblioteca hanno il loro “numero di accessione”. Quindi il termine accessione descrive solo un determinato campione all’interno di una collezione, senza fornire indicazioni sullo status genetico di quel campione.

La gestione dei campioni in conservazione normalmente prevede una rigenerazione periodica dei campioni in campo. Questa fase di rigenerazione può essere dovuta a perdita di vitalità del seme, a depauperamento del campione per motivi di scambio o attività di ricerca, al troppo lungo periodo di conservazione rispetto ai modelli previsionali, o qualsiasi altro motivo che ponga in pericolo l’integrità del campione stesso. Infatti, attraverso un programma di campionamento, si monitora periodicamente la vitalità delle collezioni effettuando screening a random periodici. Occorre porre in atto precauzioni al fine di minimizzare effetti intrinseci di questo processo che potrebbero alterare l’integrità genetica del materiale, ad esempio attraverso la riduzione della diversità genetica a causa dell’adattamento ad un ambiente differente da quello di origine, o a causa di fecondazione incrociata con altri campioni conspecifici.

La moltiplicazione avviene normalmente in porcelline delle dimensioni di 1x5 m o in file lineari. Comunque sia, occorre moltiplicare un numero di individui rappresentativo (circa 400-500) della variabilità genetica presente nel campione. Per le specie autogame non sono necessarie speciali precauzioni, mentre per le specie allogame occorre mettere in atto misure di isolamento opportune per evitare flusso genico non desiderato (**figura 4.2.**). Questo comporta un aumento delle spese per mettere in opera le necessarie strutture di isolamento.

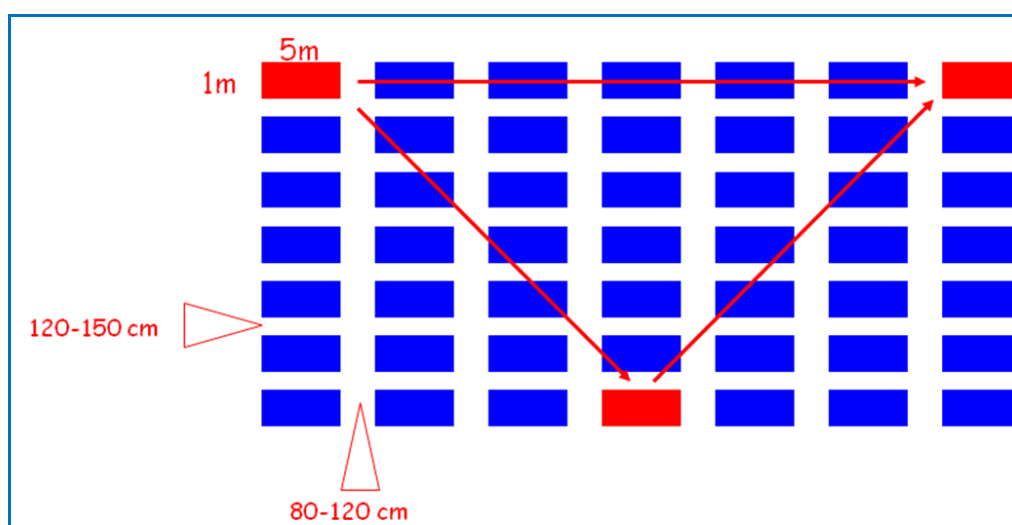


**Figura 4.2.** Semplici strutture di isolamento parcellare per allogame ad impollinazione entomofila (Foto Pignone)

Per le piante ad impollinazione entomofila si possono disporre tunnel o isolatori costruiti con strutture metalliche o di legno e tessuto-non-tessuto o rete anti-afidi, per impedire che pronubi provenienti da altre parcelle si diffondano. Può essere necessario inserire pronubi negli isolatori

per favorire l'impollinazione. Occorre installare gli isolatori quando i primi fiori sono ancora in boccio e rimuoverli solo dopo la fine della fioritura.

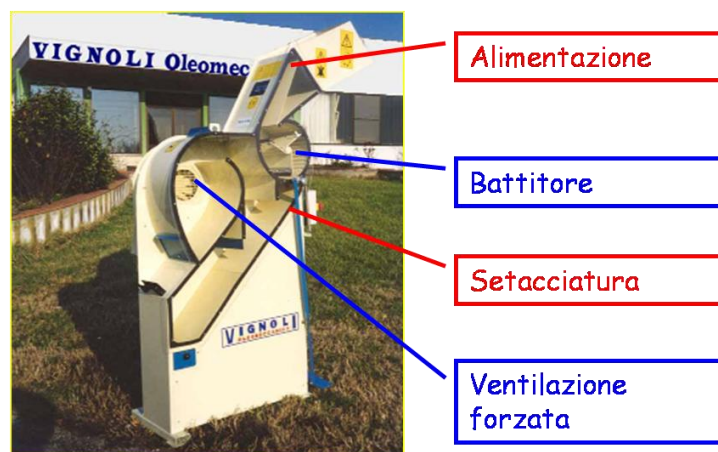
Per le piante ad impollinazione anemofila, queste strutture potrebbero essere inadeguate. Occorre quindi predisporre uno schema di campo in cui le parcelle di piante allogame siano sufficientemente spaziate per evitare la fecondazione incrociata (**figura 4.3**). La distanza dipende da specie a specie e da altri fattori quali la presenza di barriere naturali, come siepi frangivento, l'abito delle specie che si frappongono fra le parcelle, ecc.



**Figura 4.3.** Schema di campo per moltiplicazione di allogame. Parcelle in rosso contengono piante allogame, quelle in blu piante autogame; la distanza (freccie rosse) dipende dalla specie

Per fare un esempio, in un campo pianeggiante ed in assenza di barriere, è stato riportato che nel mais il 98% del polline cade al suolo entro 25 metri dalla sorgente, mentre entro 100 metri quasi il 100% del polline è al suolo. Questo significa che in condizioni normali, una distanza di 100 metri tra parcelle di mais dovrebbe essere sufficiente a garantire un buon livello di isolamento genico.

Infine, occorre fare attenzione in fase di trebbiatura dei campioni. Le trebbie sperimentali (**figura 4.4**), infatti, idonee alla trebbiatura dei campioni di germoplasma, oltre alla possibilità di cambiare il battitore, il setaccio e la velocità in funzione della dimensione e forma del seme da trebbiare, hanno tutte le parti ispezionabili (una parete rimovibile in plexiglass) proprio per evitare che semi di un'accessione possano residuare all'interno della trebbietta e mescolarsi ai futuri campioni.



**Figura 4.4.** Trebbietta sperimentale (ridisegnata da immagine del produttore Vignoli oleomeccanica)

## Bibliografia

- Berjak P., Farrant J.M., Mycock D.J., Pammenter N.M. (1990) - Recalcitrant (homoiohydrous) seeds: the enigma of their desiccation sensitivity. *Seed Science and Technology*: 18, 297-310.
- Hu C., Zhang Y., Tao M., Hu X., Jiang C. (1998) - The effect of low water content on seed longevity. *Seed Science Research*. Volume 8.
- Kebreab E., Murdoch A.J. (1999) - Effect of temperature and humidity on the longevity of *Orobanche* seeds. *Weed research*, 39: 199-211.
- Linington S.H. (2004) - The design of seed bank. In: Smith R, Dickie J, Linington S, Pritchard H, Probert R (Eds), *Seed Conservation: Turning Science Into Practice*. Kew Publishing, Kew, UK. pp. 591-636
- Pérez García F., González Benito M.E., Gómez Campo C. (2007) - High viability recorded in ultra-dry seeds of 37 species of Brassicaceae after almost 40 years of storage. *Seed Science and Technology*, 35: 143-153.
- Pérez García F., González Benito M.E., Gómez Campo C. (2008) - Germination of fourteen endemic species from the Iberian Peninsula, Canary and Balearic Islands after 32-34 years of storage at low temperature and very low water content. *Seed Science and Technology*, 36: 407-422.
- Piotto B., Giacanelli V., Ercole S. (a cura di), 2010. La conservazione *ex situ* della biodiversità delle specie vegetali spontanee e coltivate in Italia. Stato dell'arte, criticità e azioni da compiere. Manuali e linee guida. ISPRA 54/2010.
- Sallon S., Solowey E., Cohen Y., Korchinsky R., Egli M., Woodhatch I., Simchoni O., Kislev M. (2008) - Germination, Genetics, and Growth of an Ancient Date Seed. *Science*, 320: 1464.
- Thomas T. H. (1989) - Gibberellin involvement in dormancy break and germination of seeds of celery (*Apium graveolens* L.). *Journal of Plant Growth Regulation*, 11: 239-248.

## **Allegato 4.2**

# **MARCATORI MOLECOLARI PER LA CONSERVAZIONE DELLE RGV**

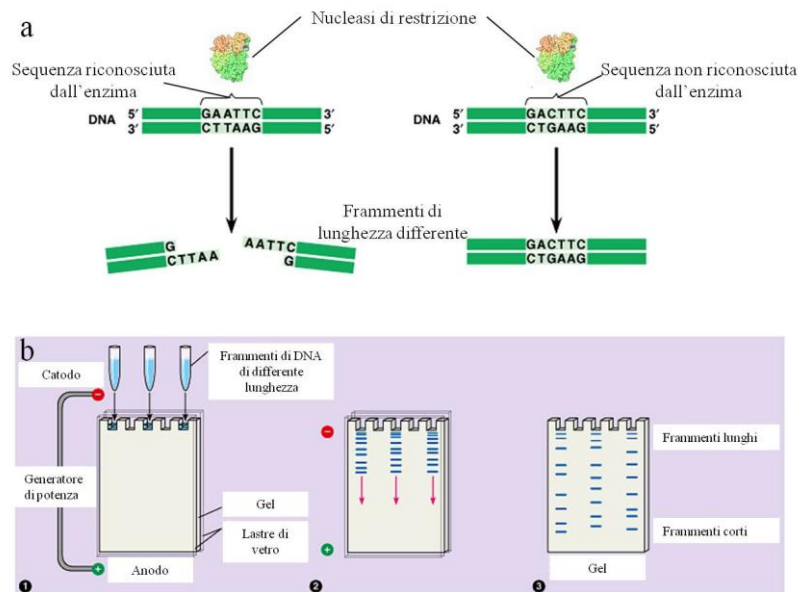
Il presente allegato è frutto della rielaborazione di testi, figure e grafici che fanno prevalentemente riferimento al libro “Genetica e genomica. Genomica e Biotecnologie genetiche”, vol. III di Barcaccia e Falcinelli (2006). Le altre fonti sono citate come riferimenti bibliografici.

### **1. Introduzione**

Un settore di notevole interesse e grandi potenzialità aperto dalle biotecnologie genetiche è quello basato sull'analisi del genoma mediante rilevazione di marcatori molecolari. Si tratta di un settore in rapida evoluzione che si avvantaggia da una parte dello sviluppo di tecnologie sempre più sensibili ed affidabili e dall'altro della conoscenza sempre più approfondita della struttura, organizzazione e funzione degli acidi nucleici.

L'analisi del genoma mediante marcatori molecolari è in grado di rilevare le differenze (polimorfismi) in regioni omologhe tra individui diversi appartenenti alla medesima specie. Le differenze tra individui a livello di sequenza nucleotidica del DNA costituiscono un insieme di marcatori genetici con elevate potenzialità discriminanti e rappresentano un sistema di analisi comparativa dei genomi con alto livello di dettaglio. L'identificazione e l'isolamento di numerosi enzimi che agiscono sugli acidi nucleici (nucleasi di restrizione, ligasi, polimerasi, chinasi) e la messa a punto di tecniche elettroforetiche di separazione degli acidi nucleici hanno, infatti, reso possibile l'analisi della struttura e, in alcuni casi, delle funzioni del materiale ereditario (**figura 1.1**).





**Figura 1.1.** Esempi di tecniche utilizzate per l'analisi strutturale del DNA. a) Frammentazione del DNA con nucleasi di restrizione: un polimorfismo presente all'interno della sequenza riconosciuta da una nucleasi di restrizione impedisce all'enzima di riconoscere il sito di taglio e di generare frammenti di dimensioni inferiori. b) Elettroforesi capillare di frammenti di DNA di lunghezza differente: una popolazione di molecole di DNA di lunghezza differente migra attraverso un gel immerso in un campo elettromagnetico; ciascun frammento percorre una distanza inversamente proporzionale alla sua lunghezza.

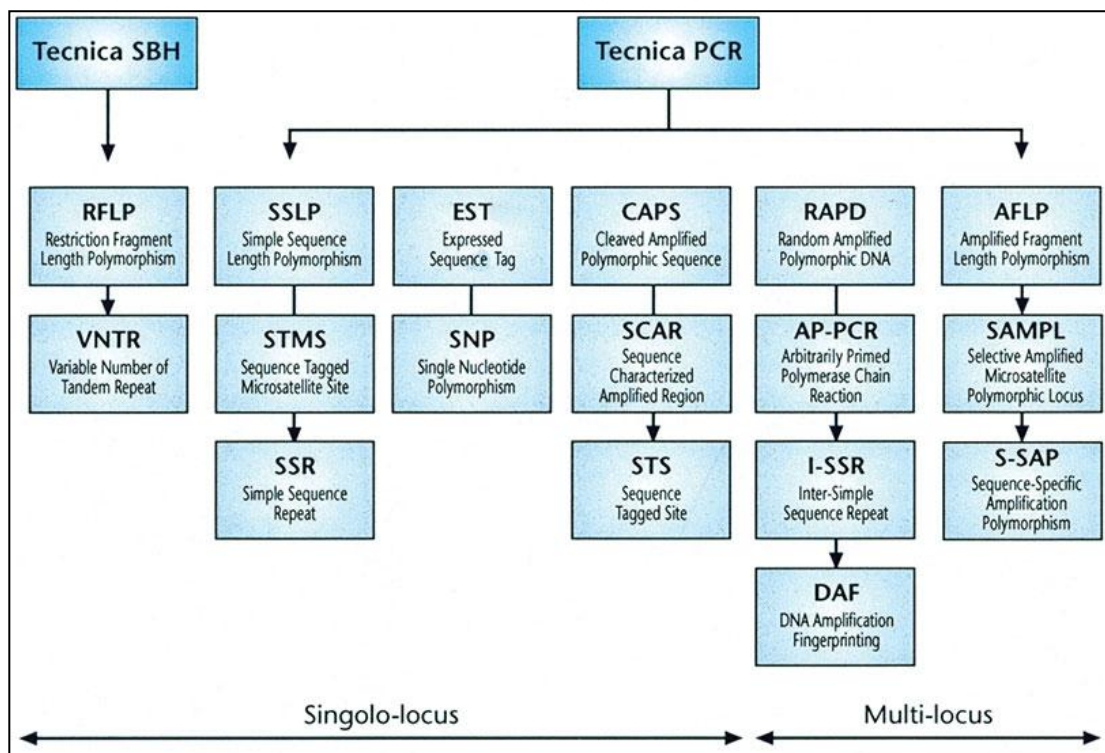
Un marcatore molecolare può essere definito come quel *locus* genomico, rilevabile con sonde o inneschi specifici che, in virtù della sua presenza, contraddistingue in maniera caratteristica ed inequivocabile il tratto cromosomico con cui si identifica. Pertanto, i marcatori molecolari non sono generalmente riferibili all'attività di specifici geni, ma si basano direttamente sulla rilevazione di differenze (polimorfismi) nella sequenza nucleotidica del DNA che costituisce il patrimonio ereditario di ciascun individuo. Tali polimorfismi possono essere dovuti ad inserzioni, delezioni, traslocazioni, duplicazioni, mutazioni puntiformi, ecc. I marcatori molecolari presentano diversi aspetti positivi:

- basandosi su differenze nella sequenza nucleotidica del DNA, non subiscono l'interferenza dell'ambiente;



- possono interessare qualsiasi regione del genoma, che sia trascritta o meno (quindi anche introni e regioni di regolazione), e consentono pertanto di rilevare differenze anche tra individui geneticamente molto simili ma distinguibili fenotipicamente;
- non soggiacciono ad effetti epistatici e/o pleiotropici ed in molti casi hanno espressione codominante, consentendo così di distinguere l'eterozigote dagli omozigoti.

I marcatori molecolari attualmente disponibili sono diversi (**figura 1.2**) e costituiscono strumenti molecolari d'indagine estremamente efficaci ed affidabili, che trovano larga applicazione sia nella ricerca genetica di base che in quella applicata. In tempi recenti, si è, infatti, assistito ad una proliferazione dei sistemi molecolari per l'analisi del polimorfismo genomico che si differenziano per il tipo di sequenze analizzate e/o per il tipo di tecnologia impiegata. Di seguito saranno descritte le principali metodologie di analisi del DNA con marcatori molecolari. Per approfondimenti si rimanda a lavori specifici sull'argomento (Barcaccia *et al.*, 2000; Gostimskii *et al.*, 2005; Garant e Kruuk, 2005; Agarwal *et al.*, 2008).



**Figura 1.2.** Rappresentazione schematica delle principali classi di marcatori molecolari utilizzabili per l'analisi del genoma. La classificazione adottata si basa sulla tecnologia utilizzata (SBH-Southern Blot Hybridization o PCR, Polymerase Chain Reaction) e sul numero di loci saggiati (*single-locus* o *multi-locus*). La figura è stata ripresa ed adattata da Barcaccia *et al.* (2000)

Alcuni marcatori, come RFLP e VNTR, sono basati su tecniche di ibridazione tipo *Southern Blot Hybridization* (SBH), mentre altri, RAPD, SSR, I-SSR e AFLP, sono basati sulla Reazione a Catena della Polimerasi (PCR).

In ogni caso, un marcatore molecolare costituisce un marcatore genetico che può essere descritto come un frammento di DNA compreso tra due regioni oligonucleotidiche note. Le sequenze laterali sono, infatti, quelle riconosciute dagli enzimi di restrizione, nel caso di RFLP e VNTR, o dagli inneschi della DNA Polimerasi, nel caso di RAPD, SSR e I-SSR, oppure da entrambi come nel caso degli AFLP. La sequenza centrale del marcatore, invece, è totalmente o parzialmente nota e coincide con la sequenza della sonda, nel caso di RFLP e VNTR, o con la sequenza ripetuta, nel caso di SSR, mentre è ignota nel caso di RAPD, I-SSR e AFLP. Gli STS e le varianti SCAR e CAPS sono, per definizione, marcatori con sequenza caratterizzata, come del resto gli SNP e le EST.

Tra tutte queste tecniche è inoltre possibile un'altra distinzione (**figura 1.2**) tra:

- marcatori multi-locus, basati sull'analisi simultanea di molti loci genomici, che implicano l'amplificazione di tratti cromosomici casuali con inneschi oligonucleotidici a sequenza nota arbitraria (ad es. RAPD, I-SSR, AFLP, ecc.);
- marcatori singolo-locus, che invece prevedono l'ibridazione o l'amplificazione di tratti cromosomici a sequenza nota mediante l'utilizzo di sonde o inneschi specifici per determinati loci (ad es. RFLP, SSR, STS).

I primi sono pertanto marcatori di tipo dominante (ad ogni locus si può evidenziare la presenza o l'assenza del polimorfismo, ma non è possibile distinguere l'eterozigote dall'omozigote per l'allele marcatore), mentre i secondi sono marcatori di tipo co-dominante (permettono cioè di distinguere i loci omozigoti per ciascuno dei due loci marcatori dall'eterozigote).

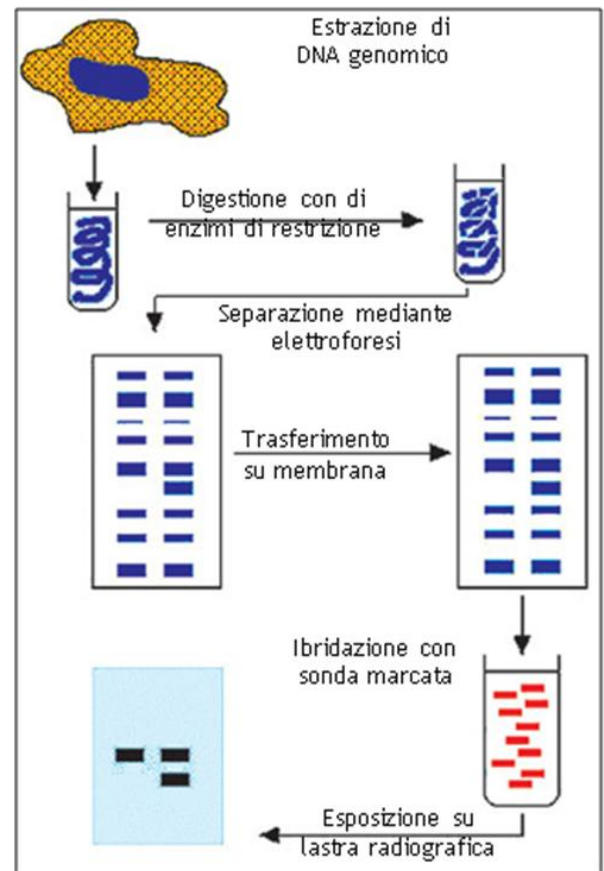
## **2. Tipi di marcatori molecolari e tecniche di laboratorio**

a) MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI RESTRIZIONE ED IBRIDAZIONE. I marcatori molecolari adottati per primi nell'analisi del genoma vegetale sono stati messi a punto impiegando endonucleasi di restrizione in combinazione col procedimento di ibridazione (SHB) (**figura 2.1**) ideato da Southern (1975). In realtà, tali tecniche venivano utilizzate in principio per costruire

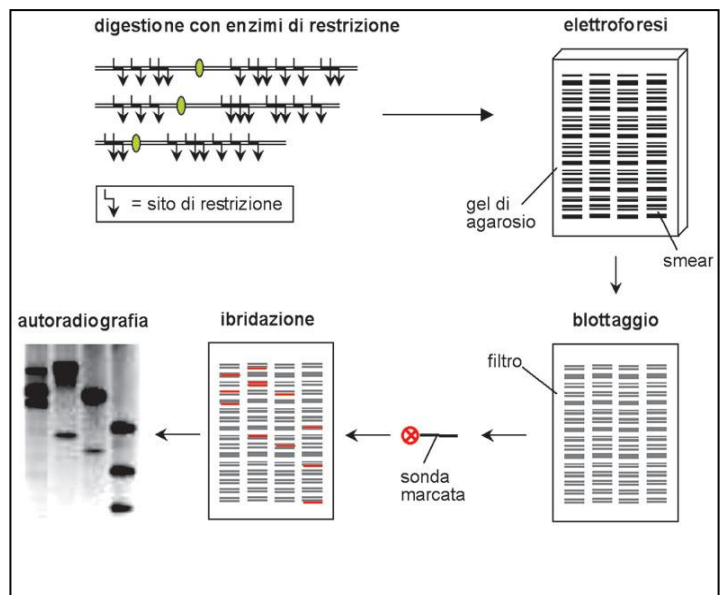
mappe dei siti di restrizione di particolari sequenze di interesse e solo in seguito sono state estese alla rilevazione di polimorfismi a carico dell'intero genoma.

**Marcatori RFLP** (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, Polimorfismo della Lunghezza dei Frammenti di Restrizione) (Botstein *et al.*, 1980; Beckman e Soller, 1983). L'analisi consiste nella valutazione delle differenze in peso molecolare dei frammenti che si ottengono digerendo il DNA genomico con enzimi di restrizione. Il procedimento, rappresentato in **figura 2.2**, prevede diversi passaggi che possono essere così riassunti:

- 1) nella prima fase il DNA genomico viene digerito con enzimi di restrizione. Individui geneticamente differenti per la localizzazione dei siti di restrizione produrranno necessariamente frammenti di restrizione di lunghezza differente;
- 2) i frammenti di restrizione sono quindi separati mediante elettroforesi su gel di agarosio e successivamente trasferiti su membrana di nylon (filtro);
- 3) le membrane vengono trattate con sonde di sequenza nota opportunamente marcate al fine di evidenziare solo quei frammenti di restrizione che hanno sequenze complementari a quelle delle sonde



**Figura 2.1.** Schema della procedura di *Southern Blot Hybridization*



**Figura 2.2.** Schema della procedura per l'analisi di marcatori RFLP

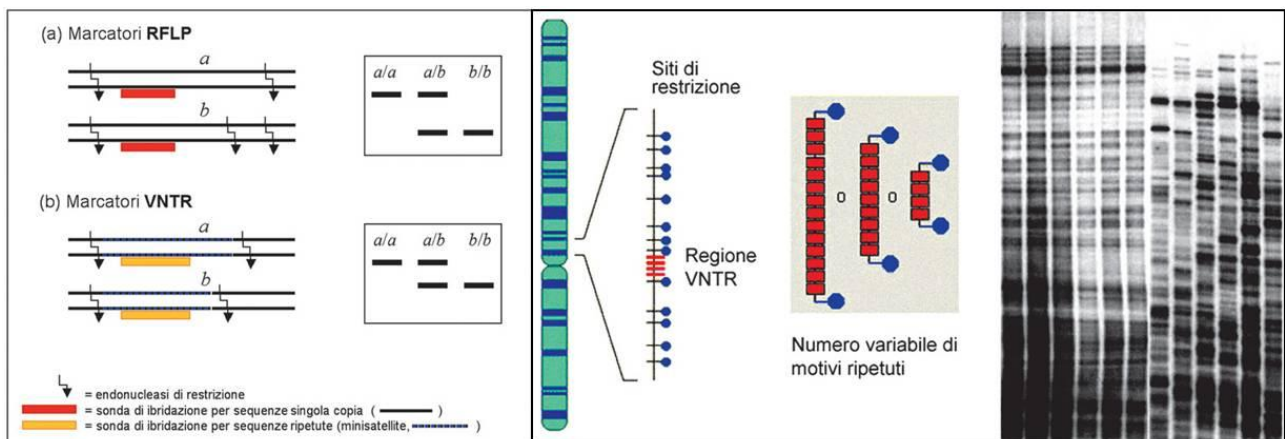
utilizzate;

- 4) infine, la membrana con i frammenti di restrizione ibridati alla sonda complementare è collocata su un film autoradiografico.

Il polimorfismo evidenziato dalle diverse bande prodotte dagli individui analizzati è dovuto a cambiamenti nelle sequenze di DNA che interessano il sito di restrizione oppure a variazioni nella lunghezza dei frammenti di restrizione oppure a variazioni della sequenza nucleotidica nella regione di ibridazione della sonda. Le sonde possono essere costituite da sequenze espresse delle quali però non è generalmente nota la funzione. Le sonde possono anche essere rappresentate, tuttavia, da geni già identificati e clonati. L'analisi RFLP ha rilevato che tra gli individui della stessa specie esistono numerose differenze nella sequenza del DNA. Tuttavia, certe combinazioni endonucleasi di restrizione/sonde specifiche per singoli loci costituiscono le fonti che in assoluto forniscono il maggior numero di informazioni, in quanto consentono di rilevare un numero particolarmente elevato di alleli differenti (50-100) nelle posizioni cromosomiche ad essi associate. I principali vantaggi di questa tecnica risiedono non tanto nella quantità di polimorfismo rilevabile, quanto piuttosto nella ripetibilità dei risultati e nella trasferibilità delle informazioni acquisibili in differenti laboratori. Se da un lato la co-dominanza rende i marcatori RFLP particolarmente appropriati per la costruzione di mappe genetiche, dall'altro, la loro neutralità li rende appropriati anche per la caratterizzazione della diversità genetica. I principali svantaggi consistono nella laboriosità della tecnica, le difficoltà legate all'impossibilità di automatizzare le procedure e, il più delle volte, alla necessità di ricorrere all'uso di traccianti radioattivi.

**Marcatori VNTR** (*Variable Number of Tandem Repeat* - Numero Variabile di Sequenze Ripetute a Tandem) o **Minisatelliti** (Jeffreys *et al.*, 1985; Dallas, 1988). La procedura di analisi è analoga agli RFLP e la particolarità dei marcatori VNTR consiste nel tipo di sonde che si usano per l'ibridazione (**figura 2.3**). Il polimorfismo VNTR deriva, infatti, dalla variazione nel numero di elementi, costituiti da sequenze semplici ripetute a tandem, compresi fra due siti di restrizione. I genomi di tutti gli organismi includono molte sequenze di DNA altamente o mediamente ripetute che si trovano fuori dalle regioni codificanti. La lunghezza del singolo elemento ripetuto è variabile, da pochi nucleotidi fino a qualche decina e generalmente si tratta di ripetizioni di monomeri piuttosto

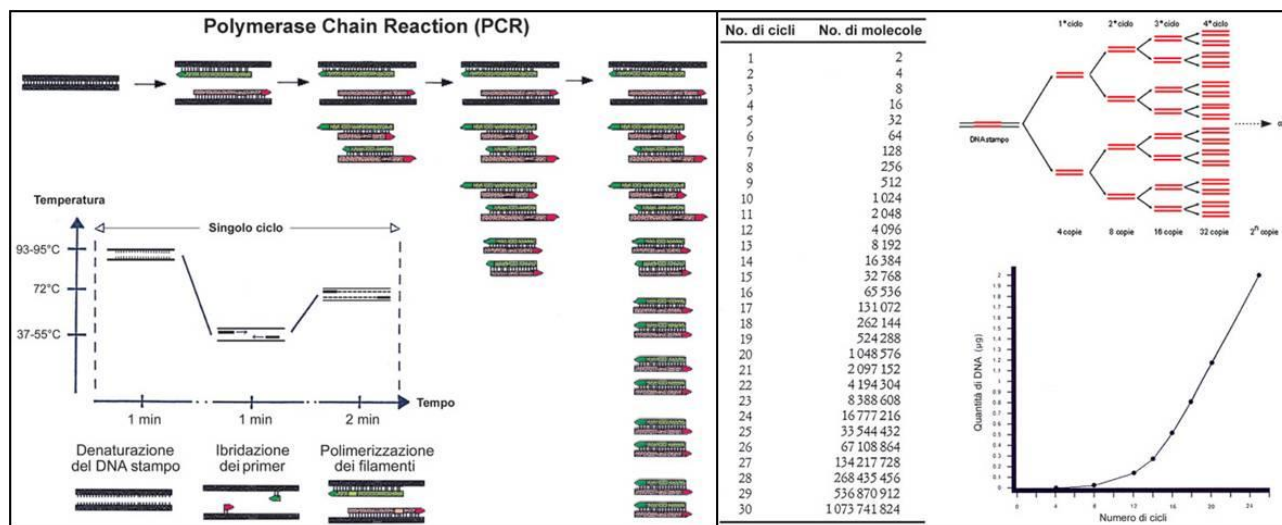
complessi (cioè unità oligonucleotidiche da 10 a 60 pb), chiamati minisatelliti, che costituiscono dei lunghi tratti di DNA. Utilizzando, quindi, come sonde di ibridazione sequenze di elementi ripetuti è possibile ottenere profili elettroforetici con un numero variabile di bande che consentono di caratterizzare geneticamente qualsiasi individuo. Tali marcatori sono molto utilizzati per il *DNA fingerprinting*.



**Figure 2.3.** Marcatori VNTR. A sinistra: confronto tra marcatori RFLP e VNTR. A destra: natura del polimorfismo variabilità VNTR

b) MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI AMPLIFICAZIONE (PCR-DERIVATI). Lo sviluppo di questi marcatori è avvenuto a seguito della scoperta di Mullis *et al.* (1986) della Reazione a Catena della DNA-Polimerasi (PCR – *Polymerase Chain Reaction*). La PCR è un metodo che consente di sintetizzare ripetutamente in vitro e per via enzimatica uno o più specifici segmenti di DNA localizzati tra due sequenze nucleotidiche note, producendone un numero elevato di copie, attraverso una serie di fasi di denaturazione del DNA, ibridazione degli inneschi (o *primer*) e polimerizzazione dei nuovi filamenti (figura 6). Il metodo prevede l'uso di uno strumento capace di realizzare ripetuti cicli termici (*Thermal Cycler*): 1) all'inizio di ogni ciclo termico il DNA genomico viene sottoposto a denaturazione mediante riscaldamento della reazione a 93-95°C allo scopo di rompere i legami idrogeno tra e basi azotate con conseguente separazione dei filamenti della doppia elica; 2) successivamente, la reazione viene rapidamente raffreddata ad una temperatura, variabile tra 37 e 55°C in funzione delle caratteristiche termodinamiche degli inneschi, che permette l'ibridazione degli inneschi con le sequenze complementari del DNA stampo; 3) infine, a conclusione di ogni ciclo, la reazione viene riscaldata alla temperatura di 72°C per consentire all'enzima DNA Polimerasi (allo scopo vengono utilizzate le forme

termostabili, native o ingegnerizzate, da *Thermus aquaticus*), in presenza di deossiribonucleotidi trifosfati, di catalizzare le sintesi di nuovi filamenti di DNA complementari a quello stampo, a partire dagli inneschi. In generale, a partire da una molecola di DNA stampo a doppia elica si ottengono un numero di copie pari a  $2^n$ , dove n rappresenta il numero di cicli eseguiti. In generale, si ottengono da milioni a diversi miliardi di copie del segmento di DNA bersaglio, ognuna lunga da qualche decina a qualche migliaio di coppie di basi (**figura 2.4**).



**Figura 2.4.** Schema rappresentativo della *Polymerase Chain Reaction* (PCR). A sinistra: rappresentazione schematica del ciclo termico - ogni ciclo prevede la denaturazione del DNA stampo, l'ibridazione dei primer e la polimerizzazione dei nuovi filamenti. A destra: amplificazione esponenziale del numero di molecole corrispondenti al frammento bersaglio

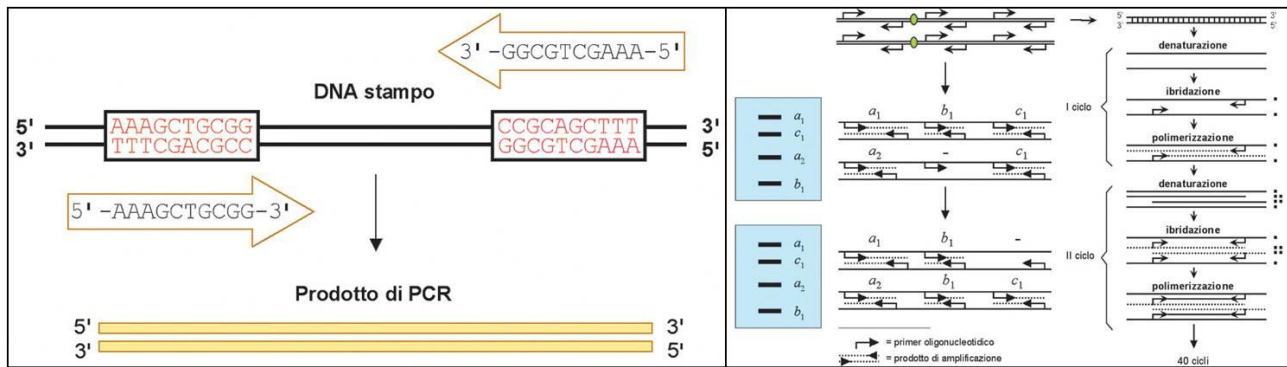
Lo stesso procedimento può essere utilizzato per amplificare una molecola a doppia elica di DNA ottenuta per trascrizione inversa a partire da un mRNA (cDNA). Questo adattamento della PCR rende possibile l'analisi dei messaggeri trascritti e rappresenta uno strumento molto potente per l'analisi dell'espressione genica. I pregi di velocità, semplicità, sensibilità e selettività hanno reso la PCR una tecnica eccellente per analizzare la struttura e la funzione di un gran numero di alleli differenti in campioni di DNA quantitativamente limitati.

**Marcatori RAPD e AP-PCR** (rispettivamente, *Random Amplification of Polymorphic DNA* -DNA polimorfico amplificato a caso e *Arbitrarily primed PCR* - Reazione a Catena della Polimerasi Arbitrariamente Innescata) (Williams *et al.*, 1990; Welsh e McClelland, 1990). Rispetto alla PCR convenzionale, i marcatori RAPD prevedono l'impiego di un solo primer 10-mer che, essendo breve, è in grado di trovare un maggior numero di siti complementari di appaiamento. Per la rilevazione di marcatori AP-PCR vengono spesso utilizzati *primer* universali come M13 (5'-TTATGAAACGACGGCCAGT-3'). Ogni prodotto di amplificazione include pertanto un tratto cromosomico di sequenza non nota, le cui regioni fiancheggianti sono complementari alla sequenza del *primer*, in un filamento, e omologhe a questa, nell'altro filamento (**figura 2.5**).

La numerosità dei polimorfismi RAPD ottenibili per singolo *primer* varia mediamente da 6 a 12, fino ad un massimo di 20, in funzione della complessità genomica dell'organismo analizzato. I prodotti di amplificazione sono generalmente separati per elettroforesi su gel di agarosio e colorati con un colorante DNA-specifico. In alcuni casi, per una migliore risoluzione elettroforetica di frammenti di minore peso molecolare, è possibile utilizzare un gel di acrilamide in combinazione con una colorazione a base di nitrato di argento. In tale caso, la tecnica è più frequentemente chiamata DAF (*DNA Amplification Fingerprinting*) (Caetano-Anollés *et al.*, 1991). In ogni caso è possibile evidenziare e fotografare un modello di bande che è caratteristico dell'individuo analizzato.

I polimorfismi sono da attribuire a differenze nella sequenza nucleotidica riconosciuta dai *primer* o a differenze della dimensione del frammento all'interno dei siti di attacco dei *primer* stessi. Lo svantaggio maggiore dei marcatori RAPD è quello di essere dominanti in quanto non sono in grado di distinguere gli omozigoti dall'eterozigote. Inoltre, i risultati ottenuti con questi marcatori presentano spesso problemi di riproducibilità dovuti alle basse condizioni di stringenza delle reazioni di amplificazione (basse temperature di *annealing*). Offrono, invece, vantaggi di semplicità e la rapidità di esecuzione e la capacità di saggiare più loci genomici per esperimento di amplificazione (e quindi il basso rapporto costo/informazioni).





**Figura 2.5.** Marcatori RAPD ed AP-PCR. A sinistra: Analisi di marcatori RAPD con primer decamerici (10-mer) casuali. A destra: rappresentazione schematica della natura del polimorfismo *multi-locus* dei marcatori RAPD (o AP-PCR)

**Marcatori SSLP o STMS** [acronimi di *Simple Sequence Length Polymorphism* o *Sequence Tagged Microsatellite Site*, noti più semplicemente come **SSR**, *Simple Sequence Repeat* (Sequenze Ripetute Semplici) o **Microsatelliti**] (Tautz, 1988; Dietrich *et al.*, 1992; Morgante e Olivieri, 1993; Bell e Ecker, 1994). Analogamente ai VNTR, gli SSR consentono di mettere in evidenza i polimorfismi a livello delle sequenze di DNA ripetute. Disperse nel genoma esistono, infatti, sequenze ripetute molto semplici, cioè oligonucleotidi di 2-5 pb - tipo  $(CA)_n$ ,  $(GCC)_n$ ,  $(GATA)_n$ , ecc. - chiamate microsatelliti. È stato stimato che esiste, in media, una regione SSR ogni 50-750 kb, in funzione del tipo di motivo ripetuto: ad esempio, il numero di tali loci in riso si aggira intorno a  $2 \times 10^3$  per  $(GA)_n$  e  $(CA)_n$ .

In questo caso, i polimorfismi si mettono in evidenza utilizzando la PCR con *primer* specifici disegnati in modo da essere complementari alle regioni che fiancheggiano le sequenze ripetute poiché queste risultano essere altamente conservate (**figura 2.6**). I *primer* così disegnati consentono di amplificare singoli microsatelliti che possono differire tra individui non per il motivo di base, ma per il numero di volte che questo motivo è ripetuto. I prodotti di amplificazione corrispondenti agli alleli marcatori del locus *target* vengono normalmente sottoposti ad elettroforesi in gel di poliacrilammide poiché soltanto questa matrice consente di evidenziare polimorfismi di pochi (2-5) nucleotidi. Inoltre, la dimensione delle sequenze di DNA microsatellite è generalmente molto ridotta: in mais, ad esempio, mediamente si aggira tra 100 e 200 pb.

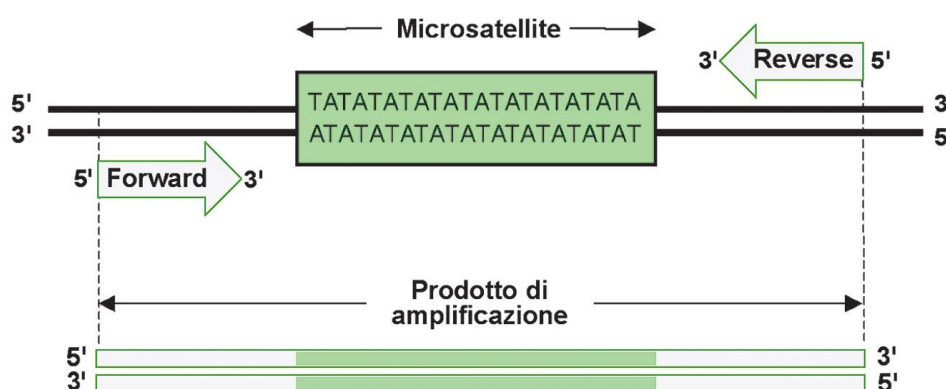
L'adozione di tale tecnica prevede il clonaggio di sequenze microsatelliti locus-specifiche attraverso la costruzione di una libreria genomica della specie di interesse, lo *screening* di questa con sonde



per sequenze ripetute, il sequenziamento dei cloni "positivi" e il disegno dei *primer* complementari alle regioni fiancheggianti. L'analisi di regioni SSR richiede, pertanto, investimenti considerevoli per l'identificazione e il sequenziamento mirato all'individuazione di sequenze microsatelliti, e delle relative regioni fiancheggianti, e alla loro conversione in marcatori sito-specifici.

Mutazioni occasionali della lunghezza del tratto microsatellite sono attribuibili allo "scivolamento" reciproco dei due filamenti del DNA durante la replicazione e a errori del sistema di riparazione delle basi del DNA (Strand *et al.*, 1993).

Si tratta di una classe di marcatori molecolari capaci di mettere in evidenza una elevatissima diversità genetica poiché i polimorfismi sono dovuti a varianti alleliche, allo stesso locus: il numero di alleli riportato per singolo locus SSR varia da 3-5 in orzo, 6-8 in soia, 5-11 in riso, fino a oltre 20 in mais. Tale caratteristica li rende particolarmente adatti alla tipizzazione genotipica e all'identificazione varietale. Un'altra caratteristica di tale classe di marcatori, che ne giustifica l'ampia diffusione ed utilizzazione, nell'analisi finalizzata alla costruzione di mappe genetiche, è connessa alla natura co-dominante dei marcatori: saggiando singoli loci rende possibile rivelare l'allele, nel caso di omozigosi, o gli alleli, nel caso di eterozigosi, in essi presenti. Il maggiore vantaggio dei marcatori SSR risiede comunque nell'elevata riproducibilità dei polimorfismi, analogamente ai marcatori RFLP. Queste peculiarità hanno fatto sì che questi marcatori siano stati spesso indicati come strumenti utili per complementare, assistere o validare i test DUS del sistema UPOV (De Riek *et al.* 2001, Tommasini *et al.* 2003; Rao *et al.*, 2006; UPOV, BMT Guidelines, 2009.).

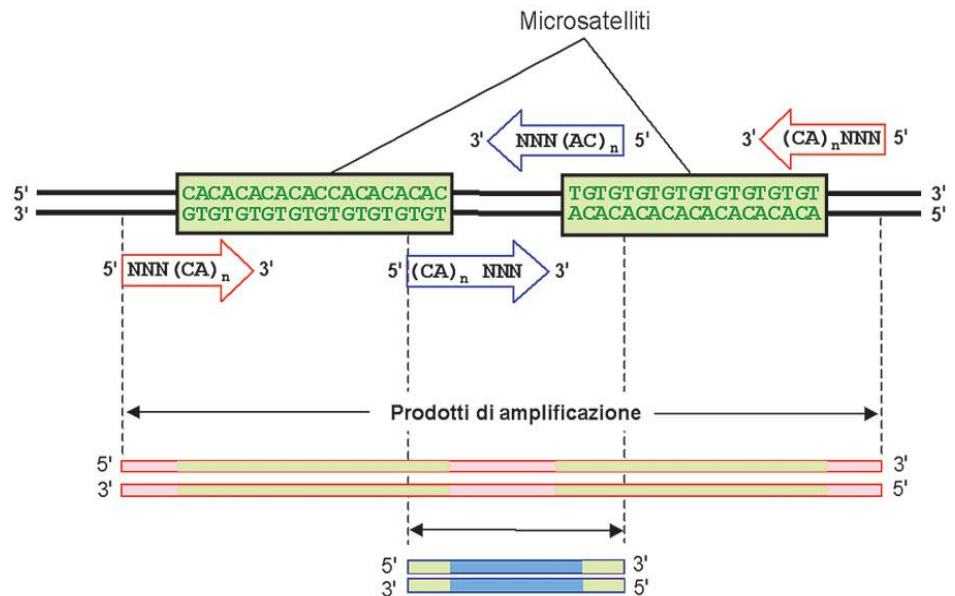


**Figura 2.6.** Analisi dei marcatori microsatelliti (SSR)

**Marcatori I-SSR** (acronimo di *Inter-Simple Sequence Repeat* noti più semplicemente come Inter-microsatelliti), (Zietkiewicz *et al.*, 1994). Per la rilevazione di questi marcatori si utilizzano inneschi oligonucleotidici disegnati in modo tale che, unitamente alla ripetizione di monomeri molto semplici con due, tre o quattro nucleotidi come unità di base - ad es., (CA)<sub>n</sub>, (AGC)<sub>n</sub>, con n = 7-10, presentino anche due o più

(fino a quattro) basi selettive all'estremità 3' oppure 5' (figura 2.7). In questo modo, mediante PCR vengono amplificate le regioni comprese fra due microsatelliti ed è per tale motivo che sono chiamati anche inter-microsatelliti. I polimorfismi dipendono

**Figura 2.7.** Analisi di marcatori Inter-SSR (N=basi selettive)



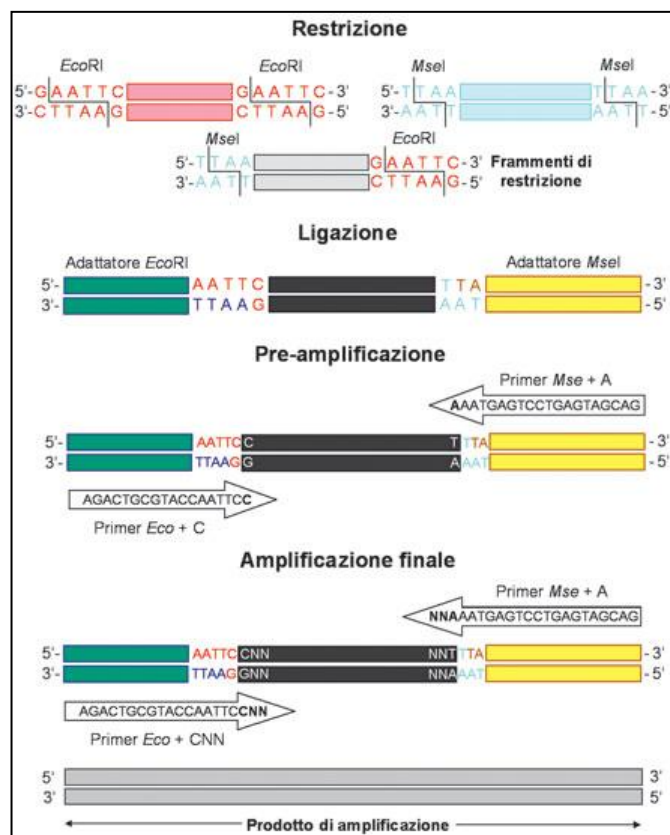
dalla lunghezza del tratto di DNA compreso tra due regioni microsatelliti aventi lo stesso motivo ripetuto, dal numero di ripetizioni presenti nei singoli microsatelliti e dalle sequenze delle regioni fiancheggianti i siti di attacco dei *primer* dove discriminano le basi selettive. I prodotti di amplificazione possono essere separati su gel orizzontali di agarosio oppure, per aumentare la capacità discriminante attraverso una migliore risoluzione dell'elettroforesi, su gel verticali di poliacrilammide (nel primo caso la procedura elettroforetica è analoga a quella usata per i RAPD, mentre nel secondo a quella usata per gli SSR). L'elevata variabilità delle regioni di DNA inter-microsatellite rende tali marcatori particolarmente efficaci nella caratterizzazione genomica. La loro natura dominante fa sì che i marcatori I-SSR non consentano di distinguere la situazione allelica ad un dato locus.

**Marcatori AFLP** (acronimo di *Amplified Fragment Length Polymorphism*, Polimorfismo della Lunghezza dei Frammenti di Restrizione Amplificati) (Zabeau e Vos, 1992; Vos *et al.*, 1995). La tecnica unisce le procedure usate per la rilevazione dei marcatori RFLP e RAPD: essa si basa, infatti, sull'amplificazione selettiva mediante PCR di frammenti di DNA derivanti da digestione del DNA genomico con specifici enzimi di restrizione (**figura 2.8**). La rilevazione di tali marcatori prevede: *i*) la digestione del DNA genomico con due differenti enzimi di restrizione; *ii*) la ligazione di adattatori oligonucleotidici ai frammenti di restrizione; *iii*) l'amplificazione selettiva (o pre-amplificazione) mediante *primer* oligonucleotidici complementari alle sequenze dei siti di restrizione e degli adattatori, aventi ciascuno una base selettiva in 3'; *iv*) l'amplificazione con due *primer* ognuno con due o tre nucleotidi selettivi addizionali (uno dei *primer* è marcato in 5'); *v*) la separazione dei frammenti ristretti ed amplificati in gel verticali di poliacrilammide (analoghi ai gel utilizzati per le sequenze); *vi*) il trasferimento del gel su apposite membrane di carta, l'essiccazione e l'esposizione su lastra autoradiografica. Le regioni cromosomiche saggiate da tali marcatori sono strettamente dipendenti dal tipo di enzima di restrizione usato. Tecnicamente sono piuttosto complessi e richiedono l'impiego di traccianti radioattivi, anche se la disponibilità di sequenziatori automatici rende eventualmente possibile l'adozione di coloranti fluorescenti (si perdono però molte informazioni).

**Marcatori SAMPL** (*Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci*, Amplificazione Selettiva di Loci Microsatellite Polimorfici) (Morgante e Vogel, 1994; Paglia e Morgante, 1998). Tale tecnica è una derivazione di quella AFLP: la modifica sostanzialmente consiste nell'amplificazione di tratti di DNA microsatellite senza la necessità di clonare e caratterizzare a priori la loro sequenza. La rilevazione dei marcatori SAMPL si basa sull'uso di un *primer* complementare a due sequenze SSR adiacenti in combinazione con un normale *primer* AFLP. Le procedure di restrizione del DNA genomico, ligazione degli adattatori e la pre-amplificazione sono analoghe a quelle tipiche della tecnica AFLP (**figura 2.9**).

La tecnica SAMPL combina le caratteristiche dei marcatori AFLP (saggio di tipo *multi-locus*) con quelle dei marcatori SSR (analisi di loci microsatelliti). Il più grande vantaggio di questa tecnica è senza dubbio la capacità di mettere in evidenza un numero elevatissimo di polimorfismi per singola combinazione di *primer* ed è per questa ragione che trova larga applicazione nella

caratterizzazione genetica basata sul DNA *fingerprinting*, nella costruzione di mappe genetiche e nella saturazione di gruppi *linkage*.



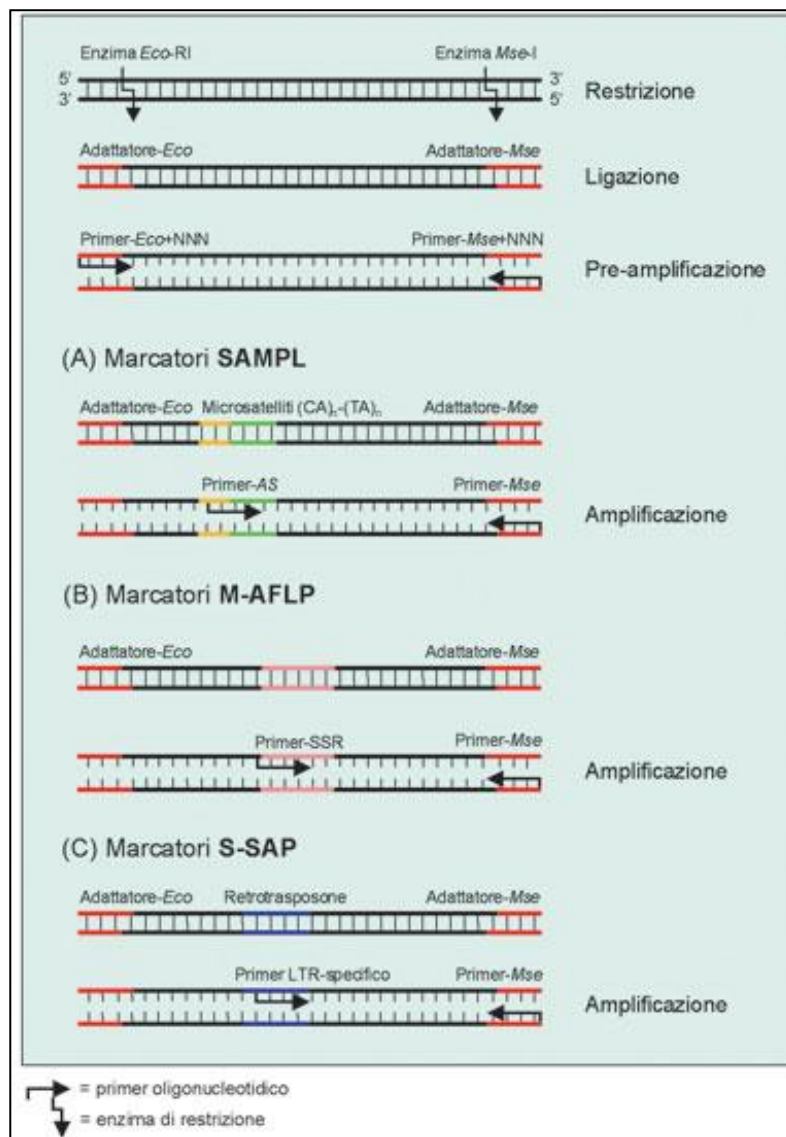
**Figura 2.8.** Procedura per la rilevazione di marcatori AFLP comprendente la digestione del DNA con due distinti enzimi di restrizione, la ligazione di adattatori, la pre-amplificazione e l'amplificazione finale con primer aventi una o più basi selettive

**Marcatori MFLP** (*Microsatellite-Anchored Fragment Length Polymorphism*, Polimorfismo della Lunghezza dei Frammenti Ancorati ai Microsatelliti). Anche tale tecnica è una derivazione di quella AFLP. La rilevazione dei marcatori MAFLP si basa sull'uso di un primer complementare ad una sequenza SSR in combinazione con un normale primer AFLP. Le procedure di restrizione del DNA genomico, ligazione degli adattatori e la pre-amplificazione sono analoghe a quelle tipiche della tecnica AFLP (**figura 2.9**).

**Marcatori S-SAP** (*Sequence-Specific Amplification Polymorphism*, Polimorfismo di Amplificazione di Sequenze Specifiche) (Waugh *et al.*, 1997). Anche questa tecnica è una modificazione di quella AFLP. È stata messa a punto per individuare una classe particolare di elementi genetici mobili, i **retrotrasposoni**, e permette di analizzare la variabilità connessa alla loro posizione di inserzione nel genoma e quella dovuta alle regioni fiancheggianti i siti di inserzione.

I retrotrasposoni presentano alle estremità, in maniera caratteristica, due sequenze dirette ripetute lunghe poche centinaia di paia di basi che costituiscono le LTR (*Long Term Repeats*, Lunghe Ripetizioni Terminali). La tecnica S-SAP prevede dei passaggi iniziali per la rilevazione dei polimorfismi uguali a quelli comunemente adottati per gli AFLP. L'amplificazione selettiva è invece realizzata impiegando un *primer* complementare alla sequenza di un singolo adattatore (esempio *Mse*) in combinazione con un *primer* omologo ad un tratto della regione terminale LTR, altamente conservata, del retrotrasposone (figura 11).

Una frazione dei polimorfismi rilevabili con questa tecnica deriva da variazioni a carico dei siti di restrizione o delle sequenze ad essi fiancheggianti dove discriminano le basi selettive dei *primer* AFLP-simili. Un'altra frazione di polimorfismo può essere dovuta a variazioni a carico della sequenza nella regione 5' in corrispondenza del LTR oppure a modificazioni riconducibili a duplicazioni inserzionali a carico del retrotrasposone.

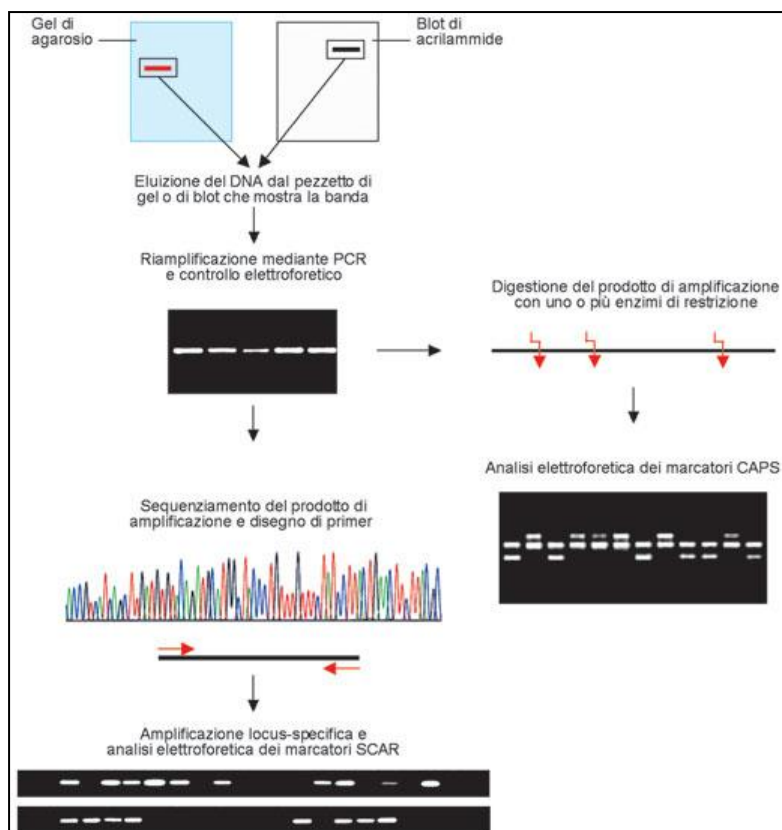


**Figura 2.9.** Analisi di marcatori SAMPL (A), di marcatori M-AFLP (B) e di marcatori S-SAP (C)

**Marcatori STS** (*Sequence-Tagged Sites*, Siti con Sequenza Bersaglio Nota) (Olson *et al.*, 1989). Tra questi si possono annoverare i CAPS (*Cleaved Amplified Polymorphic Sequences*, Sequenze Polimorfiche Amplificate e Ristrette) (Akopyanz *et al.*, 1992) e gli SCAR (*Sequence Characterized Amplified Region*, Regioni Amplificate di Sequenza Caratterizzata) (Michelmore *et al.*, 1991). Per definizione, questi sono marcatori molecolari di sequenza nota individuabili mediante normale PCR (figura 2.10). Infatti, i primer utilizzati per l'amplificazione vengono sintetizzati sulla base

delle informazioni di una sequenza bersaglio nota. I polimorfismi possono raramente essere individuati in base alla lunghezza del frammento amplificato di sequenza nota (SCAR), ma generalmente lo sono dopo digestione con enzimi di restrizione che riconoscono siti di taglio all'interno del frammento amplificato (CAPS). Questi marcatori trovano, infatti, applicazione soprattutto nella selezione assistita per caratteri qualitativi (es. resistenza a patogeni) e

nell'analisi di caratteri quantitativi complessi ad eredità poligenica, importanti sotto il punto di vista produttivo e/o adattativo, finalizzata alla ricerca di QTL ad essi associati.



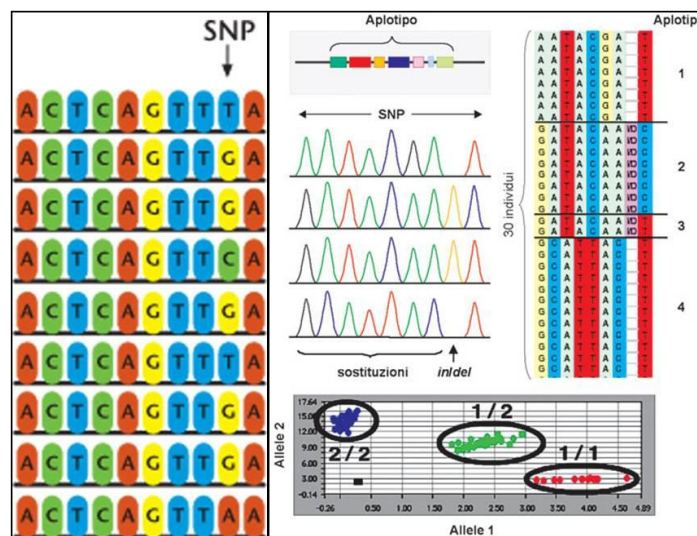
**Figura 2.10.** Procedura per lo sviluppo di marcatori SCAR e CAPS. Esempi di profili elettroforetici generati da marcatori SCAR e CAPS

**Marcatori SNP** (acronimo di *Single Nucleotide Polymorphism*, Polimorfismo di Singoli Nucleotidi) (Jordan e Humphries, 1994). Come suggerisce il nome, questa classe di marcatori molecolari, adottata soltanto recentemente nei vegetali (mais, riso, soia, pomodoro), consente di mettere in evidenza il polimorfismo riconducibile a differenze per singoli nucleotidi (**figura 2.11**). Per la rilevazione dei marcatori SNP, è necessario che sia nota la sequenza bersaglio. In questo modo è possibile disegnare la coppia di *primer* idonea per l'amplificazione, tramite PCR, di tali frammenti. Il sequenziamento dei prodotti di amplificazione e l'allineamento delle sequenze mette in evidenza le differenze dovute a mutazioni puntiformi (inserzioni, delezioni, sostituzioni).

Marcatori SNP possono essere messi in evidenza sia in regioni trascritte di DNA che in quelle non trascritte. Confrontando le sequenze di uno stesso clone proveniente da individui differenti è possibile individuare polimorfismi dovuti a singoli nucleotidi. Il polimorfismo legato a regioni espresse del genoma permette di seguire i meccanismi adattativi subiti dalle piante in risposta alla pressione selettiva dell'ambiente e di identificare la variabilità associata a geni che controllano caratteri di interesse agronomico suscettibili di miglioramento genetico. Data la frequenza con cui avvengono le mutazioni puntiformi, gli SNP sono considerati i marcatori con il più alto potenziale di polimorfismo genomico rilevabile.

I marcatori SNP vengono, infatti, considerati dagli esperti del settore come la classe di marcatori molecolari del futuro. È già stata accertata, grazie alla loro capacità di mettere in evidenza aplotipi molecolari altamente conservati, l'idoneità di tali marcatori in analisi filogenetiche ed evolutive. Al momento sono ancora in corso di valutazione le potenzialità applicative di questi marcatori in ciò che viene chiamato *genotyping*, ai fini del loro impiego nella selezione assistita e nell'identificazione di germoplasma specifico. Il sequenziamento dei genomi delle specie vegetali e, nell'ambito di queste, il ri-sequenziamento di genotipi differenti rappresenta una fonte di dati per l'identificazione *in silico* di nuovi SNP. Inoltre, l'applicazione delle nuove tecnologie di sequenziamento massivo e parallelo (Next Generation Sequencing) all'identificazione ed all'analisi degli SNP incrementa di molti ordini di grandezza le capacità di descrizione degli organismi viventi sulla base del loro DNA. Peraltro, la progressiva riduzione dei costi di applicazione di tali tecnologie potrebbe, in un futuro non molto lontano, avere un forte impatto sulle procedure di caratterizzazione ed identificazione delle RGV.





**Figura 2.11.** Rappresentazione schematica del concetto di SNP. A sinistra: allineamento multiplo di sequenze che mostrano polimorfismo dovuto a singoli nucleotidi. A destra: Rappresentazione grafica di un aplotipo molecolare basato su marcatori SNP

## Bibliografia

- Agarwal M., Shrivastava N., Padh H. (2008) - Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Rep.* 27: 617-631.
- Akopyanz N., Bukanov N.O., Westblom T.J., Berg D.E. (1992) - PCR-Based RFLP analysis of DNA sequence diversity in the gastric pathogen *Helicobacter pylori*. *Nucleic Acid Res.*, 20 (23): 6221-6225.
- Barcaccia G. e Falcinelli M. (2006) - Genetica e genomica. Vol. III. Genomica e Biotecnologie genetiche. Liguori Editore.
- Barcaccia G., Lucchin M., Parrini P. (2000) - Analisi del genoma mediante marcatori molecolari: I. fondamenti metodologici. *Riv. Di Sem. El.*, 5: 5-15.
- Beckman J.S., Soller M. (1983) - Restriction Fragment Length Polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. *Theor. Appl. Genet.*, 67: 35-43.
- Bell C.J., Ecker J.R. (1994) - Assignment of 30 microsatellite loci to the linkage map of *Arabidopsis*. *Genomics*, 19: 137-144.
- Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R. W. (1980) - Construction of a genetic linkage map in man using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.*, 32: 314-331.
- Caetano-Anollés G., Bassam B.J., Gresshoff P.M. (1991) - DNA amplification fingerprinting: a strategy for genome analysis. *Plant Molec. Biol. Rep.*, 9 (4): 294-307.
- Dallas G.F. (1988). Detection of DNA fingerprints of cultivated rice by "hybridization with a human minisatellite". *Probe. Proc. Nati. Acad. Sci. USA*, 85: 6831-6835.
- De Riek J., Calsyn E., Everaert I., Van Bockstaele E. e De Loose M. (2001). AFLP based alternatives for the assessment of distinctness, uniformity and stability of sugar beet varieties. *Theor. Appl. Genet.* 103, 1254-1265.
- Dietrich W., Katz H., Lincoln S.E., Shin H.S., Friedman J., Dracopoli N.L. e Lander E. S. (1992) - A genetic map of the mouse suitable for typing intraspecific crosses. *Genetics*, 131: 423-447.
- Garant D. e Kruuk L.E. (2005) - How to use molecular marker data to measure evolutionary parameters in wild populations. *Mol. Ecol.* 14: 1843-1859.
- Gostimskii S.A., Kokaeva Z.G. e Konovalov F.A. (2005) - Studying plant genome variation using

molecular markers. *Genetika* 41: 480-492.

Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. (1985) - Hypervariable "minisatellite" regions in human DNA. *Nature*, 314: 67-73.

Jordan S. A., Humphries P. (1994) - Single nucleotide polymorphism in exon 2 of the Bcp gene on 7q31-Q35. *Human Molecular Genetics*, 3(10): 1915.

Michelmore R.W., Paran I., Kesseli E.V. (1991) - Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 88: 9828-9832.

Morgante M., Olivieri A.M. (1993) - PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal*, 3: 175-182.

Morgante M., Vogel J. (1994). Compound microsatellite primers for the detection of genetic polymorphisms. U.S. Patent Appl. 08/326456.

Mullis K.B., Faloona F.A., Scharf S.J., Saiki K., Horn G.T., Herlich H.A. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.*, 51: 263-273.

Olson M., Hood L., Cantor C. H., Botstein D. (1989) - A common language for physical mapping of the human genome. *Science*, 24: 1434-1435.

Paglia G., Morgante M. (1998) - PCR-based multiplex DNA-fingerprinting techniques for the analysis of conifer genomes. *Molecular Breeding*, 4: 173-177.

Rao R., G. Corrado, M. Bianchi e A. Di Mauro (2006) - (GATA)4 DNA fingerprinting identifies morphologically characterized San Marzano tomato plants. *Plant Breeding* 125: 173-176.

Southern E. (1975). Detection of specific sequences among DNA rearrangements separated by gel electrophoresis. *J. Molec. Bio.*, 98: 508-517.

Strand M., Prolla T.A., Liskay R. M., Petes T.D. (1993). Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. *Nature*, 365: 274-276.

Tautz D. (1988). Hyper variability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Res.*, 17: 6463-6471.

Tommasini L., Batley J., Arnold G. M., Cooke R. J., Donini P. (2003). The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.* 106: 1091-1101.

Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reuans M., Van De Lee T., Hornes M., Fruters A., Pot J., Peleman J., Kuper M., Zabeau M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.*, 23: 4407-4414.

Waugh R., Mclean K., Flavell A.J., Pearce S.R., Kumar A., Thomas B.B., Powell W. (1997). Genetic distribution of bare-L-like retrotransposable elements in the barley genome revealed by Sequence-Specific Amplification Polymorphism (S-SAP). *Molecular And Gen. Genetics*, 253: 687-694.

Welsh J., McClelland M. (1990) - Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Res.*, 24: 7213-7218.

Williams J.G.K, Kubelik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A., Tingey S.V. (1990) - DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.*, 22: 6531-6535.

Zabeau M., Vos P. (1992). European patent application. Publication No. 0543 858 A1.

Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. (1994) - Genome fingerprinting by Simple Sequence Repeat (SSR)-Anchored Polymerase Chain Reaction Amplification. *Genomics*, 20: 176-183.

## Allegato 4.3

# DESCRITTORI GENETICI CODIFICATI IN VITE

Per la codifica dei campioni oggetto di analisi in base alla dimensione degli alleli, alcune varietà di riferimento devono essere analizzate come standard nella medesima analisi. Non vi sono particolari limitazioni nella scelta del metodo di analisi, tuttavia *i)* le condizioni di PCR per le varietà di riferimento e i campioni analizzati devono essere le stesse; *ii)* si raccomanda che in una PCR a 3 fasi la polimerizzazione finale sia di almeno 30 minuti.

CODICE	DESCRITTORE																																																																																				
OIV 801	<b>Marcatore SSR VVS2</b> Sequenze dei primers VVS2 a: CAG CCC GTA AAT GTA TCC ATC VVS2 b: AAA TTC AAA ATT CTA ATT CAA CTG G																																																																																				
	<table><tr><th>Livelli di espressione</th><th>Codice dell'allele di riferimento</th><th>Varietà di riferimento</th><th>Ulteriori varietà di riferimento</th></tr><tr><td>n</td><td>33C1**</td><td>3309 C. 1**</td><td></td></tr><tr><td>n + 2*</td><td>VIA1</td><td>Vialla N 1</td><td></td></tr><tr><td>n + 4</td><td>4MG1</td><td>420 A 1</td><td></td></tr><tr><td>n + 6</td><td>RO1</td><td>Romorantin B 1</td><td></td></tr><tr><td>n + 8</td><td>VE1</td><td>Veltliner rot RG 1</td><td></td></tr><tr><td>n + 10</td><td>BA1</td><td>Barbera N. 1</td><td>Moscato bianco B. 1/2</td></tr><tr><td>n + 12</td><td>BA2***</td><td>Barbera N. 2***</td><td></td></tr><tr><td>n + 14</td><td>CH1</td><td>Chardonnay B. 1</td><td>Pinot N., G., B. 1</td></tr><tr><td>n + 16</td><td>CF1</td><td>Cabernet franc N. 1</td><td>Merlot N. 1, Cabernet Sauvignon N. 1</td></tr><tr><td>n + 18</td><td>GO2</td><td>Ghoete 9 2</td><td>Kober 5 BB 2</td></tr><tr><td>n + 20</td><td>CH2</td><td>Chardonnay B. 2</td><td></td></tr><tr><td>n + 22</td><td>SU1</td><td>Sultanina bianca B. 1</td><td></td></tr><tr><td>n + 24</td><td>CF2</td><td>Cabernet franc N. 2</td><td></td></tr><tr><td>n + 26</td><td>99R2</td><td>99 Richter 2</td><td>Zibibbo B. 2, Kober 5 BB 2</td></tr><tr><td>n + 28</td><td>SI1</td><td>Sylvaner verde B. 1</td><td>Mourvèdre N 2</td></tr><tr><td>n + 30</td><td>SI2</td><td>Sylvaner verde B. 2</td><td></td></tr><tr><td>n + 32</td><td>MAR2</td><td>Madeleine royale B 2</td><td></td></tr><tr><td>n + 34</td><td>MAN2</td><td>Mancin N 2</td><td></td></tr><tr><td>n + 36</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>n + 38</td><td>33C2</td><td>3309 C. 2</td><td></td></tr></table>	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento	Ulteriori varietà di riferimento	n	33C1**	3309 C. 1**		n + 2*	VIA1	Vialla N 1		n + 4	4MG1	420 A 1		n + 6	RO1	Romorantin B 1		n + 8	VE1	Veltliner rot RG 1		n + 10	BA1	Barbera N. 1	Moscato bianco B. 1/2	n + 12	BA2***	Barbera N. 2***		n + 14	CH1	Chardonnay B. 1	Pinot N., G., B. 1	n + 16	CF1	Cabernet franc N. 1	Merlot N. 1, Cabernet Sauvignon N. 1	n + 18	GO2	Ghoete 9 2	Kober 5 BB 2	n + 20	CH2	Chardonnay B. 2		n + 22	SU1	Sultanina bianca B. 1		n + 24	CF2	Cabernet franc N. 2		n + 26	99R2	99 Richter 2	Zibibbo B. 2, Kober 5 BB 2	n + 28	SI1	Sylvaner verde B. 1	Mourvèdre N 2	n + 30	SI2	Sylvaner verde B. 2		n + 32	MAR2	Madeleine royale B 2		n + 34	MAN2	Mancin N 2		n + 36				n + 38	33C2	3309 C. 2	
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento	Ulteriori varietà di riferimento																																																																																	
	n	33C1**	3309 C. 1**																																																																																		
	n + 2*	VIA1	Vialla N 1																																																																																		
	n + 4	4MG1	420 A 1																																																																																		
	n + 6	RO1	Romorantin B 1																																																																																		
	n + 8	VE1	Veltliner rot RG 1																																																																																		
	n + 10	BA1	Barbera N. 1	Moscato bianco B. 1/2																																																																																	
	n + 12	BA2***	Barbera N. 2***																																																																																		
	n + 14	CH1	Chardonnay B. 1	Pinot N., G., B. 1																																																																																	
	n + 16	CF1	Cabernet franc N. 1	Merlot N. 1, Cabernet Sauvignon N. 1																																																																																	
	n + 18	GO2	Ghoete 9 2	Kober 5 BB 2																																																																																	
	n + 20	CH2	Chardonnay B. 2																																																																																		
	n + 22	SU1	Sultanina bianca B. 1																																																																																		
	n + 24	CF2	Cabernet franc N. 2																																																																																		
	n + 26	99R2	99 Richter 2	Zibibbo B. 2, Kober 5 BB 2																																																																																	
	n + 28	SI1	Sylvaner verde B. 1	Mourvèdre N 2																																																																																	
	n + 30	SI2	Sylvaner verde B. 2																																																																																		
	n + 32	MAR2	Madeleine royale B 2																																																																																		
	n + 34	MAN2	Mancin N 2																																																																																		
	n + 36																																																																																				
	n + 38	33C2	3309 C. 2																																																																																		

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "33C1" e "3309 C 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar Couderc 3309

\*\*\* per "BA2" e "Barbera N. 2" si intende l'allele di dimensione più grande del Barbera N.

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VVS2 va da 123/124 a 161/162 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n-2", il codice corrispondente dell'allele sarà "33C1-2".

CODICE	DESCRITTORE		
<b>OIV 802</b>	<b>Marcatore SSR VVMD5</b>		
	Sequenze dei primers VVMD5 a: CTA GAG CTA CGC CAA TCC AA VVMD5 b: TAT ACC AAA AAT CAT ATT CCT AAA		
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento
	n	AL1**	Alvarelhao 1**
	n + 2*		
	n + 4	CF1	Cabernet franc N. 1
			Sylvaner verde B. 1, Merlot N. 1, Barbera N. 1/2
	n + 6	MU1	Moscato bianco B. 1
			Pinot N.,G.,B. 1
	n + 8	MAU1	Mauzac B 1
	n + 10	GE1	Gewürztraminer RG 1
			Sylvaner verde B. 2
	n + 12	CH1	Chardonnay B. 1
			Sultanina bianca B. 1/2
	n + 14	MU2***	Moscato bianco B. 2***
			Merlot N. 2, Kober 5 BB 1
	n + 16	CH2	Chardonnay B. 2
			Traminer RG 2, Pinot N.,G.,B. 2
	n + 18	CF2	Cabernet franc N. 2
			Cabernet Sauvignon N. 2
	n + 20		
	n + 22	VI2	Vital B 2
			Jacquez N
	n + 24	VE2	Veltliner rot RG 2
			Saperavi N 2
	n + 26		
	n + 28		
	n + 30	33C1	3309 C. 1
			Malegue 44-53 1
	n + 32		
	n + 34	1MG1	101.14 1
	n + 36		
	n + 38		
	n + 40	GO1	Goethe 9 1
	n + 42	33C2	3309 C. 2
			Malegue 44-53 2
	n + 44	1MG2	101.14 2
			Kober 5 BB 2
	n + 46	11R2	110 Richter 2
			1616 Couderc 2

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "AL1" e "Alvarelhao 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar Alvarelhao

\*\*\* per "MU2" e "Moscato bianco B. 2" si intende l'allele di dimensione più grande della cultivar Moscato bianco B.

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VVMD5 va da 222 a 268 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente dell'allele sarà "AL1 - 2".

CODICE	DESCRITTORE		
<b>OIV 803</b>	<b>Marcatore SSR VVMD7</b>		
	Sequenze dei primers VVMD7 a: AGA GTT GCG GAG AAC AGG AT VVMD7 b: CGA ACC TTC ACA CGC TTG AT		
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento
	n	FE1**	Fercal 1**
	n + 2*	MU1	Moscato bianco B. 1
	n + 4	VIA1	Vialla N 1
	n + 6	JA1	Jacquez N 1
	n + 8	CF1	Cabernet franc N. 1
			Merlot N. 1, Sultanina bianca B. 1, Pinot N.,G.,B. 1
	n + 10		
	n + 12	GE1	Gewürztraminer RG 1
			Sylvaner verde B. 1, Chardonnay B. 2, Pinot N.,G.,B. 2
	n + 14	33C1	3309 C. 1
	n + 16	ME2***	Merlot N. 2***
			Salvador N 1, Sylvaner verde B. 2
	n + 18	MU2	Moscato bianco B. 2
			Barbera N. 1
	n + 20	FE2	Fercal 2
			Salvador N 2, Vialla N 2
	n + 22	SU2	Sultanina bianca B. 2
			Barbera N. 2
	n + 24	PO2	Portoghese N. 2
	n + 26	GE2	Gewürztraminer RG 2
			1103 Paulsen 2, 110 Richter 2
	n + 28	33C2	3309 C. 2
	n + 30	99R2	99 Richter 2
	n + 32	CF2	Cabernet franc N. 2
			420 A 2
	n + 34	5C1	Teleki 5 C. 2
			Kober 5 BB 2

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "FE1" e "Fercal 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar Fercal

\*\*\* per "ME2" e "Merlot N. 2" si intende l'allele di dimensione più grande della cultivar Merlot N.

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VVMD7 va da 231 a 265 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente dell'allele sarà "FE1 - 2".

CODICE	DESCRITTORE		
<b>OIV 804</b>	<b>Marcatore SSR VVMD27</b> Sequenze dei primers VVMD27 a: GTA CCA GAT CTG AAT ACA TCC GTA AGT VVMD27 b: ACG GGT ATA GAG CAA ACG GTG T		
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento
	n	CS1**	Cabernet Sauvignon N. 1**
	n + 2*		
	n + 4	MU1	Moscato bianco B. 1
	n + 6	CF1	Cabernet franc N. 1
	n + 8	FE1	Fercal 1
	n + 10	PI1	Pinot N.,G.,B. 1
	n + 11	GO1	Goethe 9 1
	n + 12	VIA1	Vialla N 1
	n + 14	CS2***	Cabernet Sauvignon N. 2***
	n + 16	ME2	Merlot N. 2
	n + 18	4MG1	420 A 1
	n + 19	MU2	Moscato bianco B. 2
	n + 20	16C1	1616 Couderc 1
	n + 22	1MG1	101.14 1
	n + 24		
	n + 26		
	n + 28	5C1	Teleki 5 C. 1
	n + 30	44MA1	Malegue 44-53 1
	n + 32	1MG2	101.14 2
	n + 34	VIA2	Vialla N 2
	n + 36	16C2	1616 Couderc 2
	n + 38	SCH2	Schwarzmann 2
	n + 40	44MA2	Malegue 44-53 2
	n + 42	4MG2	420 A 2
	n + 44	GO2	Goethe 9 2

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "CS1" e "Cabernet Sauvignon N. 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar Cabernet Sauvignon N.

\*\*\* per "CS2" e "Cabernet Sauvignon N. 2" si intende l'allele di dimensione più grande della cultivar Cabernet Sauvignon N.

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VVMD27 va da 171 a 219 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente dell'allele sarà "CS1 - 2".



CODICE	DESCRITTORE		
<b>OIV 805</b>	<b>Marcatore SSR VrZAG62</b>		
	Sequenze dei primers VrZAG62 a: GGT GAA ATG GGC ACC GAA CAC ACG C VrZAG62 b: CCA TGT CTC TCC TCA GCT TCT CAG C		
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento
	n	1MG1**	101.14 1**
	n + 1*	44MA1	Malegue 44– 3 1
	n + 2		
	n + 4		
	n + 6	44MA2***	Malegue 44–53 2***
	n + 8	33C1	3309 C.
	n + 10	FE1	Fercal 1
	n + 12	MU1	Moscato bianco B. 1
	n + 14	CH1	Chardonnay B. 1
			Pinot N.,G.,B. 1, Traminer RG 1, Sylvaner verde B. 1, Sultanina bianca B. 1/2
	n + 16	33C2	3309 C. 2
	n + 18	VE1	Veltliner rot RG 1
	n + 20	CF1	Cabernet franc N. 1
	n + 22	CH2	Chardonnay B. 2
	n + 24	JA2	Jacquez N 2
	n + 26	5C1	Teleki 5 C. 1
	n + 28	SCH2	Schwarzmann 2
	n + 30	CF2	Cabernet franc N. 2
	n + 32		
	n + 34		
	n + 36	5C2	Teleki 5 C. 2
	n + 38		
	n + 40	11R2	110 Richter 2
	n + 42		
	n + 44		
	n + 46	FE2	Fercal 2

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "1MG1" e "101.14 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar 101.14

\*\*\* per "44Ma2" e "Malegue 44–53 2" si intende l'allele di dimensione più grande della cultivar Malegue 44–53

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VrZAG62 va da 174 a 220 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente dell'allele sarà "1MG1 - 2".

CODICE	DESCRITTORE		
<b>OIV 806</b>	<b>Marcatore SSR VrZAG79</b> Sequenze dei primers VrZAG79 a: AGA TTG TGG AGG AGG GAA CAA ACC G VrZAG79 b: TGC CCC CAT TTT CAA ACT CCC TTC C		
	Livelli di espressione	Codice dell'allele di riferimento	Varietà di riferimento Ulteriori varietà di riferimento
	n	RO1**	Romorantin B 1**
	n + 2*	PN1	Pinot N.,G.,B. 1
	n + 4		
	n + 6	CH1	Chardonnay B. 1
	n + 8	CH2***	Chardonnay B. 2***
	n + 10	CF1	Cabernet franc N. 1
	n + 12	SI1	Sylvaner verde B. 1
	n + 14	GE2	Gewürztraminer RG 2
	n + 16	VI2	Vital B 2
	n + 18	MU2	Moscato bianco B. 2
	n + 20	44MA1	Malegue 44-53 1
	n + 22	CF2	Cabernet franc N. 2
	n + 24	44MA2	Malegue 44-53 2
	n + 26	99R2	99 Richter 2

\* distanza in paia di basi dall'allele n

\*\* per "RO1" e "Romorantin B 1" si intende l'allele di dimensione più piccola della cultivar Romorantin B

\*\*\* per "CH2" e "Chardonnay B. 2" si intende l'allele di dimensione più grande della cultivar Chardonnay B.

N.B. L'intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli del marcatore VrZAG79 va da 235/236 a 261/262 paia di basi. Nello sviluppo di questo descrittore l'allele più corto trovato è stato arbitrariamente scelto come "n". Se viene trovato un nuovo allele di dimensione inferiore, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente dell'allele sarà "RO1 - 2".

## **Allegato 5**

# **QUADRO DELLA NORMATIVA COMUNITARIA E ITALIANA PER LA COMMERCIALIZZAZIONE DEL MATERIALE SEMENTIERO**

Scopo di questo allegato è descrivere il quadro normativo comunitario e italiano per la commercializzazione del materiale sementiero. Il dettaglio specifico relativo alle varietà da conservazione è stato riportato nel capitolo 4.

### **Commercializzazione del materiale sementiero nell'ambito dell'Unione Europea**

La produzione e la commercializzazione di materiale sementiero nei Paesi membri dell'Unione Europea è oggetto di direttive comunitarie fin dagli anni sessanta. Queste fanno parte delle misure previste dal Trattato Istitutivo della Comunità, destinate a dare applicazione alla sua Politica Agricola Comune.

Le direttive riguardano tutte le principali specie di interesse agricolo e orticolo a livello comunitario. Il quadro della legislazione comunitaria di base è integrato dalle disposizioni sul catalogo comune delle varietà di specie agricole. Un insieme di norme derivate e di misure applicative, completa l'approccio comunitario nel settore del materiale sementiero.

Il campo di applicazione delle direttive è definito specificamente nei primi articoli laddove viene data la definizione di commercializzazione, cioè la vendita, la conservazione a fini di vendita, l'offerta in vendita e qualsiasi collocamento, fornitura o trasferimento mirante allo sfruttamento commerciale di sementi a terzi, con o senza compenso.

Non vengono considerate come commercializzazione le compravendite di sementi non miranti allo sfruttamento commerciale della varietà, come le seguenti operazioni:

- la fornitura di sementi a Organismi ufficiali di valutazione e ispezione,
- la fornitura di sementi a prestatori di servizi, per la lavorazione o imballaggio, purché essi non acquisiscano titolo sulle sementi fornite.

Non viene parimenti considerata come commercializzazione la fornitura di sementi in determinate condizioni a prestatori di servizi per la produzione di talune materie prime agricole a fini industriali, ovvero la propagazione di sementi a questo scopo, purché essi non acquisiscano titoli sulle sementi fornite né sul prodotto del raccolto. Il fornitore delle sementi trasmette al servizio di certificazione una copia delle pertinenti disposizioni del contratto concluso con il prestatore di servizi comprendente le norme e le condizioni cui si conformano in quel momento le sementi fornite.

Gli elementi chiave della costruzione comunitaria sul materiale sementiero sono rappresentati da iscrizione ufficiale delle varietà destinate alla commercializzazione e controllo e certificazione ufficiale delle sementi commercializzate.

Le sementi conformi alla direttiva sono in libera commercializzazione in tutti i Paesi dell'Unione europea.

Gli Stati membri devono assicurare che solo varietà differenziabili, stabili e sufficientemente uniformi e, che possiedano, nel caso di specie agricole, un adeguato valore agronomico o di utilizzazione, possano essere iscritte al catalogo ufficiale.

Attraverso le direttive la Commissione ha stabilito condizioni da rispettare e caratteri da prendere in considerazione per l'esecuzione delle prove descrittive e agronomiche volte ad accertare il rispetto dei requisiti per la registrazione delle varietà.

Sulla base delle informazioni fornite dagli Stati membri, la Commissione pubblica periodicamente il "Catalogo comune delle varietà di specie agricole" e il "Catalogo comune delle varietà di specie orticole". Le varietà elencate su detti cataloghi sono in libera commercializzazione su tutto il territorio dell'Unione.

Il secondo caposaldo delle disposizioni comunitarie in materia di sementi è rappresentato da controllo e certificazione ufficiale del materiale commercializzato.

Nelle direttive sono definite misure ufficiali quelle adottate

- da un'autorità di Stato;
- da una persona giuridica, di diritto pubblico o privato, che opera sotto la responsabilità dello Stato;
- per attività sussidiarie, comunque soggette al controllo dello stato da personale appositamente dedicato allo scopo.

In base alle direttive, le sementi di specie agricole possono essere commercializzate solo se certificate da un'apposita Agenzia di certificazione, appositamente designata dallo Stato membro. Per le specie ortive il controllo dell'Agenzia di certificazione può essere effettuato per la specifica categoria "sementi standard" anche a posteriori e per sondaggio successivamente all'immissione in commercio.

Gli altri principali elementi presi in considerazione dalle direttive sono costituiti da:

- definizione delle categorie ammesse alla commercializzazione,

- condizioni che devono essere soddisfatte dalla coltura destinata a produrre sementi,
- campionamento e analisi di laboratorio,
- condizioni che devono essere soddisfatte dalle sementi,
- chiusura e etichettatura ufficiale delle confezioni.

### **Varietà da conservazione**

Con due provvedimenti comunitari tra il 2008 e il 2009 sono state adottate misure applicative specifiche sulla commercializzazione delle varietà da conservazione. Si tratta della direttiva della Commissione 2008/62/CE per le specie agricole e della direttiva 2009/145/CE della Commissione sulle specie ortive. La direttiva e conseguentemente la disciplina nazionale, definisce le deroghe applicabili alla registrazione delle varietà e alla commercializzazione delle sementi rispetto alle norme applicabili alle varietà convenzionali. Per quanto riguarda la registrazione, possono essere prese in considerazione prove non ufficiali e la descrizione può essere costituita da una lista di caratteri limitata, mentre l'omogeneità può essere inferiore a quella normalmente richiesta per l'iscrizione. Nel caso delle varietà da conservazione viene inoltre previsto che sia identificata la regione di origine della varietà come la località (o le località) dove essa sia coltivata tradizionalmente e alle cui condizioni sia naturalmente adatta. La varietà da conservazione deve essere mantenuta nella regione di origine, dove devono avvenire la produzione di sementi e la loro commercializzazione. Le sementi sono soggette a controllo a posteriori e devono soddisfare i requisiti previsti per le sementi standard. Il quantitativo di sementi che si può commercializzare è limitato e per ciascuna specie o gruppo di specie è previsto un quantitativo massimo che fa riferimento al fabbisogno necessario per seminare una determinata superficie (da un minimo di 10 a un massimo di 40 ettari).

### **Commercializzazione del materiale sementiero in Italia**

Gli Stati membri dell'Unione europea sono tenuti ad adottare disposizioni legislative, regolamentari e amministrative conformi alle direttive che disciplinano, nel proprio Diritto interno, la materia di competenza comunitaria. Il quadro normativo italiano sulla commercializzazione delle sementi recepisce pertanto le disposizioni comunitarie in precedenza richiamate.

L'Atto di base è la legge 25 novembre 1971, n.1096, successivamente modificata e integrata dalla legge 20 aprile 1976, n.195. Il Decreto del Presidente della Repubblica 8 ottobre 1973, n.1065 reca il Regolamento di esecuzione della legge n.1096. Nel tempo, tali provvedimenti sono stati più volte emendati, per la necessità di recepire le disposizioni adottate a livello comunitario; da ultimo, il Decreto del Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali del 15 aprile 2010.

Disposizioni che recepiscono e applicano le norme sull'iscrizione al registro delle varietà sono stabilite dal Decreto del Ministero delle Politiche Agricole del 24 gennaio 2004, modificato da ultimo con D.M. 19 ottobre 2010.

Modalità e criteri per l'iscrizione al registro nazionale delle varietà di singole specie o gruppi di specie sono stabiliti da specifici decreti del Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali di quelle di riso con D.M..

Specie o gruppo di specie	Decreto Ministeriale
Cereali	8 maggio 2001
Riso	21 ottobre 2002
<i>Triticum monococcum</i> , <i>Triticum diroccum</i> *	2002
Mais	2008
Patata	2008
Specie ortive	2009
Specie foraggere	2009
Girasole	2010
<i>Brassica carinata</i> *	2010

\* Iscrizione non obbligatoria

Disposizioni applicative relative ai controlli e alla certificazione delle sementi sono stabilite con circolare del Ministero delle Politiche Agricole 23 marzo 1973, modificato da ultimo con circolare 4 febbraio 1997, n.3.

L'insieme delle normative che governano la produzione e la commercializzazione delle sementi afferisce al diritto pubblico, essendo adottate nell'interesse della collettività.

Specificità della normativa nazionale è rappresentata dalle disposizioni che prevedono di subordinare l'esercizio dell'attività sementiera, intesa come produzione a scopo di vendita di sementi, al rilascio di autorizzazione. E' considerata produzione a scopo di vendita quella effettuata

da imprese che lavorano le sementi, selezionandole, depurandole dalle scorie e confezionandole per il commercio, qualunque ne sia l'entità, la cui attività sia indirizzata anche saltuariamente, ai fini industriali o commerciali. E' altresì considerata produzione a scopo di vendita quella effettuata da cooperative, consorzi, associazioni, aziende agrarie e altri Enti anche se al solo scopo della distribuzione ai propri associati, compartecipanti, coloni, mezzadri e dipendenti. E' inoltre considerata produzione a scopo di vendita la lavorazione dei prodotti sementieri effettuata per conto di terzi o comunque per la distribuzione.

Con decreto MiPAAF 12 novembre 2009 sono stati determinati i requisiti di professionalità e la dotazione minima delle attrezzature occorrenti per l'esercizio dell'attività di produzione, commercio e importazione di vegetali e prodotti vegetali, incluse le sementi e i tuberi di patata da semina.

Il provvedimento è stato adottato in applicazione dell'art. 12 del decreto legislativo 2 agosto 2007 n. 150 che aveva altresì stabilito che la licenza per la produzione a scopo di commercializzazione dei prodotti sementieri prevista dall'articolo 2 della legge 25 novembre 1971, n. 1096, fosse sostituita dall'autorizzazione prevista dagli articoli 19 e 55 del decreto legislativo 19 agosto 2005, n. 214.

In pratica l'autorizzazione alla produzione di sementi viene trattata dalle disposizioni di natura fitosanitaria che regolano la circolazione di tutti prodotti vegetali. L'istituzione di riferimento diventa quindi il Servizio Fitosanitario Regionale e non più la Camera di Commercio, Industria, Artigianato e Agricoltura provinciale, prerequisito per la ditta è comunque l'iscrizione al Registro delle imprese presso la competente C.C.I.A.A. Una volta autorizzate le ditte vengono iscritte in un apposito Registro ufficiale regionale.

I produttori di sementi e altri materiali di propagazione disciplinati dalla legge 25 novembre 1971, n.1096, devono dimostrare - questa è la novità - di possedere, direttamente o tramite una figura tecnica operante nell'azienda stessa, adeguate conoscenze professionali sulle tecniche di produzione e di selezione meccanica nonché sulle normative sementiere e fitosanitarie riguardanti le categorie delle sementi per le quali viene richiesta l'autorizzazione a produrre. Tali conoscenze devono essere descritte in un sintetico curriculum e si intendono acquisite se si riscontra almeno una delle seguenti condizioni:

- ha esercitato per almeno cinque anni attività nel settore sementiero come titolare di azienda sementiera o come coadiuvante familiare o dipendente con responsabilità tecniche;



- ha frequentato con esito favorevole un corso di formazione sulle tecniche di produzione nonché sulle normative fitosanitarie e di commercializzazione delle sementi, il cui programma sia stato approvato dal Servizio fitosanitario regionale;
- Ha superato con esito favorevole un colloquio presso il servizio fitosanitario regionale, volto a verificare le conoscenze sulle normative fitosanitarie e di commercializzazione delle sementi.

Coloro che producono le sementi iscritte nel registro delle varietà da conservazione di cui al Decreto ministeriale 18 aprile 2008 sono esentati dal possesso di tali requisiti.

Se il responsabile tecnico/fitosanitario non è titolare dell'azienda, deve essere in possesso di apposito incarico, sottoscritto per accettazione, a rapportarsi con il Servizio fitosanitario competente per conto dell'azienda.

Se all'atto dei controlli presso l'azienda i Servizi fitosanitari riscontrano l'assenza dei requisiti minimi previsti, stabiliscono i termini per l'adeguamento. Il mancato adeguamento entro i termini comporta la revoca dell'autorizzazione e l'applicazione di sanzioni.

Le ditte sementiere devono disporre di locali e attrezzature tecniche idonee e sufficienti per svolgere razionalmente l'attività sementiera. Nel caso di ditte che esercitano anche altre attività, le attrezzature e i locali destinati alla lavorazione delle sementi devono essere fisicamente separati da quelli destinati a altre attività.

Le ditte devono disporre inoltre di locali o spazi idonei a mantenere le sementi isolate nel caso di problemi fitosanitari.

Le ditte sementiere hanno tempo due anni per ottenere l'autorizzazione ai sensi delle nuove disposizioni a patto che comunichino la loro intenzione al Servizio fitosanitario regionale. Anche le autorizzazioni rilasciate ai sensi dell'art. 1 della legge 18 giugno 1931, n. 987 (che nel caso delle sementi consentiva il riconfezionamento di ortive standard) dovranno essere sostituite dalla nuova autorizzazione regionale.

Il decreto rimanda infine alle sanzioni previste dal decreto legislativo 214/2005 in caso di inadempienze.

Il controllo e la certificazione delle sementi sono affidati all'Ente Nazionale Sementi Elette (ENSE), ente di diritto pubblico posto sotto la vigilanza del MIPAAF. Con legge n.122/2010 l'ENSE è stato

soppresso, funzioni, strutture e personale sono stati attribuiti all'INRAN (Istituto Nazionale di Ricerca per gli Alimenti e la Nutrizione).

I controlli sui prodotti sementieri già in commercio sono affidati al Servizio Centrale per la Repressione delle Frodi in Agricoltura (ICQRF), Istituzione del Ministero delle Politiche agricole che opera sul territorio.

Per quanto riguarda la registrazione delle varietà, un apposito Ufficio del Ministero delle Politiche Agricole è responsabile dei procedimenti relativi all'accertamento dei requisiti tecnici (D.U.S. e valore agronomico) e amministrativi (tariffe dovute dai costitutori) per l'iscrizione e al rispetto dei regolamenti comunitari sulle denominazioni varietali.

Le prove tecniche sono coordinate dall'INRAN ex ENSE (cereali, foraggere, patata, ortive) e dalla Regione Emilia Romagna (colture industriali). Una rete di circa 40 Istituzioni di Ricerca svolgono le prove agronomiche e le analisi di qualità necessarie.

I piani di attività vengono decisi in consultazione tra i Centri di coordinamento, rappresentanti delle Regioni e del Ministero.

Presso il Ministero è istituita una "Commissione Sementi", composta da rappresentanti di costitutori, ditte sementiere, agricoltori, Istituzioni di Ricerca e presieduta da un rappresentante ministeriale che ha il compito di esprimere pareri sui risultati delle prove. L'iscrizione delle varietà è sancita da un Decreto del Ministero delle Politiche Agricole e pubblicato sulla Gazzetta ufficiale della Repubblica.

Per quanto riguarda le varietà da conservazione, il decreto legislativo 29 ottobre 2009, n. 149 ha recepito nell'ordinamento nazionale la direttiva 2008/62/CE (specie agricole); il decreto legislativo 30 dicembre 2010, n. 267 ha recepito la direttiva 2009/145/CE (specie orticole).

I compiti di controllo sulle restrizioni quantitative e sulla qualità delle sementi sono affidati all'INRAN ex ENSE.

Il Dlgs. n. 149 abroga le disposizioni in tema di varietà da conservazione precedentemente contenute nell'articolo 19 bis della legge n. 1096/71 ad eccezione del comma 6 che prevede la possibilità che ai produttori agricoli, residenti nei luoghi dove le "varietà da conservazione" iscritte nel registro hanno evoluto le loro proprietà caratteristiche o che provvedano al loro recupero e mantenimento, sia riconosciuto il diritto alla vendita diretta in ambito locale di modiche quantità di sementi o materiali da propagazione relativi a tali varietà, qualora prodotti nella azienda

agricola condotta. Il Ministro delle politiche agricole alimentari e forestali stabilisce, con proprio decreto, previo parere della Conferenza permanente per i rapporti tra lo Stato, le regioni e le province autonome di Trento e Bolzano, le modalità per l'esercizio di tale diritto.

Oltre alle varietà da conservazione, il Dlgs. n. 267 regola anche la commercializzazione di varietà amatoriali di specie orticole.

Inoltre, con l'approvazione del D.M. 17 dicembre 2010, in applicazione dell'articolo 22 del decreto legislativo 149/2009 sono state stabilite le modalità per l'ammissione al registro nazionale delle varietà da conservazione di specie agrarie ed è stato abolito il decreto 18 aprile 2008 che dava applicazione all'articolo 19 bis, poi parzialmente abrogato dallo stesso decreto legislativo. Il D.M. 17 dicembre 2010 prevede che la domanda di iscrizione di una varietà da conservazione debba essere inoltrata al MIPAAF tramite la regione o la provincia autonoma competente per territorio, per iniziativa del Ministero, delle Regioni o di enti pubblici, istituzioni scientifiche, organizzazioni, associazioni, singoli cittadini e aziende. L'iscrizione è gratuita se sono disponibili tutte le informazioni necessarie per la registrazione.

Infine, con Direttiva 2010/60/EU del 30 agosto 2010 della Commissione sono state adottate misure applicative per consentire la commercializzazione di sementi in miscuglio di specie foraggere destinate a preservare l'ambiente naturale. I miscugli possono essere costituiti da sementi raccolte in natura in zone appositamente identificate o ottenute da moltiplicazioni ottenute da tali sementi in zone controllate. La produzione deve essere preventivamente autorizzata da un'autorità dello Stato membro e può avvenire solo in quantità pari al 5% dei miscugli commercializzati annualmente e limitatamente alla zona identificata per la loro produzione. I requisiti di qualità fanno riferimento con specifiche deroghe a quelli previsti per le sementi commerciali nell'ambito della direttiva sulla commercializzazione di sementi foraggere (66/401/CEE) e devono essere vendute in confezioni chiuse ed etichettate con un cartellino del produttore. L'autorità dello Stato membro deve effettuare un monitoraggio della produzione allo scopo di verificare il rispetto delle norme previste. La direttiva dovrà essere recepita dagli Stati membri entro il 30 novembre 2011.

**Informazioni necessarie per l'iscrizione di varietà da conservazione di specie agricole (art. D.M. 17 dicembre 2010)**

- a) denominazione botanica e nome comune della specie
- b) nome comune o nome locale della varietà e ogni eventuale sinonimo;
- c) descrizione della varietà risultante da valutazioni ufficiali, non ufficiali o da conoscenze acquisite con l'esperienza pratica durante la coltivazione, la riproduzione e l'impiego;
- d) zona di origine della varietà, come definita dall'art.8 del decreto legislativo 149/2009;
- e) documentazione di carattere storico e culturale volta a dimostrare il legame tra la coltivazione della varietà e la zona di origine;
- f) zona o zone di produzione delle sementi come definite dall'art. 11 del decreto legislativo 149/2009;
- g) superficie della zona di origine nella quale viene effettuata la produzione di sementi e superficie di coltivazione nella quale si intende realizzare la produzione;
- h) zona o zone di commercializzazione delle sementi come definite dall'art. 13 del decreto legislativo 149/2009;
- i) condizioni di coltivazione normalmente adottate per le varietà, con particolare riferimento all'investimento unitario di sementi;
- j) quantitativo di sementi mediamente prodotto nella zona o nelle zone di origine;
- k) condizioni tecniche per il mantenimento della selezione conservatrice della varietà, nonché responsabile o responsabili del mantenimento, ubicazione delle aziende ove il mantenimento viene effettuato.

**Comparazione tra le disposizioni riguardanti le varietà da conservazione e le varietà amatoriali di specie orticole [sulla base della normativa comunitaria (Direttiva 2009/145/CE) e nazionale (Dlgs. 30 dicembre 2010, n. 267)]**

Tipo di varietà	Valutazione dello stato di erosione genetica	Mancanza di valore commerciale e coltivata in particolari condizioni	Identificazione della regione di origine	Selezione conservatrice nella regione di origine	Produzione del seme nella regione di origine	Commercializzazione delle sementi limitata alla regione di origine	Restrizioni quantitative	Limite di perso per le confezioni	Uso limitato a utilizzatori non professionali su piccola scala e in un mercato locale
<b>CONSERVAZIONE</b>	SI	NO	SI	SI	SI	SI	SI	NO	NO
<b>AMATORIALE</b>	SI	SI	NO	NO	NO	NO	SI	SI	SI

# Allegato 6.1

**PNBA**  
**Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agrario**  
**FASE "A"**

## SCHEMA DI SEGNALE

Data segnalazione

Ente pubblico, singolo cittadino, associazioni  
pubbliche e private, azienda agricola, ecc che  
ha segnalato la risorsa

nome

recapito telefonico (o altro)

email

Coltura segnalata

Nome locale della varietà segnalata

Identificazione del sito

Provincia

Comune

Località/Via

Conduttore dell'azienda o persona che detiene  
la varietà segnalata

nome

recapito telefonico (o altro)

email

Numero esemplari (opzionale)

Stima rischio erosione

Eventuali campioni prelevati

Note

Rinviare a mezzo lettera, fax, e.mail o riconsegnare a:

## Allegato 6.2

PNBA  
Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agrario  
FASE "A"

### SCHEMA DESCRITTIVA IN AZIENDA

#### Parte A - generale dell'azienda

##### Introduzione

Codice generale (nomeazienda\_data)

Data rilevazione

Nome del rilevatore

##### Aspetti generali

##### AG.1 Identificazione azienda

Provincia

Comune

Indirizzo

Latitudine °N

Longitudine °E

Altitudine mslm

Orografia	pianura	1
	collina media	2
	collina alta	3
	altopiano	4
	pede-montagna	5
	montagna	6

Caratteristiche terreno

1 pendenza	scarsa (<20%)	1
	media (20-40%)	2
	elevata (40-60%)	3
	molto elevata (>60%)	4
2 esposizione	Nord	1
	Nord-Est	2
	Est	3
	Sud-Est	4
	Sud	5
	Sud-Ovest	6
	Ovest	7
	Nord-Ovest	8
3 tessitura	argilloso	1
	franco	2
	franco-sabbioso	3
	sabbioso	4

	franco-limoso	5
	limoso	6
4 scheletro	nullo	1
	scarso	2
	medio	3
	elevato	4

**AG.2 Dati agricoltore**

nome		
età		
recapito		
attività prevalente o no		
superficie aziendale totale ha		
titolarietà dell'azienda	proprietà	1
	affitto	2
	uso civico	3
	altro	4



AG.3 Ordinamento produttivo prevalente			
Ceralicolo	1	Biologico	1
Cerealicolo-zootecnico	2	Integrato	2
Zootecnico	3	Convenzionale	3
Orticolo	4	Biodinamico	4
Frutticolo	5	Altro	5
Frutti-viticolo	6		
Viticolo	7		
Altro	8		
AG.5 NOTIZIE CIRCA VARIETA' LOCALI SCOMPARSE			

PARTE B - specifica per ogni risorsa descritta nell'azienda	
Introduzione	Identificativo scheda (specie-varietà_azienda_data)
	Numero(i) di accessione (COLLNUMB) (se raccolta campione)
	Genere e specie (quando noti)
	Nome locale della specie
	Nome locale della varietà
	Eventuali sinonimi
	Persona/Istituzione che ha segnalato la risorsa
	Nome del rilevatore
Aspetti agronomici	<div>AA.1 Estensione coltivazione materiale in osservazione</div> <div>superficie coltivata m<sup>2</sup></div> <div>numero piante</div> <div>Data dell'ultimo raccolto</div>
	<div>AA.2 Caratteristiche luogo del materiale in osservazione</div> <div> <div>campo coltivato1</div> <div>frutteto2</div> <div>orto familiare3</div> <div>incolto4</div> <div>pascolo5</div> <div>magazzino6</div> </div>
	<div>AA.3 Gestione culturale</div> <div>Epoca di semina/trapianto</div> <div>Epoca di raccolta</div>
	<div> <div>Cure colturali1</div> <div>- epoca</div> <div>- modalità</div> </div> <div> <div>Lavorazione terreno</div> </div>
	<div> <div>2</div> <div>- tipo e quantità</div> <div>- epoca e modalità di distribuzione</div> </div> <div> <div>Fertilizzazione</div> </div>

3 Lavorazioni intercalari (**sarchiatura, zappatura, ecc..**)

4 Diserbo NO

SI

- prodotto/i e quantità
- epoca e modalità di distribuzione

5 Irrigazione

- periodo di irrigazione
- frequenza di interventi

6 Trattamenti antiparassitari NO

SI

- prodotto/i e quantità
- epoca e modalità di distribuzione

Avversità (tipo/diffusione)

1 Biotiche

2 Abiotiche

AA.4 Ruolo della coltura in azienda	
coltura principale	1
coltura secondaria o di secondo raccolto	2
consociata	3
frutteto familiare	4
orto familiare	5
AA.5 Modalità di Raccolta	
Manuale	1
Meccanica	2
Mista	3
AA.6 Metodi di conservazione e trattamento post-raccolta del prodotto	

<b>Caratteri distintivi usati dagli agricoltori per distinguere una varietà dall'altra</b>	questa parte della scheda riporta il più possibile fedelmente le indicazioni dell'agricoltore sulla varietà locale e le sue caratteristiche importanti a suo modo di vedere
--	---

CD.1 Attributo del carattere	
Colore	
Forma	
Dimensione	
Ampiezza	
Lunghezza	
Altezza	
Consistenza	
Aspetto	
Sapore	
Altro	
CD.2 Caratteri agronomici (anche in termini discorsivi)	
Resa produttiva	
Precocità	
Precocità di fioritura	
Altro	
CD.3 Stress abiotici (indicare la suscettibilità/resistenza che l'agricoltore attribuisce alla varietà locale)	
Siccità	
Alta temperatura	
Bassa temperatura	
Salinità	
Eccesso idrico	
pH del terreno	
Altro	
CD.4 Stress biotici	
Indicare gli specifici agenti patogeni per i quali l'agricoltore riconosce che la varietà locale è suscettibile/resistente	

	<div>CD.5 Qualità organolettiche</div> <div>Qualità alimentare Sapore, aroma (pungente, amaro, dolce, acido, ecc) Intensità di fragranza</div> <div>Consistenza (ferma, succosa, fibrosa..) Altro</div>
	<div>CD.6 Qualità nutrizionali/medicinali</div> <div>registrare per quanto possibile le parole esatte dall'agricoltore</div>
	<div>CD.7 Fattori di mercato</div> <div>Commerciabilità Trasportabilità Lunga conservazione altro</div>
Fattori socio-economici	<div>FSE.1 Approvvigionamento usuale del materiale di propagazione</div> <div>Autoproduzione in azienda Materiale certificato Scambio con vicini, parenti (indicare il nome) Scambio tra località vicine Mercato locale</div> <div>FSE.2 Tempi di introduzione in azienda del materiale in osservazione</div> <div>Sconosciuta "da sempre" Più di 50 anni Meno di 50 anni 26-50 anni 11-25 anni meno di 10 anni</div> <div>FSE.3 Prima origine del materiale in osservazione</div> <div>Azienda stessa Mercato locale Scambio con vicini, agricoltori e parenti (indicare il nome) Banca del seme Varietà commerciale/certificata Altro</div> <div>FSE.4 Commercializzazione del prodotto [indicare i principali mercati di riferimento (locale, GAS, GDO, negozi, vendita diretta)]</div> <div>Autoconsumo Vendita</div> <div>Scambio</div>

FSE.5 Distribuzione del lavoro tra sessi		
Conoscenze tradizionali associate	Coltivazione	prevalentemente femminile
		prevalenemente maschile
		mista
	Raccolta	prevalentemente femminile
		prevalenemente maschile
		mista
	Conservazione del seme	prevalentemente femminile
		prevalenemente maschile
		mista
	Conservazione del prodotto	prevalentemente femminile
		prevalenemente maschile
		mista
CTA.1 Usi della pianta		
DESTINAZIONE		
alimentare		1
	fresco	
	trasformato	
	cotto	
medicina		2
bevanda		3
fibra		4
legno		5
foraggi		7
costruzione		8
ornamentale/culturale		9
Protezione ambientale (frangivento, confine, ombra..)		10
altro		11
AMBITO DI PROCESSO		
familiare/aziendale		1
artigianale		2
industriale		3

CTA.2 Parti della pianta utilizzate	
fusto/culmo	1
branche/rami	2
foglie	3
corteccia	4
rizoma	5
radici	6
tuberi	7
fiori/infiorescenza	8
frutti	9
semi	10
linfa/resina	11
pianta intera	12

CTA.3 Regioni principali di utilizzo della varietà
Sicurezza alimentare
Motivi culturali/religiosi
Caratteristiche agronomiche
Tolleranza a stress abiotici
Tolleranza a stress biotici
Aspetti culinari/alimentari
Fattori di mercato
Altro

CTA.4 Aspetti socio-culturali, storici e tradizionali
Riferimento a riti e simboli nella coltivazione (lune, ricorrenze, ec...)
Scambio di seme fra agricoltori ora e in passato
Proverbi, detti, storie legate alla coltura
Nomi di prodotti derivati
Ricette

CTA.5 Metodo di conservazione del materiale di propagazione
descrivere le conoscenze legate alla conservazione

#### CTA.6 Trasmissione dei saperi relativi a coltivazione e uso della varietà

Modalità di trasmissione dei saperi che si sta mettendo in atto, genealogia della famiglia, origine attribuita dei saperi tecnici locali di cui è a conoscenza. Quali esperienze e quali soggetti sono stati fondamentali nell'apprendere i saperi relativi al bene? Chi ha trasmesso questi saperi? In quali occasioni? A chi si stanno trasmettendo questi saperi? In quali occasioni? Sono stati introdotti cambiamenti rispetto ai saperi tradizionali? Fattori di rischio erosione del sapere, ovvero sua caducità.

#### CTA.7 Strategie di selezione

Modalità di selezione effettuate, comprese le tecniche per il mantenimento della varietà (isolamento..)

Tipo di documentazione	D.1	
Documento audio	Tipo di documento	Specificare la tipologia di documento, cioè se derivato da ricerca sul campo o da una precedente ricerca.
	Durata	
	Luogo	
	Data	
	Abstract	
	Tipo di registrazione	
	Formato	
	Osservazioni	
	Autore	
Documento fotografico	Tipo di documento	
	data	
	Soggetto	
	N. foto	
	Formato	
	Autore	

Documento video

- Tipo di documento
- Soggetto
- Genere
- Durata
- Luogo
- Data
- Abstract
- Tipo di registrazione
- Formato
- Osservazioni
- Autore

Note

Storia della varietà, ricette, racconti...



## Allegato 6.3

# DESCRITTORI PASSAPORTO PER UN INVENTARIO NAZIONALE ITALIANO DI ACCESSIONI DI GERMOPLASMA VEGETALE CONSERVATE *EX SITU*

Questa lista di descrittori di passaporto va utilizzata per trasferire informazioni dalle collezioni *ex situ* sparse sul territorio ad un inventario nazionale italiano. Si tratta di un formato specificamente adatto per lo scambio di dati.

Tale lista è un adattamento ed un'estensione delle liste FAO/IPGRI di descrittori passaporto comuni a diverse colture (FAO/IPGRI *Multi-Crop Passport Descriptors* –MCPD)<sup>1</sup> e dei descrittori EURISCO<sup>2,3</sup>. Tutti i descrittori MCPD ed EURISCO sono inclusi con le stesse regole di codificazione e con la loro numerazione originale. Il descrittore n. 20 (SAMPSTAT) è stato esteso secondo le necessità emerse nelle discussioni del GIBA e in conformità con le regole di codifica intrinseche ai descrittori MCPD. Il primo descrittore (numero 0) è specifico di EURISCO e viene utilizzato dal responsabile dell'Inventario nazionale per trasferire dati al catalogo europeo. **Il GIBA ha ritenuto opportuno aggiungere altri quattro descrittori per ragioni di completezza delle informazioni e per soddisfare le esigenze di un inventario nazionale italiano: sono indicati con la numerazione GIBA1 e seguenti.**

Tutti i descrittori, se applicabili a una data accessione, sono raccomandati, cioè sono considerati il “minimo necessario” per il trasferimento dati all'inventario nazionale.

---

<sup>1</sup> Nel Giugno 2012 FAO/Bioversity hanno pubblicato una versione aggiornata dei descrittori MCPD:

[http://www.bioversityinternational.org/nc/publications/publication/issue/faobioversity\\_multi\\_crop\\_passport\\_descriptors\\_v2\\_mcpd\\_v2.html](http://www.bioversityinternational.org/nc/publications/publication/issue/faobioversity_multi_crop_passport_descriptors_v2_mcpd_v2.html)

<sup>2</sup> [http://www.ecpgr.cgiar.org/fileadmin/www.ecpgr.cgiar.org/MISC/EURISCO\\_Descriptors.pdf](http://www.ecpgr.cgiar.org/fileadmin/www.ecpgr.cgiar.org/MISC/EURISCO_Descriptors.pdf)

<sup>3</sup> La traduzione in italiano dei descrittori MCPD ed EURISCO è stata curata da Anna Laura Cerutti e Lorenzo Maggioni.

## Regole generali di codifica

Le seguenti regole di codifica si applicano a tutti i campi.

- Se un campo ammette valori multipli, questi vanno separati da punto e virgola (;) senza lasciare spazi tra di loro (esempio “Nome dell’accessione”: Rheinische Vorgebirgstrauben; Emma; Avlon).
- Un campo il cui valore non è disponibile va lasciato vuoto (esempio “Altitudine”). Per i dati scambiati in formato ASCII, il campo il cui valore numerico è mancante va lasciato vuoto. Per i dati scambiati in formato “database”, un valore numerico mancante va rappresentato dal valore generico NULLO.
- Le date vanno registrate nel formato AAAAMMGG. Se i dati riguardanti il mese e/o il giorno sono mancanti, questi vanno indicati con trattini. Lo zero iniziale è necessario (esempio 197506-- o 1975----).
- La latitudine e la longitudine vanno registrate in formato alfanumerico. Se i dati relativi ai minuti o ai secondi sono mancanti, questi vanno indicati con trattini. Lo zero iniziale è necessario.
- Per codificare il nome dei Paesi si usano i codici di tre lettere ISO 3166-1 (compresi i codici non più in uso nella lista ISO 3166-1, come DDR)<sup>4</sup>.
- Per indicare gli “istituti”, vanno utilizzati i codici FAO. Questi codici sono reperibili all’indirizzo <http://apps3.fao.org/wIEWS/> per gli utenti registrati al sistema WIEWS. Dal Menu Principale selezionare: “PGR” e “Download”. Se necessario, nuovi “Codici di Istituti” possono essere generati online dagli amministratori nazionali di WIEWS o direttamente contattando l’amministratore di WIEWS della FAO [attualmente Stefano.Diulgherooff@fao.org].
- La lingua preferita per i campi a testo libero è l’inglese quando la scheda viene utilizzata per trasmettere i dati agli inventari internazionali (esempio “Localita’ del sito di raccolta” e “Osservazioni”).

---

<sup>4</sup> La lista dei codici ISO 3166-1 è reperibile all’indirizzo: <http://unstats.un.org/unsd/methods/m49/m49alpha.htm>.

## DESCRITTORI PASSAPORTO

<b>0. Codice dell'Inventario Nazionale</b>	<b>(NICODE)</b>
Codice che identifica l'Inventario Nazionale; il codice del paese che prepara l'inventario nazionale. Eccezioni sono possibili, se concordate all'interno di EURISCO, ad esempio NGB (Nordic Gene Bank). Esempio: ITA	
<b>1. Codice dell'istituto</b>	<b>(INSTCODE)</b>
Codice FAO dell'istituto dove l'accessione è conservata. Esempio: ITA001	
<b>2. Numero dell'accessione</b>	<b>(ACCENUMB)</b>
Questo numero identifica in modo univoco l'accessione conservata nella collezione della banca di germoplasma ed è assegnato quando un'accessione è inserita nella collezione. Esempio: CGN00254	
<b>3. Numero di raccolta</b>	<b>(COLLNUMB)</b>
Numero originale assegnato dal raccogliitore al campione, generalmente formato dal nome o dalle iniziali del raccogliitore seguito da un numero. Questo numero è fondamentale per l'identificazione di duplicati conservati in collezioni diverse. Esempio: FA90-110	
<b>4. Codice dell'istituto che ha raccolto l'accessione</b>	<b>(COLLCODE)</b>
Codice dell'istituto che ha raccolto il campione. Se l'istituto che conserva il materiale coincide con quello che ha raccolto il campione, il codice dell'istituto che ha raccolto il campione (COLLCODE) dovrà essere uguale al codice dell'istituto che lo conserva (INSTCODE). Esempio: ITA001	
<b>5. Genere</b>	<b>(GENUS)</b>
Nome tassonomico del genere, in latino. Scrivere con lettera maiuscola iniziale. Esempio: <i>Allium</i>	
<b>6. Specie</b>	<b>(SPECIES)</b>
Parte specifica del nome scientifico, in latino, in lettere minuscole. È consentito l'utilizzo della seguente abbreviazione: sp. (per specie). Esempio: <i>paniculatum</i>	
<b>7. Autore botanico della specie</b>	<b>(SPAUTHOR)</b>
Indica l'abbreviazione standard del nome dell'autore botanico del nome specifico. Esempio: L.	
<b>8. Subtaxa</b>	<b>(SUBTAXA)</b>
Si può utilizzare per registrare qualsiasi identificatore tassonomico aggiuntivo, in latino. È consentito l'utilizzo delle seguenti abbreviazioni: subsp. o ssp. (per sottospecie); convar. (per convarietà); var. (per varietà botanica); f. (per forma); spp. (per specie plurima). Esempio: subsp. <i>fuscum</i>	
<b>9. Autore del Subtaxon</b>	<b>(SUBTAUTHOR)</b>
Indica l'abbreviazione standard del nome dell'autore botanico del nome del subtaxon al livello tassonomico più dettagliato. Esempio: (Waldst. et Kit.) Arc.	

<b>10. Nome comune della specie coltivata</b>	<b>(CROPNAME)</b>
Nome colloquiale della coltura, preferibilmente in inglese.	
Esempio: orzo da malto ( <i>malting barley</i> )	
Esempio: cavolfiore ( <i>cauliflower</i> )	
<b>11. Nome dell'accessione</b>	<b>(ACCENAME)</b>
La designazione registrata o formale assegnata all'accessione. Scrivere con lettera maiuscola iniziale. Se si indicano molteplici nomi, questi vanno separati da punto e virgola senza lasciare spazio tra loro.	
Esempio: Rheinische Vorgebirgstrauben; Emma; Avlon	
<b>12. Data di acquisizione</b>	<b>(ACQDATE)</b>
Data nella quale l'accessione è stata inserita nella collezione, dove AAAA indica l'anno, MM il mese e GG il giorno. I dati mancanti (MM o GG) vanno indicati con trattini. Lo zero iniziale è necessario.	
Esempio: 1968----	
Esempio: 20020620	
<b>13. Paese d'origine</b>	<b>(ORIGCTY)</b>
Codice ISO del paese nel quale l'accessione è stata originariamente raccolta.	
Esempio: ITA	
<b>14. Località del sito di raccolta</b>	<b>(COLLSITE)</b>
Informazioni sulla località, all'interno del paese, del sito dove l'accessione è stata raccolta. Può includere la direzione e la distanza in chilometri dalla città, villaggio o punto di riferimento cartografico più vicino.	
Esempio: 7 km a sud di Caltavuturo, Provincia di Palermo ( <i>7 km south of Caltavuturo in the province of Palermo</i> )	
<b>15. Latitudine del sito di raccolta<sup>5</sup></b>	<b>(LATITUDE)</b>
Gradi (2 cifre), minuti (2 cifre) e secondi (2 cifre) seguiti da N (Nord) o S (Sud). I dati mancanti (minuti o secondi) vanno indicati con trattino. Lo zero iniziale è necessario.	
Esempio: 10----S	
Esempio: 011530N	
Esempio: 4531--S	
<b>16. Longitudine del sito di raccolta<sup>7</sup></b>	<b>(LONGITUDE)</b>
Gradi (3 cifre), minuti (2 cifre) e secondi (2 cifre) seguiti da E (Est) o W (Ovest). I dati mancanti (minuti o secondi) vanno indicati con trattino. Lo zero iniziale è necessario.	

<sup>5</sup> Per convertire longitudine e latitudine in gradi (°), minuti (') e secondi (") e posizione in un emisfero (Nord o Sud ed Est o Ovest) in gradi decimali, utilizzare la seguente formula:  $d^{\circ} m' s'' = h * (d + m/60 + s/3600)$

dove h = 1 per gli emisferi Nord ed Est, e -1 per gli emisferi Sud e Ovest.

Esempio  $30^{\circ} 30' 0'' S = -30.5$  e  $30^{\circ} 15' 55'' N = 30.265$ .

Viceversa, per convertire da gradi decimali in gradi sessagesimali, procedere come segue:

1. le unità dei gradi rimangono inalterate (es. per longitudine  $121.135^{\circ}$ , cominciare con  $121^{\circ}$ ),
2. moltiplicare il decimale per 60 (es.  $0.135 * 60 = 8.1$ ),
3. il numero intero corrisponde ai minuti (8'),
4. moltiplicare il decimale rimanente per 60 (es.  $0.1 * 60 = 6$ ),
5. il numero risultante corrisponde ai secondi (6")
6. mettere insieme i tre numeri ottenuti, usando i simboli per i gradi (°), i minuti (') e i secondi (") (es. longitudine  $121^{\circ} 8' 6''$ ).

Esempio: 0762510W	
Esempio: 076----W	
<b>17. Altitudine del sito di raccolta</b>	<b>(ELEVATION)</b>
Altitudine del sito di raccolta espressa in metri sul livello del mare. Sono ammessi valori negativi.	
Esempio: 763	
<b>18. Data di raccolta del campione</b>	<b>(COLLDATE)</b>
Data di raccolta del campione dove AAAA indica l'anno, MM il mese e GG il giorno. I dati mancanti (MM o GG) vanno indicati con trattini. Lo zero iniziale è necessario.	
Esempio: 1968----	
Esempio: 20020620	
<b>19. Codice dell'istituto che ha prodotto l'accessione</b>	<b>(BREDCODE)</b>
Codice FAO dell'istituto dove il materiale genetico è stato prodotto e rilasciato.	
<b>20. Stato biologico dell'accessione</b>	<b>(SAMPSTAT)</b>
Lo schema di codici proposto può essere utilizzato a 3 diversi livelli di dettaglio, utilizzando i codici generali (in grassetto) 100, 200, 300, 400, oppure i codici più specifici 110, 120, ecc.	
<b>100) Selvatico</b>	
110) naturale	
120) semi-naturale/selvatico	
130) semi-naturale/seminato	
<b>200) Infestante</b>	
<b>300) Varietà locale</b>	
<b>400) Materiale per ricerca/miglioramento genetico</b>	
410) Linea del costitutore	
411) Popolazione sintetica	
412) Ibrido	
4121) Ibrido interspecifico	
4122) Ibrido intraspecifico	
413) Popolazione base	
414) Linea pura (genitore di una cultivar ibrida)	
415) Popolazione segregante	
416) Reincrocio	
417) Semenzale	
418) Selezione nucellare	
419) Clone	
420) Mutante/collezione genetica	
<b>500) Cultivar moderna</b>	
<b>999) Altro (Elaborare nel campo OSSERVAZIONI)</b>	
<b>21. Dati ancestrali</b>	<b>(ANCEST)</b>

Pedigree o altre informazioni relative alla genealogia (esempio varietà progenitrice di un mutante o di una selezione).

Esempio: Hanna/7\*Atlas//Turk/8\*Atlas

Esempio: mutazione trovata in Hanna (*mutation found in Hanna*)

Esempio: selezione da Irene (*selection from Irene*)

Esempio: incrocio comprendente, fra l'altro, Hanna ed Irene (*cross involving amongst others Hanna and Irene*)

## **22. Fonte del materiale raccolto/acquisito**

**(COLLSRC)**

Lo schema di codici proposto può essere utilizzato a 2 diversi livelli di dettaglio, utilizzando i codici generali (in grassetto) 10, 20, 30, 40, oppure i codici più specifici 11, 12, ecc.

### **10) Ambiente selvatico**

11) Foresta/bosco

12) Arbusteto

13) Prateria

14) Deserto/Tundra

15) Ambiente acquatico

### **20) Azienda agricola o area coltivata**

21) Campo

22) Frutteto

23) Giardino, cucina o orto familiare (urbano, peri-urbano o rurale)

24) Zona incolta

25) Pascolo

26) Magazzino aziendale

27) Aia

28) Parco

### **30) Mercato o negozio**

### **40) Istituto di ricerca, Stazione sperimentale, Banca genetica**

### **50) Ditta sementiera**

### **60) Habitat infestante, ruderale o disturbato**

61) Margine stradale

62) Margine di un campo coltivato

### **99) Altro (Elaborare nel campo OSSERVAZIONI)**

## **23. Codice dell'istituto donatore**

**(DONORCODE)**

Codice FAO dell'istituto donatore.

## **24. Numero di accessione del donatore**

**(DONORNUMB)**

Numero assegnato all'accessione dal donatore.

Esempio: NGB1912

<b>25. Altri numeri di identificazione associati con l'accessione</b>	<b>(OTHERNUMB)</b>
<p>Qualsiasi altro numero di identificazione di cui si conosca l'esistenza, assegnato a questa accessione in altre collezioni. Si utilizzi il seguente sistema: INSTCODE:ACCENUMB; INSTCODE:ACCENUMB; ... INSTCODE e ACCENUMB seguono le regole sopra elencate e vanno separati con due punti (:). Le coppie di INSTCODE e ACCENUMB vanno separate da punto e virgola (;) senza lasciare spazio tra loro. Quando l'istituto non è noto, il numero corrispondente deve essere preceduto da due punti (:).</p> <p>Esempio: NLD037:CGN00254</p> <p>Esempio: SWE002:NGB1912;;Bra2343</p>	
<b>26. Istituto che conserva il duplicato di sicurezza</b>	<b>(DUPLSITE)</b>
<p>Codice FAO dell'istituto dove è conservato il duplicato di sicurezza dell'accessione. Valgono le stesse regole sopra elencate per l'INSTCODE.</p>	
<b>27. Tipo di conservazione del germoplasma</b>	<b>(STORAGE)</b>
<p>Se il germoplasma è conservato in modi differenti, sono permesse scelte multiple che vanno separate da punto e virgola (p. es. 20;30). (Vedi dettagli sui tipi di conservazione su FAO/IPGRI Genebank Standards 1994 (<a href="http://www.biodiversityinternational.org/nc/publications/publication/issue/genebank_standards.html">http://www.biodiversityinternational.org/nc/publications/publication/issue/genebank_standards.html</a>)<sup>6</sup>)</p> <p>10) Collezione di semi</p> <p>11) Di breve termine</p> <p>12) Di medio termine</p> <p>13) Di lungo termine</p> <p>20) Collezione in campo</p> <p>30) Collezione in vitro (Lenta crescita)</p> <p>40) Collezione crio-conservata</p> <p>99) Altro (Elaborare nel campo OSSERVAZIONI)</p>	
<b>28. Osservazioni</b>	<b>(REMARKS)</b>
<p>Il campo "osservazioni" è usato per aggiungere annotazioni o per elaborare relativamente ai descrittori con codice 99 o 999 (=Altro). Far precedere alle osservazioni il nome del campo cui si riferiscono e due punti (:). Le osservazioni riferite a campi diversi vanno separate da punto e virgola (;) senza lasciare spazio tra loro.</p> <p>Esempio: COLLSRC: sito archeologico (<i>archaeological site</i>)</p>	
<b>29. Nome decodificato dell'istituto che ha raccolto l'accessione</b>	<b>(COLLDESCR)</b>
<p>Nome abbreviato e ubicazione dell'istituto che ha raccolto l'accessione. Campo da utilizzare solo se COLLCODE non possa essere usato, nel caso che il codice FAO dell'istituto non sia (ancora) disponibile.</p> <p>Esempio: Tuinartikelen Jan van Zomeren, Arnhem, The Netherlands</p>	
<b>30. Nome decodificato dell'istituto che ha prodotto l'accessione</b>	<b>(BREDESCR)</b>
<p>Nome abbreviato e ubicazione dell'istituto che ha prodotto l'accessione. Campo da utilizzare solo se BREDCODE non possa essere usato, nel caso che il codice FAO dell'istituto non sia (ancora) disponibile.</p> <p>Esempio: CFFR in Cile (<i>CFFR from Chile</i>)</p>	
<b>31. Nome decodificato dell'istituto donatore</b>	<b>(DONORDESCR)</b>
<p>Nome abbreviato e ubicazione dell'istituto che ha prodotto l'accessione. Campo da utilizzare solo se</p>	

<sup>6</sup> FAO/IPGRI Genebank Standards sono in corso di revisione nel 2011

DONORCODE non possa essere usato, nel caso che il codice FAO dell'istituto non sia (ancora) disponibile. Esempio: Nelly Goudwaard, Groningen, The Netherlands	
<b>32. Nome decodificato dell'istituto che conserva il duplicato di sicurezza</b>	<b>(DUPLDESCR)</b>
Nome abbreviato e ubicazione dell'istituto che conserva il duplicato di sicurezza. Campo da utilizzare solo se DUPLSITE non possa essere usato, nel caso che il codice FAO dell'istituto non sia (ancora) disponibile. Esempio: Pakhoed Freezers inc., Paramaribo, Surinam	
<b>33. URL dell'accessione</b>	<b>(ACCEURL)</b>
URL che colleghi con dati aggiuntivi relativi all'accessione, disponibili nella stessa banca dove l'accessione è conservata oppure altrove. Esempio: <a href="http://www.cgn.wageningen-ur.nl/pgr/collections/passdeta.asp?accenumb=CGN04848">www.cgn.wageningen-ur.nl/pgr/collections/passdeta.asp?accenumb=CGN04848</a>	
<b>34. Inclusione nel Sistema Multilaterale (MLS)</b>	<b>(MLSSTAT)</b>
Codice per indicare lo stato di un'accessione relativamente al Sistema Multilaterale (MLS) definito dal Trattato Internazionale sulle Risorse Fito-genetiche per l'Alimentazione e l'Agricoltura. Indica se l'accessione è inclusa o meno nel MLS. 0 – Non è inclusa nel Sistema Multilaterale 1 – È inclusa nel Sistema Multilaterale Se l'inclusione nel Sistema Multilaterale non è nota, il campo va lasciato vuoto.	
<b>35. Inclusione nel Sistema Integrato Europeo delle Banche genetiche (AEGIS)</b>	<b>(AEGISSTAT)</b>
Codice per indicare lo stato di un'accessione relativamente al Sistema Integrato Europeo delle Banche Genetiche (AEGIS). Indica se l'accessione è inclusa o meno in AEGIS. 0 – Non è inclusa in AEGIS 1 – È inclusa in AEGIS Se l'inclusione nel Sistema Integrato Europeo delle Banche Genetiche non è nota, il campo va lasciato vuoto.	

Descrittori passaporto aggiuntivi (GIBA)	
<b>GIBA 1. Denominazione dialettale locale (<i>Local vernacular name(s)</i>)</b>	Nome dato dall'agricoltore alla varietà o forma selvatica.
<b>GIBA 2. Nome della varietà locale (<i>Local name of landrace</i>)</b>	Nome attribuito alla varietà locale, da accertare con la caratterizzazione.
<b>GIBA 3. Nome del raccogliitore (<i>Name of collector</i>)</b>	Nome della persona che ha raccolto l'accessione.
<b>GIBA 4. Disponibilità dell'accessione (<i>Availability of material</i>)</b>	Indica se l'accessione è a disposizione su richiesta di utilizzo per la ricerca, il miglioramento genetico, la coltivazione diretta o altro. 0 – No 1 – Sì



## **Allegato 6.4**

### **ELENCO SPECIE PER LE QUALI SONO STATI FORNITE LE SCHEDE DESCRITTIVE**

**(le schede descrittive sono numerate secondo l'ordine riportato in tabella)**

## SPECIE ORTIVE e SELVATICHE DI INTERESSE AGRARIO

Numero ordine	Nome botanico	Nome comune
1	<i>Allium cepa</i> L.	Cipolla
2	<i>Allium porrum</i> L.	Porro
3	<i>Allium sativum</i> L.	Aglione
4	<i>Apium graveolens</i> L. var. <i>dulce</i> (Mill.) Pers	Sedano
5	<i>Asparagus officinalis</i> L. (e <i>A. acutifolius</i> L.)	Asparago coltivato (e selvatico)
6	<i>Beta vulgaris</i> L. var. <i>cycla</i> L. Ulrich	Bietola da costa
7	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>acephala</i> (DC) Alef. var. <i>aonavlode</i>	Cavolo rapa
8	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>acephala</i> (DC) Alef. var. <i>sabellica</i> L.	Cavolo laciniato
9	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>botrytis</i> (L.) Alef. var. <i>cvmosa</i> e <i>italica</i> Plenck	Cavolo broccolo
10	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>botrytis</i> L.	Cavolfiore, broccoletto
11 <sup>(1)</sup>	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>capitata</i> (L.) Alef. var. <i>alba</i> DC., <i>B. oleracea</i> L. convar. <i>capitata</i> (L.) Alef. var. <i>rubra</i> L., <i>B. oleracea</i> L. convar. <i>capitata</i> (L.) Alef. var. <i>sabauda</i> L.	Cavolo cappuccio, cavolo verza
12	<i>Brassica oleracea</i> L. convar. <i>oleracea</i> (L.) var. <i>gemmifera</i> DC.	Cavolo di Bruxelles
13	<i>Brassica rapa</i> L.	Rapa
14	<i>Capsicum annuum</i> L.	Peperone, peperoncino rosso
15	<i>Cicer arietinum</i> L.	Cece
16	<i>Cichorium intybus</i> L.	Radicchio, cicoria
17	<i>Citrullus lanatus</i> (Thumb.) Matsum e Nakai	Cocomero
18	<i>Cucumis melo</i> L.	Melone
19	<i>Cucurbita maxima</i> Duch.	Zucca
20	<i>Cucurbita moschata</i> Duch	Zucca invernale
21	<i>Cucurbita pepo</i> L.	Zucchini
22	<i>Cynara scolymus</i> L. (1)	Carciofo e cardo (1)
23	<i>Daucus carota</i> L.	Carota, carota da foraggio
24	<i>Eruca sativa</i> Mill.	Rucola
25	<i>Foeniculum vulgare</i> Mill.	Finocchio
26	<i>Lactuca sativa</i> L.	Lattuga
27	<i>Lathyrus sativus</i> L.	Cicerchia
28	<i>Lens culinaris</i> Med.	Lenticchia
29	<i>Lycopersicon esculentum</i> Mill.	Pomodoro
30	<i>Phaseolus coccineus</i> L.	Fagiolo di Spagna
31	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Fagiolo comune (fagiolo nano,
32	<i>Pisum sativum</i> L.	Pisello
33	<i>Raphanus sativus</i> L. var. <i>niger</i> (Mill.) S.	Rafano o ramolaccio
34	<i>Raphanus sativus</i> L. var. <i>sativus</i> Pers.	Ravanello
35	<i>Solanum melongena</i> L.	Melanzana
36	<i>Vicia faba</i> L.	Fava

37	<i>Vigna unguiculata</i> ssp. <i>unguiculata</i> cv. <i>unguiculata</i> (L.) Walp.	Fagiolo dall'occhio
38	<i>Vigna unguiculata</i> (L.) Walp. subsp. <i>sesquipedalis</i> (L.) Verdc.	Fagiolo metro o fagiolo asparago

(1) Riunite recentemente in un'unica specie

#### SPECIE AGRARIE

Numero ordine	Nome botanico	Nome comune
39	<i>Avena sativa</i> L.	Avena
40	<i>Hordeum vulgare</i> L.	Orzo
41	<i>Medicago sativa</i> L.	Erba medica
42	<i>Secale cereale</i> L.	Segale
43	<i>Solanum tuberosum</i> L.	Patata
44	<i>Trifolium pratense</i> L.	Trifoglio pratense
45	<i>Triticum aestivum</i> L. ssp. <i>spelta</i>	Spelta
46	<i>Triticum aestivum</i> L. ssp. <i>vulgare</i> Host	Frumento tenero
47	<i>Triticum turgidum</i> L. ssp. <i>dicoccum</i> Schubler	Farro dicocco
	<i>Triticum monococcum</i> L. ssp. <i>monococcum</i>	Farro monococco
48	<i>Triticum turgidum</i> L. ssp. <i>durum</i> Desf.	Frumento duro
49	<i>Vicia ervilia</i> L. (Willd.)	Moco
50	<i>Vicia sativa</i> L.	Veccia comune
51	<i>Zea mays</i> L.	Mais

#### SPECIE DA FRUTTO e VITE

Numero ordine	Nome botanico	Nome comune
52	<i>Castanea sativa</i> Mill.	Castagno
53	<i>Ceratonía siliqua</i> L.	Carrubo
54	<i>Citrus</i> spp. gruppo 1	Arancio e simili
55	<i>Citrus</i> spp. gruppo 2	Mandarino e simili
56	<i>Citrus</i> spp. gruppo 3	Limone e simili
57	<i>Citrus</i> spp. gruppo 4	Pompelmo e simili
58	<i>Corylus avellana</i> L.	Nocciolo
59	<i>Crataegus azarolus</i> L.	Azzerruolo
60	<i>Cydonia oblonga</i> Mill.	Cotogno
61	<i>Diaspiros kaki</i> L.	Kaki-loto
62	<i>Eriobotrya japonica</i> Lindl	Nespolo giapponese
63	<i>Ficus carica</i> L.	Fico
64	<i>Fragaria moschata</i> Duch	Fragola moscata
	<i>Fragaria vesca</i> L.	Fragolina di bosco
	<i>Fragaria x ananassa</i> Bailey	Fragola
65	<i>Juglans regia</i> L.	Noce
66	<i>Malus domestica</i> Borkh	Melo

67	<i>Mespilus germanica</i> L.	Nespolo comune
68	<i>Morus alba</i> L., <i>Morus nigra</i> L.	Gelso bianco e gelso nero
69	<i>Olea europea</i> L.	Olivo
70	<i>Opuntia ficus-indica</i> L.	Ficodindia
71	<i>Pistacia vera</i> L.	Pistacchio
72	<i>Prunus amygdalus</i> Batsch.	Mandorlo
73	<i>Prunus armeniaca</i> L.	Albicocco
74	<i>Prunus avium</i> L.	Ciliegio dolce
75	<i>Prunus cerasus</i> L.	Ciliegio acido
76	<i>Prunus domestica</i> L., <i>Prunus insititia</i> L.	Susino europeo e damaschine
77	<i>Prunus persica</i> (L.) Batsch.	Pesco, nettarine, percoche
78	<i>Prunus salicina</i> Lindl.	Susino cino-giapponese
79	<i>Punica granatum</i> L.	Melograno
80	<i>Pyrus communis</i> L.	Pero
81	<i>Rubus idaeus</i> L.	Lampone
82	<i>Sorbus domestica</i> L.	Sorbo domestico
83	<i>Vitis vinifera</i> L.	Vite europea

## Allegato 6.5

# NOTE INTRODUTTIVE SPECIFICHE SULLE SCHEDE DESCRITTIVE DELLE SPECIE ERBACEE

L'iscrizione ai registri nazionali delle varietà di ortaggi è regolamentata dall'art. 7 della Dir. 2002/55 CE e dalla Dir. 2003/91/CE del 6 ottobre 2003 che ne stabilisce le modalità di applicazione. Queste direttive definiscono le condizioni minime per l'esame di alcune varietà di ortaggi. Come scritto all'art. 2 **"...i caratteri contrassegnati da un asterisco (\*) nelle linee direttrici di cui all'art. 1, paragrafo 2, lettera b) devono essere utilizzati, purché l'osservazione di un carattere non sia resa impossibile dalla manifestazione di un altro carattere e purché la manifestazione di un carattere non sia ostacolata dalle condizioni ambientali in cui viene realizzato il test"**.

La Direttiva 2009/145/CE sulle varietà da conservazione prevede deroghe concernenti le condizioni essenziali per l'ammissione delle suddette varietà, deroghe che vengono anche affidate ai singoli paesi membri della Comunità Economica Europea. Questi ultimi possono adottare disposizioni nazionali per quanto riguarda la differenziabilità, la distinguibilità e l'omogeneità delle varietà da conservare. Tutto questo purché si applichino, esclusivamente a fini di distinguibilità e stabilità, i caratteri contemplati dall'UCVV nel caso delle specie elencate nell'allegato 1 della Dir. 2003/91/CE o per le specie elencate nell'allegato 2 della medesima direttiva le linee direttrici dell'UPOV. La stessa Direttiva 145 dà anche indicazioni numeriche per stabilire il livello di omogeneità.

Si ritiene opportuno far notare che nelle schede vengono indicati i caratteri morfologici essenziali per la **descrizione** delle varietà fermo restando che ai fini dell'Iscrizione delle suddette varietà locali al Registro Nazionale delle Varietà da Conservazione deve essere considerato quanto riportato nell'art. 2 (sopra indicato).

## Allegato 6.6

# MANUALE D'USO PER LE SCHEDE DESCRITTIVE DEI FRUTTIFERI

Le piante da frutto maggiormente impiegate dall'uomo per la sua alimentazione si possono collocare nell'ambito della famiglia delle **Rosacee**, di cui fanno parte melo, pero, pesco, albicocco, ciliegio, susino, mandorlo, nespolo, sorbo, cotogno.

Altre famiglie importanti sono le **Rutacee**, a cui appartengono gli agrumi; le **Oleacee**, a cui si ascrive una delle piante simbolo delle civiltà mediterranee quale è l'olivo; le **Moracee**, con fico e gelso; le **Ebenacee** a cui appartiene il kaki, di più recente introduzione in Italia ma la cui coltivazione si è fortemente connotata in certi territori tanto da essere inserita nelle elenchi dei prodotti tradizionali (es. Loto di Romagna).

Le esigenze produttive e di commercializzazione della moderna agricoltura hanno fatto sì che il settore delle piante da frutto sia stato oggetto di importanti programmi di miglioramento genetico e di forte ricambio nei frutteti. L'abbandono delle vecchie cultivar a favore di quelle più nuove ha portato alla perdita di materiale genetico di un qualche interesse.

La necessità di caratterizzare quanto ancora presente sul territorio in termini di vecchie varietà locali di fruttiferi ha portato alla necessità di individuare una serie di descrittori minimi in grado di definire i tratti morfologici più significativi di una varietà per distinguerla dalle altre della stessa specie. Per questo si è fatto riferimento a organismi internazionalmente riconosciuti, come UPOV e Bioversity, per poter utilizzare un linguaggio noto e che consenta il confronto delle descrizioni dei materiali reperiti nelle varie regioni italiane e, quanto meno, del resto d'Europa.

Le schede UPOV, generalmente utilizzate a livello internazionale per fissare i caratteri di "Distinguibilità, Uniformità e Stabilità" (DUS) di una nuova varietà, sono state realizzate ai fini della protezione dei diritti di proprietà intellettuale di chi ha realizzato l'azione di miglioramento genetico che ha condotto a quella nuova varietà. Queste schede sono sicuramente sovrabbondanti, d'altra parte alcuni caratteri possono essere presi in considerazione per la realizzazione di una scheda morfologica idonea alla descrizione di un'accessione di una vecchia pianta da frutto ai fini di un confronto tra accessioni e della formulazione di una ipotesi di

appartenenza ad una varietà nota o meno. Lo studio molecolare può essere molto utile per completare l'accertamento varietale e dirimere questioni di sinonimie e/o omonimie.

Anche Bioversity ha realizzato delle schede descrittive prendendo in esame i caratteri morfologici principali al fine di delineare i tratti principali di una varietà vegetale reperita sul territorio e non derivata da specifiche azioni di miglioramento genetico, se non l'azione selettiva guidata dai bisogni e dalle esigenze dell'uomo.

Molti dei caratteri morfologici presi in esame dalle due istituzioni sono i medesimi, anche se talvolta i livelli di espressione sono differenti.

Nel caso in cui si renda necessario apportare maggiore dettaglio nella rilevazione di una caratteristica, nelle schede verrà indicato il riferimento bibliografico da cui è stato tratto il dettaglio.

### **Richiami di morfologia**

Al fine di rendere più chiara la lettura delle schede di caratterizzazione morfologica è opportuno riportare alcuni elementi di morfologia delle piante da frutto.

Lo "scheletro" di una pianta arborea è costituito dal tronco, dalle branche e dai rami: il tronco è un fusto lignificato compreso tra il colletto, punto in cui sono inserite le radici, e le prime branche. Le branche direttamente inserite sul tronco sono dette "branche primarie"; su queste si inseriscono quelle "secondarie o sottobranche", e su queste si inseriscono le "branche terziarie".

I rami sono elementi assili di 1 o 2 anni che derivano da germogli completamente lignificati e si distinguono in tipologie diverse: rami a legno (succhioni se vengono da gemme latenti o avventizie sulle branche o sul tronco; polloni se vengono da gemme su organi ipogei); rami a frutto; rami misti; rami anticipati; brindilli; dardi (vegetativi o fruttiferi); lamburde; borse.

### **Linee guida per l'impiego dei descrittori morfologici**

Le schede pomologiche, storicamente, hanno sempre manifestato elementi intrinseci di soggettività (formazione personale del rilevatore, sensibilità individuale, ecc.).

Per cercare di oggettivare quanto più possibile la caratterizzazione dei fruttiferi, si è cercato di adottare delle schede semplici ed efficaci accompagnate da adeguate linee guida finalizzate ad esplicitare le condizioni ideali di rilevazione e gli organi interessati al rilievo.

Le schede adottate da UPOV e CPVO per la valutazione della brevettabilità di una nuova varietà, ma anche quelle predisposte da IBPGR, sono certamente ben fatte, ma sono state giudicate eccessivamente dettagliate e non adatte al tipo di caratterizzazione morfologica che si intende effettuare sulle accessioni autoctone presenti sul territorio nazionale,. Le schede elaborate da GIBA hanno preso come riferimento, principalmente le schede UPOV, ma anche le schede IBPGR e, quando non disponibili queste, le schede elaborate da istituzioni scientifiche italiane e dalla Regione Toscana che ha pubblicato una interessante opera sull'argomento.

L'impegno del GIBA è stato quello di non superare i 30-40 descrittori per specie, scegliendoli, sulla base dell'esperienza, tra quelli più significativi per distinguere e caratterizzare una varietà.

Elementi importanti per la caratterizzazione delle piante da frutto sono l'habitus della pianta, il ramo di 1 anno, il fiore, la foglia, ma soprattutto il frutto, nonché la fenologia delle fasi principali del ciclo annuale (fioritura, maturazione dei frutti, eventualmente germogliamento). Questi descrittori sono stati integrati da ulteriori caratteristiche che riguardano aspetti agronomici, fisiologici, qualitativi e la eventuale tolleranza/sensibilità alle principali fitopatie.

#### **DRUPACEE E POMACEE**

**Informazioni generali sulla pianta.** Le osservazioni sulla pianta riguardano sostanzialmente due aspetti: vigore (dimensione) e portamento (essenzialmente la forma della chioma, determinata dall'angolo di inserzione dei rami sulle branche, delle branche di II ordine su quelle di I ordine, delle branche di III ordine su quelle di II, e così via).

Queste osservazioni si possono fare in ogni momento ma il periodo migliore è il riposo vegetativo (almeno per le specie caducifoglie).

**Germoglio e ramo.** Il germoglio è l'asse vegetativo che deriva da una gemma a legno, in fase di accrescimento, il ramo è lo sviluppo finale del germoglio, al termine della stagione vegetativa.

Le osservazioni sul germoglio si fanno, pertanto, in vegetazione, mentre le osservazioni sul ramo si fanno durante il riposo vegetativo.

I caratteri più significativi riguardano il colore della corteccia e l'eventuale presenza di pigmentazione antocianica (colore rossastro), la lunghezza degli internodi, la presenza di lenticelle e loro dimensioni, la presenza di pubescenza.



**Fiore.** I caratteri del fiore riguardano la dimensione, la forma e il colore dei petali, la loro posizione reciproca, la posizione degli stami rispetto allo stigma, la dimensione del calice rispetto allo stigma, la dimensione del calice rispetto alla corolla, eventuale autocompatibilità/autoincompatibilità.

**Foglia.** I caratteri più significativi legati alla foglia (pienamente sviluppata) sono la dimensione, la forma, la forma dell'apice e della base, a volte l'intensità del colore verde, la presenza di pigmentazioni antocianiche sulle venature e sul picciolo, la lunghezza del picciolo e il suo inserimento sulla lamina, l'eventuale tomentosità delle lamine superiore e inferiore, la presenza, la forma e la posizione delle ghiandole fogliari, il margine fogliare.

**Frutto.** È l'organo delle piante da frutto che meglio caratterizza una varietà. Gli aspetti del frutto che si prendono maggiormente in considerazione sono la forma, la dimensione (fortemente dipendente dalle condizioni colturali), il colore di fondo della buccia, il sovraccolore (intensità, estensione, modalità di espressione che va da uniforme a striato, a chiazze), forma e profondità delle cavità calicina e peduncolare, a seconda delle specie, tomentosità, pruina, lenticelle, poi, colore della polpa, consistenza, sapore (dolcezza, acidità); nelle drupacee aderenza o meno della stessa al nocciolo, dimensione e forma del nocciolo, sapore del seme (dolce, amaro).

**Fenologia.** L'inizio della fioritura si considera quando il 5-10% dei fiori è aperto.

L'inizio della maturazione nelle drupacee si considera quando circa il 10% dei frutti è maturo. Nelle pomacee si devono utilizzare altri parametri come il colore dei semi (che da bianchi diventano marroni), la durezza della polpa misurata con il penetrometro che varia da 6 a 8 kg/cm<sup>2</sup> per la maggior parte delle cultivar di melo e da 4 a 6 kg/cm<sup>2</sup> per la maggior parte delle cultivar di pero, la degradazione dell'amido, misurata immergendo per pochi secondi il frutto tagliato in sezione equatoriale in una soluzione di Lugol (2,5 g di iodio sciolti in 10 g di iodio-ioduro di potassio, portati a volume in un litro di d'acqua).

In una scala da 0 (sezione del frutto incolore) a 5 (sezione del frutto totalmente blu) la maturazione di raccolta corrisponde, per la maggior parte delle cultivar a 3.

Sia per le prove di durezza che di degradazione dell'amido si devono utilizzare da 25 a 30 frutti.

**Suscettibilità alle principali patologie.** UPOV non contempla questi descrittori, ma sono elementi di un certo interesse per caratterizzare una pianta da frutto. Ad esempio alcune vecchie varietà di

melo presentano una certa tolleranza alla ticchiolatura e per questo possono essere interessanti per la coltivazione in aree particolari o come partner per lavori di miglioramento genetico per incrocio.

### **Bibliografia di approfondimento**

Albertini A., Liverani A., Rivalta L., Cobianchi D. (1988) - Monografia di cultivar di ciliegio acido. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Albertini A., Della Strada G. (2001) - Monografia di cultivar di ciliegio dolce e acido. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Basso M., Faccioli F. (1978) - Le principali prugne coltivate in Italia. Univ. di Bologna - M.A.F. (Roma).

Bellini E., Giordani E., Giannelli G., Picardi E. (2007) - Le specie legnose da frutto: liste dei caratteri descrittivi, Vol. I e Vol. II., ARSIA, Firenze.

Bellini E., Scaramuzzi F. (1976) - Monografia delle principali cultivar di pesco, Volume II. CNR, Firenze.

BI and FAO (2008) - Descriptors for hazelnut (*Corylus avellana* L.), Bioversity Int. – FAO, Rome.

Conte L., Della Strada G., Fideghelli C., Insero O., Liverani A., Moser L., Nicotra A. (1994) - Monografia di cultivar di pesco, nettarine, percoche. Mi.P.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

CPVO (2003) - Protocol for distinction, uniformity and stability tests. EU Community Plant Variety Office, Angers

CPVO (2003) - Protocol for DUS tests: Raspberry (*Rubus idaeus* L.). European Union, Community Plant Variety Office, Angers.

Della Strada G., Fideghelli C., Liverani A., Monastra F., Rivalta L. (1984) - (Vol. I), 1986 (Vol. II). M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Della Strada G., Pennone F., Fideghelli C., Monastra F., Cobianchi D. (1989) - Monografia di cultivar di albicocco. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Faedi W., Baruzzi G., Lovati F., Sbrighi P., Lucchi P. (2002) - Monografia di cultivar di fragola. Mi.P.A.F. - Istituto Sperimentale per la Frutticoltura - ALSIA Regione Basilicata.

Fideghelli C., Monastra F. (1977) - Monografia di cultivar di albicocco. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Fideghelli C., Monastra F., Faedi W., Rosati P. (1977) - Monografia di cultivar di nettarine. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Grassi G. (1991) - Il fico. REDA, Roma.

Grassi G., Pugliano G. (1984) - Schede per lo studio del fico in uso presso l'Istituto Sperimentale per la Frutticoltura. Annali dell'ISF, Roma, XV: 67-112

IBPGR (1981) - Almond descriptor list. IBPGR Secretariat, Rome.

IBPGR (1983) - Descriptor list for pear (*Pyrus*). CEC Secretariat (Brussels) – IBPGR Secretariat (Rome).

IBPGR (1984) - Descriptor list for peach (*Prunus persica*). CEC Secretariat (Brussels) – IBPGR Secretariat (Rome).

IBPGR (1984) - Revised descriptor list for Apricot (*Prunus armeniaca*). CEC Secretariat (Brussels) – IBPGR Secretariat (Rome).

IBPGR (1985) - Cherry descriptor list. CEC Secretariat (Brussels) – IBPGR Secretariat (Rome).

IPGRI (1994) - Descriptors for walnut (*Juglans* spp.). Int. Plant Genetic Res. Inst., Roma.

Manzo P., Tamponi G. (1982) - Monografia di cultivar di nocciolo. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Monastra F., Crisafulli A., Marchese F., Ondradu G., Pavia T., Rivalta L. (1982) - Monografia di cultivar di mandorlo. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Morettini A., Baldini E., Scaramuzzi F., Bargioni G., Pisani P. L. (1962) - Monografia delle principali cultivar di pesco. CNR, Firenze.

Morettini A., Baldini E., Scaramuzzi F., Mittenpergher L. (1976) - Monografia delle principali cultivar di pero. CNR, Firenze.

Nicotra A., Moser L., Cobianchi D., Damiano C., Faedi W. (1994) - Monografia di cultivar di susino. M.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Piccirillo P. (2004) - Monografia di cultivar di noce. Mi.P.A.A.F. e Istituto Sperimentale per la Frutticoltura, Roma.

Sansavini S., Bargioni G., Basso M., Fideghelli C. (1974) - Pesche da industria. M.A.F. (Roma) e Univ. di Bologna.

UPOV (1979) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Hazelnut (*Corylus avellana* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (1989) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Chestnut (*Castanea sativa* Mill.). UPOV, Geneva.

UPOV (1995) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Peach (*Prunus persica* (L.) Batsch). UPOV, Geneve.

UPOV (2000) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Pear (*Pyrus communis* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (2003) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Quince (*Cydonia* Mill. *Sensu stricto*). UPOV, Geneva.

UPOV (2003) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Raspberry (*Rubus* L.). UPOV, Geneva.

UPOV (2004) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: European Plum (*Prunus domestica* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (2004) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Persimmon (*Diospiros kaki* L.). UPOV, Geneva.

UPOV (2005) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Apple (*Malus domestica* Borkh.). UPOV, Geneva.

UPOV (2006) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Sour Cherry (*Prunus cerasus* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (2006) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Sweet Cherry (*Prunus avium* L.). UPOV, Geneva.

UPOV (2007) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Apricot (*Prunus armeniaca* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (2008) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Hawthorn (*Crataegus* L.). UPOV, Geneva.

UPOV (2008) - Guidelines for the conduct of tests for DUS: Strawberry (*Fragaria* L.). UPOV, Geneve.

UPOV (2010) - Guidelines for the conduct of tests for DUS (Draft): Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.). UPOV, Geneve.

# Allegato 6.7

## MANUALE D'USO DELLA SCHEDA DESCRITTIVA DELLA VITE

### 1. Premessa

La numerosità delle cultivar di vite esistenti, da descrivere o distinguere, e l'elevato valore diagnostico di alcuni caratteri morfologici della pianta per il loro riconoscimento, hanno stimolato collaborazioni internazionali per l'adozione di descrittori morfologici comuni.

Già nella prima versione del "Codice dei caratteri descrittivi delle varietà e delle specie di *Vitis*" (1983) esperti dell'OIV, dell'UPOV e di IPGRI (oggi *Bioversity International*) avevano lavorato congiuntamente alla creazione di descrittori per la vite, descrittori che sono stati ulteriormente aggiornati ed armonizzati nella seconda e ultima edizione, cui ha particolarmente contribuito l'esperienza maturata nell'ambito del progetto europeo GenRes CT96 N. 81 (*European network for grapevine genetic resources conservation and characterization*)<sup>1</sup>.

La lista attuale conta 151 descrittori e comprende, oltre a quelli utili all'identificazione delle cultivar e specie del genere *Vitis*, anche quelli volti a fornire valutazioni agronomiche e tecnologiche ai fini dell'utilizzazione dei materiali (caratteri fenologici, colturali, resistenze/tolleranze, ecc.). Di questi 151 descrittori, 14 sono stati scelti dalla comunità scientifica internazionale per la loro semplicità d'uso e per il buon potere discriminante tra le varietà e definiti "prioritari".

L'insieme dei descrittori qui proposti per la vite nasce da una selezione della precitata lista internazionale e si avvale anche delle indicazioni derivanti da un nuovo progetto internazionale tuttora in corso, GrapeGen06<sup>2</sup>. Per analogia con le altre specie trattate, la scheda descrittiva della vite si è limitata a considerare i descrittori morfologici più significativi per l'identificazione varietale, tralasciando quelli relativi agli aspetti agronomici, alcuni dei quali dovranno comunque

---

<sup>1</sup> Per maggiori dettagli sul progetto in: <http://www.eu-vitis.de/index.php>, scegliendo "Important links"

<sup>2</sup> <http://www1.montpellier.inra.fr/grapegen06/accueil.php>

essere valutati per l'iscrizione di una cultivar nel Registro Nazionale delle Varietà di Vite (RNVV) e per l'inserimento nelle liste regionali di cultivar idonee alla coltivazione.

La "scheda vite" riporta pertanto:

- i **14 descrittori morfologici prioritari** (indicati con "**P**") per una prima caratterizzazione sintetica, indispensabili per l'iscrizione a "repertorio" di una accessione di vite;
- **18 ulteriori descrittori morfologici** per una più completa caratterizzazione, al fine di identificare e distinguere accessioni e varietà; **7** di questi descrittori, definiti come **accessori** (indicati con "**A**"), servono ad un maggior dettaglio nella descrizione e possono pertanto contribuire a definire la variabilità intra-varietale;

Nell'ambito di ciascun gruppo di descrittori, quelli raccomandati dal Gruppo di Lavoro Biodiversità in Agricoltura sono contraddistinti con la sigla **GIBA**.

Ai fini dell'identificazione univoca di una varietà, indispensabile ad esempio per l'iscrizione nel RNVV, è entrata nell'uso la presentazione del profilo genetico, per il quale si rimanda al capitolo 5 e relativi allegati che trattano i descrittori molecolari in vite.

### **Descrittori (o caratteri descrittivi) in vite**

Ogni descrittore è accompagnato da un codice, diverso secondo l'istituzione di riferimento: OIV, UPOV e Bioversity. I codici UPOV sono tratti dalla guida UPOV (TG/50/8 24-03-1999) per la conduzione delle prove di diversità, omogeneità e stabilità; quelli riferiti a Bioversity da "Descrittori per la vite (*Vitis* spp.)" (2<sup>a</sup> edizione, 1997). Ogni descrittore riporta, oltre al codice, una spiegazione del carattere da osservare e gli attributi cui corrispondono i possibili livelli di espressione per quel carattere, indicati da numeri (indici) compresi fra 1 e 10. Corredano il descrittore eventuali raffigurazioni dei livelli di espressione e l'indicazione di varietà di riferimento. Mentre UPOV impone di usare un solo livello di espressione per ogni descrittore, la scheda proposta da OIV per la vite prevede di indicare anche più di un livello di espressione. Si usano più livelli di espressione nel caso in cui:

- ✓ durante l'osservazione si riscontri variabilità fenotipica nelle piante esaminate;
- ✓ la scelta più appropriata si collochi tra due livelli di espressione contigui;
- ✓ nel caso di descrittori qualitativi quando il carattere deriva dall'insieme di due o più livelli di espressione. Esempio il descrittore OIV 051 (colore della pagina superiore della

4<sup>a</sup> giovane foglia del germoglio): si può avere un misto di giallo (livello di espressione 2) e di verde (1) o di verde (1) e di ramato-rosso (4).

In tutti questi casi si indicano i due o più indici separati da una barra verticale ( | ) e senza spazi (es. 5|7 oppure 1|2|4).

I disegni impiegati nell'illustrazione dei vari caratteri sono ripresi dalla 2<sup>a</sup> edizione del Codice di caratteri descrittivi OIV per le varietà di vite e specie di *Vitis* ([http://news.reseau-concept.net/images/oiv/Client/2\\_Edition\\_Caracteres\\_ampelographiques\\_OIV.pdf](http://news.reseau-concept.net/images/oiv/Client/2_Edition_Caracteres_ampelographiques_OIV.pdf)).

## Liste dei descrittori

### Descrittori morfologici

**a) Prioritari (P)**, per una descrizione sintetica ai fini dell'iscrizione a repertorio (tutti raccomandati anche da **GIBA**)

<b>Codice OIV</b>	<b>Descrittore</b>
OIV 001	Giovane germoglio: apertura dell'apice
OIV 004	Giovane germoglio: densità di peli striscianti dell'apice
OIV 016	Germoglio: numero di viticci consecutivi
OIV 051	Foglia giovane: colore della pagina superiore del lembo (4a foglia)
OIV 067	Foglia adulta: forma del lembo
OIV 068	Foglia adulta: numero dei lobi
OIV 070	Foglia adulta: distribuzione della pigmentazione antocianica sulle nervature principali della pagina superiore del lembo
OIV 076	Foglia adulta: forma dei denti
OIV 079	Foglia adulta: grado di apertura / sovrapposizione del seno peziolare
OIV 081-2	Foglia adulta: base del seno peziolare delimitata dalle nervature
OIV 084	Foglia adulta: densità dei peli striscianti tra le nervature principali sulla pagina inferiore del lembo
OIV 087	Foglia adulta: densità dei peli eretti sulle nervature principali della pagina inferiore
OIV 223	Acino: forma
OIV 225	Acino: colore della buccia

**b) Complementari, per una più completa caratterizzazione a fini identificativi**

<b>Codice OIV</b>	<b>Descrittore</b>
OIV 007	Germoglio: colore del lato dorsale degli internodi
OIV 008	Germoglio: colore del lato ventrale degli internodi
OIV 053	Foglia giovane: densità dei peli striscianti tra le nervature principali della pagina inferiore del lembo (4 <sup>a</sup> foglia) <b>(GIBA)</b>
OIV 151	Fiore: organi sessuali <b>(GIBA)</b>
OIV 065	Foglia adulta: dimensione del lembo
OIV 072	Foglia adulta: depressioni del lembo
OIV 073	Foglia adulta: ondulazione del lembo tra le nervature principali o secondarie
OIV 074	Foglia adulta: profilo del lembo in sezione trasversale
OIV 075	Foglia adulta: bollosità della pagina superiore del lembo
OIV 078	Foglia adulta: altezza dei denti in rapporto alla loro base
OIV 080	Foglia adulta: forma della base del seno peziolare <b>(GIBA)</b>
OIV 081-1	Foglia adulta: denti del seno peziolare
OIV 083-2	Foglia adulta: presenza di denti nei seni laterali superiori <b>(GIBA)</b>
OIV 094	Foglia adulta: profondità dei seni laterali superiori
OIV 202	Grappolo: lunghezza (escluso il peduncolo)
OIV 204	Grappolo: compattezza
OIV 206	Grappolo: lunghezza del peduncolo del grappolo principale
OIV 208	Grappolo: forma <b>(GIBA)</b>
OIV 231	Acino: intensità della pigmentazione antocianica della polpa <b>(GIBA)</b>
OIV 236	Acino: sapore particolare <b>(GIBA)</b>
OIV 241	Acino: sviluppo dei vinaccioli <b>(GIBA)</b>

**c) Accessori (A), per una caratterizzazione più dettagliata**

<b>Codice OIV</b>	<b>Descrittore</b>
OIV 003	Giovane germoglio: intensità della pigmentazione antocianica dei peli striscianti dell'apice
OIV 082	Foglia adulta: grado di apertura/sovrapposizione dei seni laterali superiori
OIV 083-1	Foglia adulta: forma della base dei seni laterali superiori



OIV 093	Foglia adulta: lunghezza del picciolo in rapporto alla lunghezza della nervatura mediana
OIV 209	Grappolo: numero di ali del grappolo principale
OIV 227	Acino: quantità di pruina
OIV 235	Acino: consistenza della polpa

**Descrittori agronomici.** Si riporta qui di seguito anche un elenco dei descrittori agronomici (o attitudinali), che potrebbero essere utili ai fini dell'iscrizione al RNVV e agli elenchi regionali delle cultivar idonee alla coltivazione. Tale elenco ha l'intento di superare alcune divergenze tra normativa nazionale e regionale, fornendo un elenco dei caratteri più efficaci nel definire il comportamento agronomico di una varietà di vite. Quelli indicati con la lettera "C" sono obbligatori per l'inserimento di un vitigno ad uva da vino negli elenchi regionali che riportano le varietà idonee alla coltura in un ben preciso areale.

#### **a) Estimativi**

<b>Codice OIV</b>	<b>Descrittore</b>
OIV 006	Germoglio: portamento (prima della legatura) (C)
OIV 152	Infiorescenza: livello d'inserzione della 1 <sup>a</sup> infiorescenza
OIV 153	Infiorescenza: numero di infiorescenze per germoglio (C)
OIV 155	Tralcio: fertilità delle gemme basali (C)
OIV 301	Epoca di germogliamento (C)
OIV 302	Epoca di fioritura (C)
OIV 303	Epoca di inizio invaiatura (C)
OIV 304	Epoca di maturazione tecnologica dell'acino (C)
OIV 351	Vigoria del germoglio (C)
OIV 352	Crescita dei germogli anticipati (C)

Per l'iscrizione di una risorsa a "repertorio" ci si può limitare ad una descrizione di massima di alcuni elementi e/o parametri, desumendo le informazioni da osservazioni dirette, dagli agricoltori che hanno conservato la risorsa e dalla letteratura.

Questi elementi di valutazione di tipo estimativo sono:

- Osservazioni fenologiche.

- Osservazioni e riscontri agronomici.
- Osservazioni e riscontri sulla tolleranza/sensibilità alle principali patologie.
- Osservazioni e riscontri sull'utilizzo.

#### **b) Quantitativi**

<b>Codice OIV</b>	<b>Descrittore</b>
OIV 220	Acino: lunghezza
OIV 221	Acino: larghezza
OIV 353	Lunghezza degli internodi
OIV 502	Grappolo: peso medio del grappolo (C)
OIV 503	Acino: peso medio dell'acino (C)
OIV 504	Produzione di uva per m <sup>2</sup> (C)
OIV 505	Contenuto in zucchero del mosto (C)
OIV 506	Acidità totale del mosto (C)

Ulteriori elementi di valutazione di tipo quantitativo utili ai fini di una caratterizzazione agronomica e qualitativa di una varietà di vite, sono:

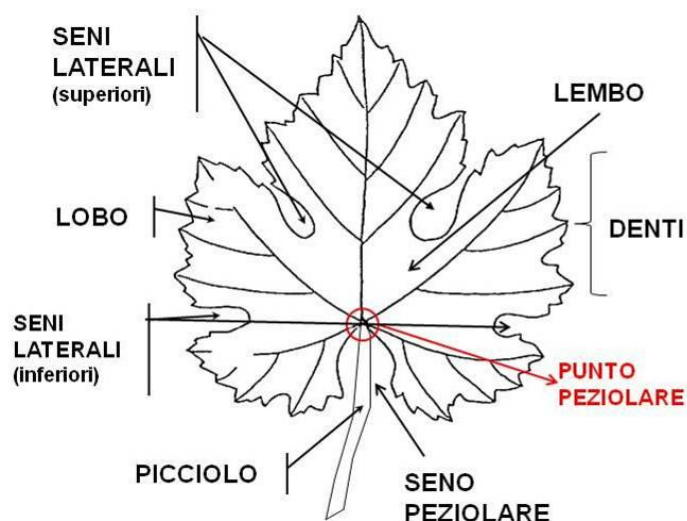
- Capacità vegetativa (C) (legno di potatura in kg/ceppo, specificando la densità d'impianto)
- Produzione di uva (kg/ceppo, specificando la densità d'impianto)
- Cinetica di maturazione (C).
- Data di raccolta. Data della raccolta a maturità tecnologica (C ).

I caratteri attitudinali devono essere rilevati anche su di una cultivar diffusa localmente o internazionale quale elemento di riferimento. Si devono inoltre riportare le condizioni di osservazione (caratteristiche del vigneto e climatiche della zona in cui sono stati svolti i rilievi).

## 2. Manuale d'uso per la scheda descrittiva morfologica di *Vitis vinifera* L.

### 2.1. Cenni di morfologia della vite

La pianta di vite, come tutte le piante superiori, si compone di diversi organi che costituiscono gli



apparati vegetativo e riproduttivo.

Sostanzialmente gli organi principali sono: radici, fusto, tralci, foglie, gemme (o meglio un complesso gemmario), fiori (riuniti in infiorescenze), frutti (bacche, riunite in una infruttescenza a grappolo) e semi (vinaccioli).

Alcuni organi hanno un forte potere discriminante a livello varietale poiché manifestano caratteristiche peculiari

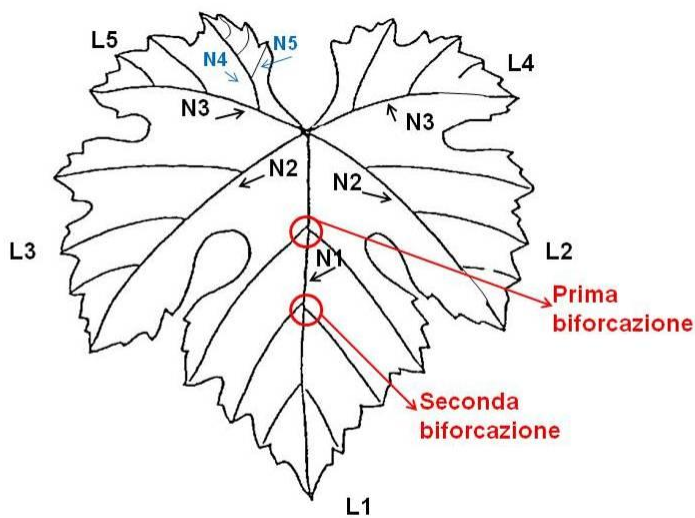
secondo la cultivar.

Tra gli organi più significativi sotto questo profilo vi sono i germogli, la foglia adulta, i grappoli e gli acini.

Le ramificazioni prendono il nome di **germogli** finché sono erbacee; quando lignificano sono dette **tralci** e generalmente sarmenti dopo la potatura invernale. I germogli si originano sui tralci di un anno o da legno più vecchio.

Le **foglie** di vite sono semplici e costituite da due parti principali: picciolo e lembo (o lamina), che a sua volta presenta una faccia o pagina superiore ed una inferiore. Il punto di inserzione del picciolo sulla lamina prende il nome di punto peziolare.

Il lembo fogliare è delimitato da un bordo dentato lungo il quale sono presenti delle rientranze con interruzione della sequenza dei denti, dette seni. I seni, quando esistono, dividono il lembo in lobi, al cui centro è presente una nervatura. A seconda del numero di lobi, si distinguono foglie intere, tri-, penta-, epta-lobate ed anche con più di 7 lobi.



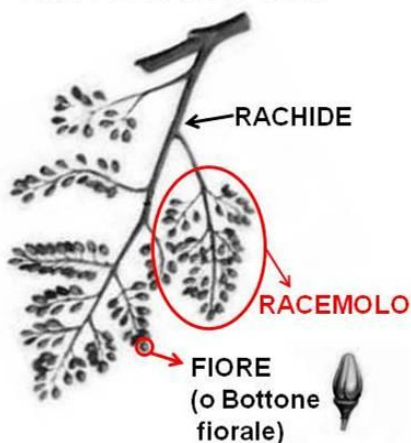
Le nervature principali (N) sono cinque. Si dipartono tutte dal punto peziolare e percorrono i lobi (L), che possono essere più o meno evidenti a seconda della presenza e della profondità dei seni laterali.

La distribuzione della pigmentazione antocianica (colorazione rossa) sulle nervature principali (N1-N3) della pagina superiore del lembo (descrittore OIV 070)

va osservata in alcuni punti precisi: punto peziolare, prima e seconda biforcazione (punti della nervatura principale da cui si dipartono le nervature secondarie di primo ordine).

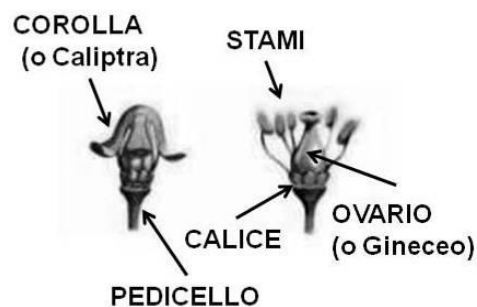
L'infiorescenza in vite è a grappolo composto. Il grappolo è formato da un'asse centrale detto rachide (o raspo), su cui s'inseriscono delle ramificazioni laterali (racemoli o racimoli), che portano i fiori.

#### INFIORESCENZA A GRAPPOLO COMPOSTO

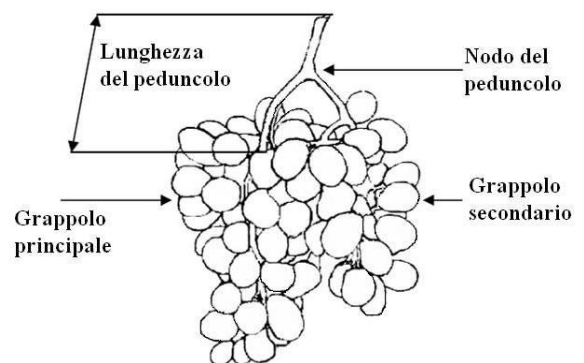


specie di cappuccio (caliptra), che al momento della fioritura si stacca dalla base e viene espulso, mettendo in mostra gli organi interni del fiore: ovario, terminante con lo stigma, e 5 stami che portano le antere con il polline. Dal punto di vista

#### FIORE



Ogni **fiore** è portato da un pedicello che si allarga in prossimità del calice. La corolla è formata da cinque petali, riuniti in alto in modo da formare una



botanico il frutto della vite è una bacca, detta anche acino, con più acini riuniti in una infruttescenza o **grappolo**.

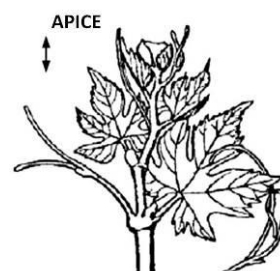
Il peduncolo è la porzione prossimale del rachide. Si biforca in un punto detto “nodo” in un asse principale (che forma il grappolo principale) e in un asse secondario, che talora origina un viticcio caduco, ma spesso porta un grappolo secondario più o meno sviluppato.

Si definiscono ali di un grappolo le parti dovute allo sviluppo degli assi secondari del rachide (escluso quello che si biforca dal nodo del peduncolo), che sporgono dalla *silhouette* del grappolo stesso. Per esser definite tali, le ali devono essere ben evidenti.

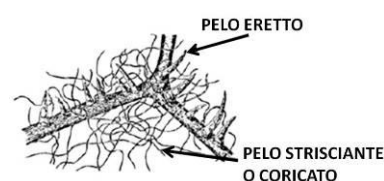
## 2.2. Trattazione dei descrittori presi in esame nella scheda

### Germoglio fino alla fioritura

**OIV 001. Giovane germoglio: apertura dell’apice.** Le osservazioni relative a questo descrittore devono essere realizzate sulla parte di germoglio al di sopra della prima foglia spiegata (apice). *Vitis vinifera*, a differenza di alcune altre specie, presenta sempre apice completamente aperto.



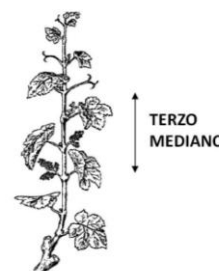
**OIV 003. Giovane germoglio: intensità della pigmentazione antocianica dei peli striscianti dell’apice.** Le foglioline apicali dei germogli con apice chiuso o semi-aperto (OIV 001) devono essere spiegate per rilevare la corrispondente parte dell’apice.



**OIV 004. Giovane germoglio: densità dei peli striscianti dell’apice.** Le foglioline apicali dei germogli con apice chiuso o semi-aperto (OIV 001) devono essere spiegate per rilevare la corrispondente parte dell’apice.

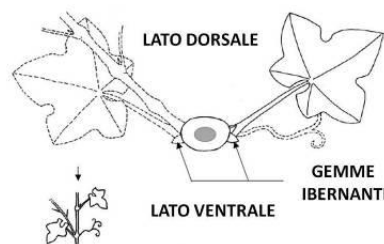
**OIV 007. Germoglio: colore del lato dorsale degli internodi.** Questa osservazione deve interessare almeno 10 internodi posizionati sul terzo mediano di più germogli. Il **terzo mediano** di un germoglio (o di un tralcio) è la porzione centrale dello stesso idealmente ripartito in tre parti.

Il lato dorsale di un internodo è generalmente quello esposto alla luce del sole; più precisamente è il lato su cui si sviluppa il germoglio anticipato (o femminella).

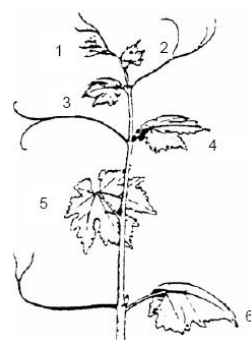


**OIV 008. Germoglio: colore del lato ventrale degli internodi.** Questa osservazione deve interessare almeno 10 internodi posizionati sul terzo mediano del germoglio.

Il lato ventrale di un internodo è generalmente quello non esposto direttamente alla luce del sole; più precisamente è il lato su cui si posiziona la gemma ibernante.



**OIV 016. Germoglio: numero di viticci consecutivi.** Consente di individuare se ci si trova in presenza di *Vitis vinifera*, di altre specie o di incroci inter-specifici: a differenza delle altre specie, *Vitis vinifera* presenta viticci intermittenti. Le osservazioni vanno realizzate a livello del terzo mediano del tralcio.



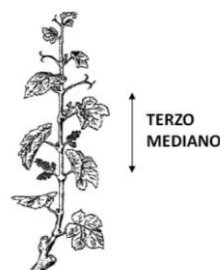
**OIV 051 – Foglia giovane: colore della pagina superiore del lembo (4<sup>a</sup> foglia).** Le osservazioni vanno realizzate sulla quarta foglia distale, contata a partire dalla prima foglia spiegata, di almeno 10 germogli. Nel caso in cui sia presente un colore di fondo prevalente e macchie di un altro colore si possono indicare anche due livelli di espressione (es.: giallo con aree bronzate è indicato come 2|3).

**OIV 053. Foglia giovane: densità dei peli striscianti tra le nervature principali della pagina inferiore del lembo (4<sup>a</sup> foglia).** Il rilievo deve interessare la quarta foglia distale di almeno 10 germogli, nel periodo di tempo che va da quando essi raggiungono i 30-50 cm di lunghezza alla fioritura. La quarta foglia distale va contata a partire dalla prima foglia spiegata (vedi OIV 051) e le osservazioni visive riguardano lo spazio tra le nervature principali sulla pagina inferiore del lembo.

**OIV 151. Fiore: organi sessuali.** Questo carattere va osservato alla fioritura sui fiori di almeno 10 infiorescenze. Occorre prestare molta attenzione nell'osservazione, poiché se si ritarda rispetto all'antesi si possono riscontrare e valutare in modo erroneo come riflessi stami in realtà ripiegati perché appassiti.

## Foglia adulta

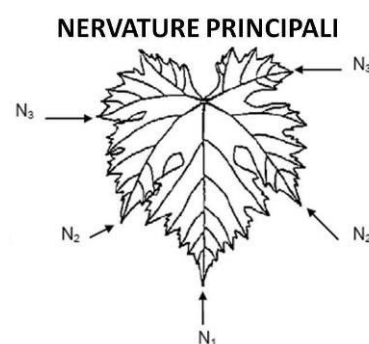
Le osservazioni su quest'organo devono essere condotte nel periodo che intercorre tra le fasi di allegagione e invaiatura. Si devono controllare almeno 10 foglie localizzate nel **terzo mediano** del germoglio e su più germogli.



Il terzo mediano di un germoglio (o di un tralcio) è la porzione centrale dello stesso, idealmente ripartito in tre parti.






**OIV 070. Foglia adulta: distribuzione della pigmentazione antocianica sulle nervature principali della pagina superiore del lembo.**

La pigmentazione antocianica (colorazione rossa) da osservare deve riguardare solo le nervature principali (N1-N3).

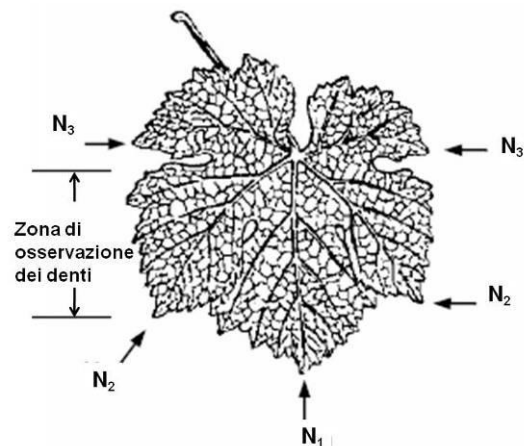


**OIV 073. Foglia adulta: ondulazione del lembo tra le nervature principali o secondarie.** Deve essere annotata la presenza di ampie "gobbe" che può formare il lembo tra le nervature principali o secondarie di primo ordine.

**OIV 075. Foglia adulta: bollosità della pagina superiore del lembo.** Rilevazione dell'entità della bollosità del lembo (piccole "gobbe") tra le nervature di ultimo ordine.

				
<b>1 Grenache N.</b>	<b>3 Sangiovese N.</b>	<b>5 Barbera N.</b>	<b>7 Riesling B.</b>	<b>9 V. amurensis</b>

**OIV 076. Foglia adulta: forma dei denti.** Nella foglia di vite, spesso, la dentatura varia a seconda della porzione del margine osservato: pertanto vanno qui osservati i denti collocati tra l'estremità della nervatura principale N2 e l'estremità della prima nervatura secondaria che si diparte da N2.



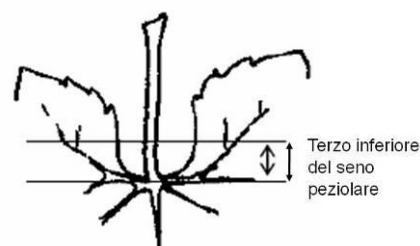
Di seguito le principali forme riscontrabili:

<b>1 Concavi</b>	<b>2 Convessi</b>

<b>3 Rettilinei</b>	<b>4 Concavo/Convessi (un lato concavo e uno convesso)</b>	<b>5 Misto tra 2 e 3</b>

**OIV 078. Foglia adulta: altezza dei denti in rapporto alla loro base.** La zona di osservazione è la medesima del descrittore OIV 076 e non devono essere considerati i denti in cui terminano le nervature principali. Il livello di espressione “5, medi” indica la situazione in cui base e altezza sono circa uguali e il rapporto è prossimo a 1.

**OIV 079. Foglia adulta: grado di apertura/sovrapposizione dei bordi del seno peziolare.** L'osservazione deve essere realizzata schiacciando la foglia su di un piano.



**OIV 080. Foglia adulta: forma della base del seno peziolare.** Le osservazioni riguardano la conformazione della parte prossimale (più profonda) del seno peziolare e più precisamente “il terzo inferiore”.

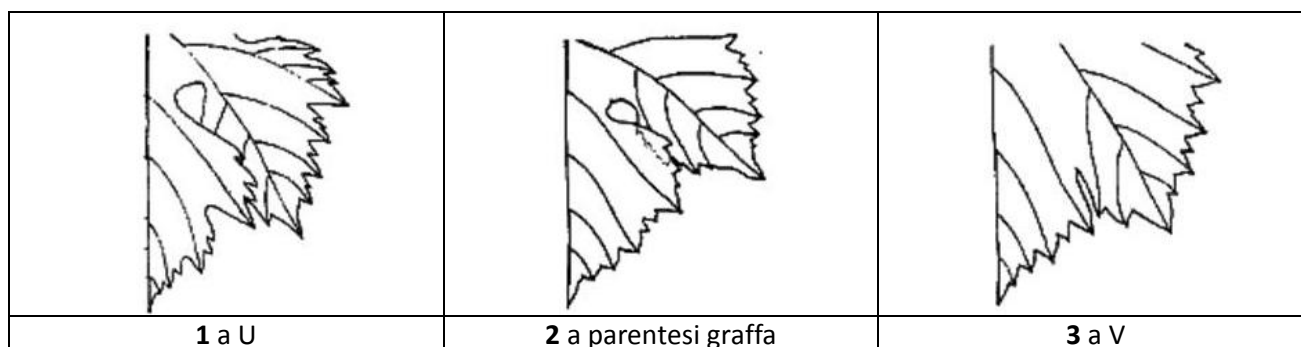
**OIV 081-1. Foglia adulta: denti nel seno peziolare.** Il carattere si definisce presente se lo si osserva su almeno una foglia su dieci.



**OIV 081-2. Foglia adulta: base del seno peziolare delimitata dalla nervatura.** Il carattere si definisce presente se lo si osserva su almeno una foglia su dieci.

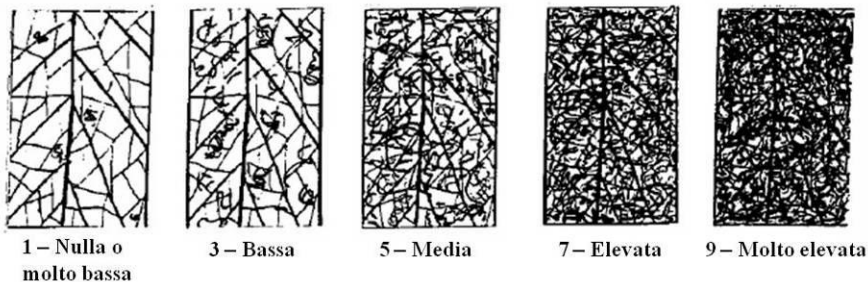
**OIV 082. Foglia adulta: grado di apertura/sovrapposizione dei seni laterali superiori.** I seni laterali superiori si collocano tra la nervatura principale mediana ( $N_1$ ) e la successiva nervatura laterale principale ( $N_2$ ) e si individuano chiaramente per l'interruzione della sequenza di denti che delinea il margine della foglia.

**OIV 083-1. Foglia adulta: forma della base dei seni laterali superiori.** La base dei seni laterali superiori può presentare le seguenti forme:



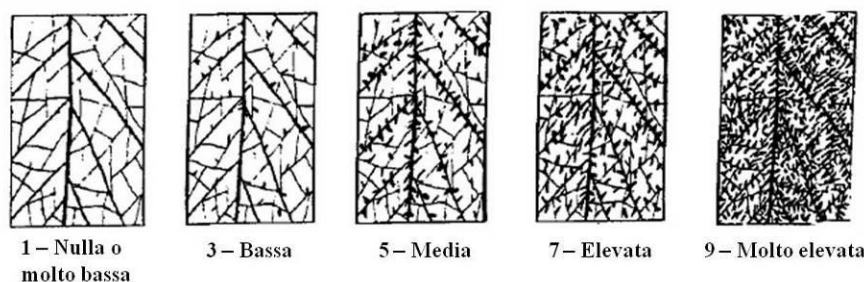
**OIV 083-2. Foglia adulta: presenza di denti nei seni laterali superiori.** Il carattere si definisce presente se lo si osserva su almeno una foglia su dieci.

**OIV 084. Foglia adulta: densità dei peli striscianti tra le nervature principali sulla pagina inferiore del**

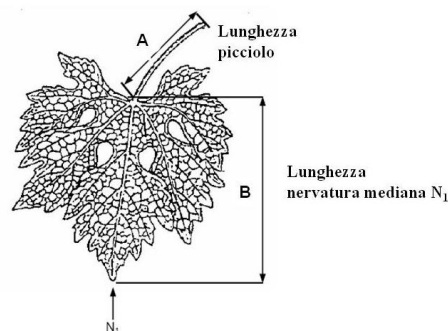


**lembo.** Questa osservazione riguarda tutta la pagina inferiore del lembo fogliare.

**OIV 087. Foglia adulta: densità dei peli eretti sulle nervature principali della pagina inferiore del lembo.** Può essere opportuno impiegare una lente di ingrandimento o buone condizioni d'illuminazione per una adeguata visione.



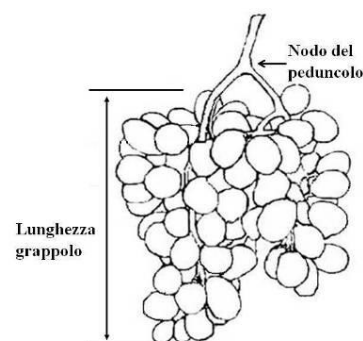
**OIV 093. Foglia adulta: lunghezza del picciolo in rapporto alla lunghezza della nervatura mediana.** Non si tratta di una misura, ma semplicemente di un'osservazione visiva. Al livello di espressione "1, più corto" corrisponde la situazione in cui "A" è più corto di "B".



### **Grappolo**

Per definire i livelli di espressione dei descrittori relativi al grappolo occorre desumere un valore o un'indicazione media sulla base di rilievi, effettuati a maturazione, sui grappoli più grandi di almeno 10 germogli.

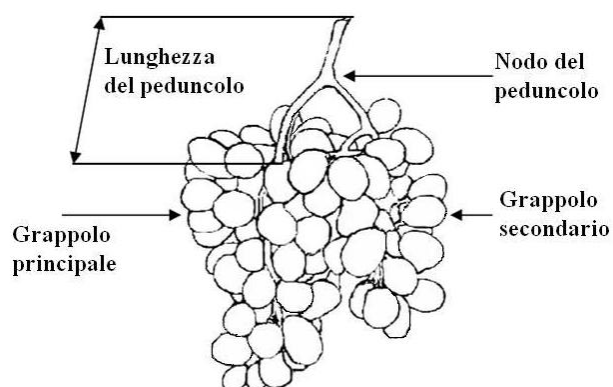
**OIV 202. Grappolo: lunghezza (escluso il peduncolo).** Il disegno illustra come deve essere misurata la lunghezza del grappolo: dall'acino posizionato più in alto all'acino più in basso lungo l'asse principale. I grappoli secondari (inseriti al nodo del peduncolo) non devono essere considerati.



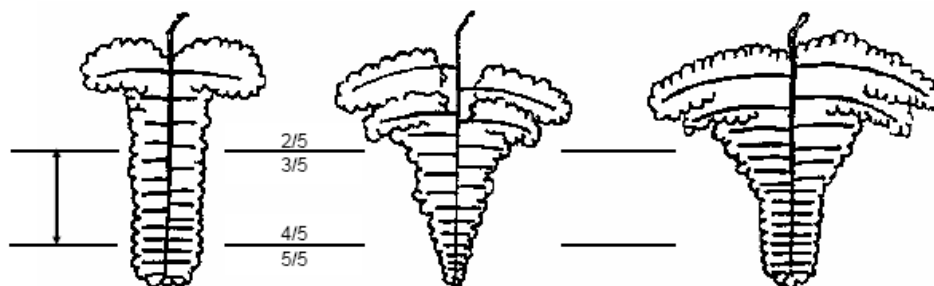
**OIV 204. Grappolo: compattezza.** I vari livelli di espressione sono definiti come di seguito:

- 1: acini nettamente staccati e numerosi pedicelli ben visibili;
- 3: acini appena staccati uno dall'altro e qualche pedicello visibile;
- 5: gli acini sono uno accanto all'altro, tanto che non si riescono a vedere i pedicelli, ma gli acini si possono muovere;
- 7: acini che non si possono muovere;
- 9: acini deformati dalla compressione.

**OIV 206. Grappolo: lunghezza del peduncolo del grappolo principale.** Risulta dalla misura della distanza tra l'inserzione del grappolo sul germoglio e la prima ramificazione del grappolo principale. Sul peduncolo è presente un ispessimento simile ad un nodo da cui si possono dipartire un grappolo secondario o un viticcio.



**OIV 208. Grappolo: forma.** Il grappolo principale deve essere osservato nella porzione che si colloca tra i tre quinti e i quattro quinti della lunghezza del suo asse.



**OIV 209. Grappolo: numero di ali del grappolo principale.** Le ali sono le ramificazioni del rachide del grappolo principale sensibilmente più lunghe delle altre. Il grappolo secondario, inserito al nodo del peduncolo, non deve essere considerato un'ala.

### **Acino**

Nel caso la varietà si caratterizzi per una decisa acinellatura, occorre prendere in esame anche gli acini con sviluppo anomalo. Le osservazioni sugli acini devono essere condotte a maturazione su almeno 30 acini prelevati nella parte centrale di 10 grappoli.

**OIV 225. Acino: colore della buccia.** Deve essere valutato dopo l'asportazione della pruina e, siccome dipende dall'esposizione dell'acino, sugli acini più esposti (al sole o alla luce).

**OIV 227. Acino: quantità di pruina.** Indicazioni sull'entità dello strato di cere che sovrasta la buccia.

**OIV 231. Acino: intensità della pigmentazione antocianica della polpa.** Non si deve tener conto di eventuali antociani che provengono dalle cellule della buccia, bensì osservare solo la colorazione della polpa. Se non si è in grado di definire i diversi livelli di espressione, anche considerando la scarsissima diffusione delle varietà di riferimento in Italia, è possibile assegnare livello di espressione 1 per le varietà a polpa non colorata e livello 9 per quelle a polpa colorata, come le varietà “tintorie”.

**OIV 241. Acino: sviluppo dei vinaccioli.** Questa osservazione deve essere effettuata a maturità dell’acino. I livelli di espressione corrispondono alle seguenti situazioni:

- 1 = nessuno sviluppo di vinaccioli (partenocarpia, tipo Corinto);
- 2 = vinaccioli con tegumento molle, sviluppo incompleto dell’embrione o dell’endosperma (stenospermocarpia, tipo Sultanina);
- 3 = vinaccioli completamente sviluppati.

## Allegato 6.8

PNBA

Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agrario

FASE "A"

### SCHEMA SINTETICA VARIETALE

Famiglia:

Genere:

Specie:

Nome della varietà (come generalmente noto) [VARNAME]:

Significato del nome comune della varietà

Sinonimi accertati (indicare per ciascun sinonimo l'area in cui e' utilizzato):

Eventuali denominazioni errate (denominazioni usate ma attribuite storicamente a varietà differenti)

Denominazione(i) dialettale(i) locale(i)

Dialecto(i) del(i) nome locale(i)

Significato(i) del(i) nome(i) dialettale(i) locale

Rischio di erosione (da ricavare da capitolo 2 del Manuale)

Data inserimento nel repertorio

Ultimo aggiornamento scheda

#### Accessioni valutate per la realizzazione della scheda (on farm)

	Codice generale (nomeazienda_data)	Identificativo scheda on farm (specie- varietà_azienda_data)	Numero(i) di accessione (ACCENUMB)	Identificativo scheda morfologica			
1							
2							
3							
4							
5							
6							
7							
8							
9							
10							

#### Conservazione ex situ

	Nome dell'istituto	Codice FAO (INSTCODE)	Numero(i) di accessione (ACCENUMB)			
1						
2						
3						
4						
5						
6						
7						
8						
9						
10						

#### Azienda incaricata della moltiplicazione

--

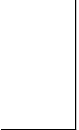
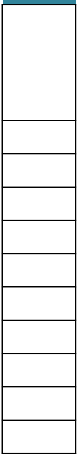
Azienda incaricata della conservazione

Descrizione sintetica varietale

Zona tipica di produzione

Cenni storici, origine, diffusione

Bibliografia di riferimento







## Allegato 7

# RIPRODURRE IL SEME IN ISOLAMENTO

A cura di Rete Semi Rurali

L'allegato è composto dalla scheda tecnica n.3 prodotta dalla Rete Semi Rurali che sintetizza le norme tecniche da adottare in campo per riprodurre le sementi in isolamento.

La scheda fornisce informazioni sul flusso genico e sui metodi da adottare per ridurre la contaminazione (impollinazione incrociata) tra varietà delle principali specie coltivate. Nella tabella riportata nella scheda sono riassunte le caratteristiche principali delle più diffuse specie coltivate e sono indicate le distanze minime di isolamento.

Si tratta di uno strumento di facile lettura e utilizzo, pertanto utilizzabile anche da parte degli agricoltori.



Foto 4. Rete anti insetto per singola pianta in pieno campo (ditta DIATEX)

dall'entrata di altri pollini.

COME RIDURRE IL RISCHIO DI CONTAMINAZIONE

DIMENSIONI DEI CAMPI

È raccomandabile, se si moltiplicano un numero ridotto di piante portaseme, ridurre la superficie offerta alla pollinizzazione disponendo le piante in campi a sviluppo quadrangolare piuttosto che longitudinali. In pratica è meglio coltivare un campo 5\*5 che avere una sola fila di piante lunga 25 m. Per diminuire ancora il rischio è meglio raccogliere i semi dalle piante portaseme disposte al centro dei campi quadrati e utilizzare i frutti raccolti dalle piante più esterne per il loro consumo.

RACCOLGERE I SEMI DA FRUTTI PRODOTTI DURANTE IL PICCO DELLA FIORITURA

A basse densità di semina il rapporto tra fiori e impollinatori rimane generalmente costante. Quando il numero di fiori aumenta in concomitanza del picco della fioritura, ci sarà un momento in cui questo rapporto è maggiore. Ciò ha l'effetto di diminuire la percentuale di fecondazione incrociata tra due diverse varietà. Ad esempio, nel caso dei pomodori si possono raccogliere i frutti durante il picco produttivo e non all'inizio o alla fine per ridurre il rischio di fecondazione incrociata.

USARE PIANTE COME BARRIERE

Piantare un'altra coltura intorno al campo di riproduzione del seme costituisce una barriera che limita il volo degli insetti pronubi. La barriera ideale deve produrre un'abbondanza di polline nel periodo in cui c'è il rischio di contaminazione nel campo di riproduzione. Sono spesso usate come barriera colture come il mais, il sorgo o il girasole.

RETI ANTI INSETTO

La ditta DIATEX vende su internet specifiche reti anti insetto adatte ad ogni necessità (<http://www.diatex.com>).

Bibliografia

G.Cerretelli e C.Vazzana, *Manuale di autoproduzione delle sementi con tecniche di agricoltura biologica*, Bologna, 2002.  
M.C de Vicente, *Issues on gene flow and germplasm management*, IPGRI, 2005.  
N.C. Ellstrand, *Dangerous liaisons? When cultivated plants mate with their relatives*,

trasporto manuale del polline incontaminato da un fiore maschile sullo stemma recettivo del fiore femminile che deve essere precedentemente isolato. Dopo che l'impollinazione è stata effettuata il fiore va protetto

Tab. 1 Situazioni che richiedono un'attenzione particolare	
<b>Ampia popolazione di piante</b>	Più grande è l'ampiezza della popolazione coltivata o il campo, maggiore è la necessità di isolarlo.
<b>Numerose varietà</b>	Se si coltivano più di due varietà da seme, le distanze relative di isolamento possono essere un problema. Infatti, ogni volta che si aggiunge una varietà, la complessità ecologica dell'area di aumenta e si diminuisce la possibilità di prevedere cosa può succedere.
<b>Presenza di molti impollinatori</b>	Nel caso in cui ci siano allevamenti di alveari nelle vicinanze, le distanze di isolamento vanno aumentate.
<b>Caratteristiche della varietà</b>	Certe varietà sono più allogame di altre. È importante perciò conoscere il comportamento riproduttivo della varietà che si moltiplica.
<b>OGM coltivati in vicinanza</b>	Nel caso siano coltivati OGM nelle vicinanze è necessario prendere tutte le precauzioni per ridurre al minimo il rischio di contaminazione, che potrebbe anche avere conseguenze legali e non solo comportare la perdita della purezza della varietà.

OFFRIRE FONTI DI POLLINE ALTERNATIVE

Avere la zona di produzione del seme circondata da una bordura di piante perenni può essere molto efficace per distrarre i pronubi. Ad esempio, nel caso di fagioli, piselli, peperoni o pomodori, che non hanno fiori molto attraenti per le api, si possono piantare intorno specie delle famiglia delle Compositae, che al contrario attraggono molto questi insetti.

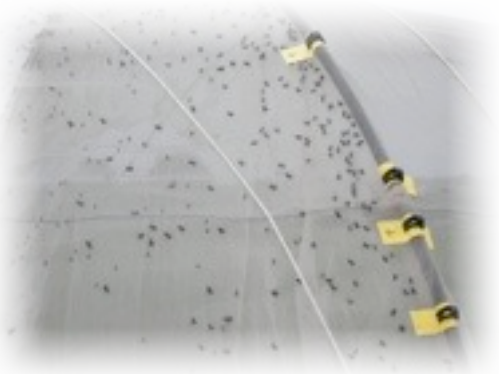


Foto 5. Reti anti insetto usate per isolare la coltura porta seme con all'interno il rilascio di mosche per favorire l'impollinazione.

RIPRODURRE IL SEME IN ISOLAMENTO

A seconda del tipo di purezza (vedi Scheda tecnica 1) che si vuole avere del seme riprodotto in azienda è necessario osservare una serie di precauzioni per evitare la contaminazione della varietà che si mantiene. Tali precauzioni variano in funzione del tipo di conformazione del paesaggio (ad esempio presenza di colline o di fasce alberate) e di riproduzione delle specie (autogamia o allogamia). Più il tasso di allogamia è alto, maggiori dovranno essere le precauzioni da prendere per mantenere la varietà in purezza. Per le specie autogame, o a prevalenza di autogamia, il mantenimento del seme in isolamento è relativamente facile e poco costoso, grazie alla purezza ereditaria che è largamente assicurata (piante omozigote), e le varietà sono generalmente delle linee pure. In ogni caso è necessario prestare sempre attenzione, anche a casi di specie che sono definite come autogame perché una percentuale di allogamia, anche ridotta, è sempre presente, come nel caso delle Solanaceae. Alle nostre latitudini, infatti, risultano prevalentemente autogame anche se in realtà esiste tra loro un certo tasso di allogamia che cambia in funzione delle condizioni ambientali. Più la temperatura è elevata più aumenta la percentuale di incrocio tra varietà diverse di una stessa specie.

IL FLUSSO GENICO

Il flusso genico è definibile come l'insieme di tutti i meccanismi che promuovono il movimento di geni da una popolazione all'altra, sia all'interno della stessa specie sia fra specie diverse. Tali meccanismi includono il movimento di individui adulti, di seme o di gameti (dispersione di polline). L'effetto del flusso genico sull'evoluzione di una popolazione dipende dalla sua distribuzione geografica (che consente lo scambio di individui o di gameti) e, soprattutto, dalla frequenza e intensità di altri fenomeni, quali mutazioni, deriva genetica e selezione. Nel valutare entità ed effetti del flusso genico è necessario innanzitutto considerare il tipo di gene ed il suo valore adattativo. Sono possibili tre casi: il tratto genico non aumenta la fitness della popolazione selvatica (è neutrale), il tratto diminuisce la fitness o, al contrario, l'aumenta.

Isolamento spaziale

La prima misura da valutare è la compresenza di varietà diverse o di specie selvatiche nei dintorni del campo di riproduzione del seme. A seconda dei casi, è necessario tenere in considerazione opportune distanze di isolamento, che possono andare da pochi a metri ad alcuni chilometri. Nel caso della barbabietola, per esempio, si è osservata l'impollinazione tra piante lontane anche una decina di chilometri. In caso di dubbio è sempre meglio stabilire distanze maggiori, sapendo che esse comunque variano in funzione degli obiettivi e delle

differenti caratteristiche delle varietà (vedi tabella 1 alla pagina seguente).

Isolamento temporale

Questa tecnica si basa sull'idea di avere due varietà coltivate in prossimità con epoca di fioritura sfalsata. Questo fenomeno può essere legato al fatto che diverse varietà della medesima specie fioriscono in epoche diverse (ad esempio cavolfiori, cipolle, mais, girasole, insalate), ma anche favorito da opportune semine scalari delle diverse varietà. In questo caso sarà facile, con epoche di fioritura differenti, conservare le varietà negli stessi spazi.

Isolamento fisico

Consiste nello sfruttare barriere naturali (come le siepi) o costruire barriere artificiali (serre, tunnel ecc.) utilizzando materiali che eliminino il rischio di impollinazione da insetti (reti anti-insetto) o da vento isolando così le singole piante madri o gruppi di piante di una stessa varietà. Si può anche isolare i fiori prima dell'impollinazione nel caso siano perfetti e autocompatibili.



Foto 1. Isolamento fisico per la produzione di semente di brassicaceae



Foto 2. Isolamento fisico di singole piante (materiale della ditta DIATEX)

Impollinazione manuale

Usata con più facilità per la produzione di semi a livello di orto familiare. Può essere eseguita per specie ad impollinazione entomofila e anemofila (ad esempio il mais). Consiste nel



Foto 3. Isolamento di singole piante dopo l'impollinazione manuale



Tab.1 Selezione conservativa e miglioratrice. Distanze di isolamento per alcune specie e varietà				
Famiglia	Specie	Tipo di fecondazione	Distanza di isolamento tra due varietà da mantenere in purezza in assenza di isolamento artificiale	Osservazioni
Solanaceae	Melanzana	allogamia <10%	50 m	È possibile mettere dei sacchetti di carta sui fiori per favorire l’autoimpollinazione
	C. annum L.	allogamia <10%	30 m	Distanziare le piante a più di 30 m se le varietà sono molto differenti. Il tasso di allogamia dei peperoncini è più alto di quello dei peperoni dolci: aumentare le distanze
	Pomodoro	Autogamia variabile in base alle condizioni climatiche: quasi totale in climi temperati , pari al 5% in clima mediterraneo	Sufficienti alcuni metri: per distanze inferiori a 3,5 m la% è pari a circa il 2%, a 22 metri è praticamente nulla. Per sicurezza è sempre meglio comunque mantenere distanze di 50 m, soprattutto in presenza di varietà locali.	Certe varietà sono più allogame o più feconde di altre (pomodoro ciliegino). Le varietà suscettibili di impollinazione incrociata hanno lo stilo (pistillo) che supera gli stimmi per temperature calde, questa caratteristica è tipica delle varietà locali/tradizionali ed è stata eliminata nelle varietà moderne e negli ibridi. I loro frutti mantengono nella parte opposta al peduncolo un traccia del pistillo in cavo: devono essere eliminati se sono suscettibili di essere stato fecondati dal polline di un'altra varietà.
Alliaceae	Cipolla	allogama	1000 m -distanza minima tra due varietà che fioriscono contemporaneamente	La cipolla non si incrocia con specie dello stesso genere (es.porro), ma presenta un elevato tasso di allogamia tra varietà e si incrocia con lo Scalogno
	Porro	allogama	1000 m	Il porro non si incrocia con specie dello stesso genere (es.cipolla), ma presenta un elevato tasso di allogamia tra differenti varietà
	Scalogno	allogama	1000 m -distanza minima tra due varietà che fioriscono contemporaneamente	Elevato tasso di allogamia tra varietà e si incrocia con la cipolla
Brassicaceae/ Cruciferae	Cavolfiore, cavolo, cavolo verza, rapa, ravanello, rucola	allogama	rispettivamente: 600 , 1500, 1500, 1000, 600 m e 600 m	Tutte le varietà appartenenti al genere Brassica hanno un levato grado di allogamia e incrocio tra varietà diverse e specie diverse. Si consiglia l’uso di isolatori fisici.
Chenopodiaceae	Bietole	allogama	500 m per varietà con caratteristiche simili, 1000 m per varietà con caratteristiche morfologiche differenti	Tutte le varietà appartenenti alla famiglia delle Chenopodiaceae hanno un elevato grado di allogamia e incrocio. Sarà necessario osservare le differenze morfologiche come colore e forma delle radici e delle foglie
	Spinacio	allogama	1000 m	Vedi sopra
Compositae/ asteraceae	Cardo, carciofo	allogama	n.d	Il cardo e il carciofo possono incrociarsi tra loro, e anche varietà diverse di cardo e carciofo, pertanto se si riproducono due o più varietà di cardo o carciofo e in presenza di specie carciofo o cardo in fioritura si consiglia di isolare le specie e le varietà con reti anti insetto e i fiori con buste di carta
	Lattuga	autogama e autocompatibile, bassa percentuale (5%) di allogamia	3m	Consigliato per maggiore sicurezza frapporre anche barriere artificiali
	Indivia scarola e riccìa	autogama e autocompatibile, rarissimi i casi di allogamia	50 m	
	Cicoria	Allogamia, fiori non autocompatibili	500 m	I fiori di cicoria possono essere fecondati da polline proveniente da piante di indivia. Tutte le varietà di cicoria possono incrociarsi.
Cucurbitaceae	Cocomero, melone, cetriolo, zucche e zucchini	autogame e autocompatibili, ma la presenza di fiori unisessuali fa sì che diverse varietà di una stessa specie possono incrociarsi	1000 m	Poiché le distanze di isolamento sono elevatissime si consiglia di utilizzare l’impollinazione manuale , grazie al fatto che i fiori sono unisessuali: o maschili o femminili
Leguminosae/ fabaceae	Cece, fagiolo comune, fagiolo dell’occhio	Autogamia, possibile l'allogamia	40-50 m	
	Fagiolo di spagna	Percentuale elevata di allogamia	100 m	
	Pisello da orto e da foraggio, lenticchia	Autogame. Percentuale bassissima di allogamia	20 m	
	Fava da orto	Allogama-Valori consistenti di impollinazione incrociata	300 m	
	Lupino	Allogama-Valori consistenti di impollinazione incrociata (40%)		
Umbrelliferae/ apiaceae	Sedano	Allogama- impollinazione incrociata	500 m	Tali distanze vanno mantenute tra diversi tipi di sedano: sedano rapa, sedano da taglio ecc..
	Carota	Allogama-impollinazione incrociata	1000 m	L’incrocio è possibile anche tra varietà coltivate e le forme selvatiche
	Prezzemolo	Allogama-impollinazione incrociata	500 m per varietà con lo stesso tipo di foglie, 1000 m per varietà con fogliame distinto (es. liscio o arricciato)	
	Finocchio	Allogama-impollinazione incrociata	800 m	Attenzione alla presenza di piante di finocchio selvatico con le quali è possibile l’incrocio
Labiatae/ Lamiaceae	Basilico	Allogama-impollinazione incrociata	100 m	
Graminaceae o poaceae	Mais	Allogama	200 m, ma 800-1000 danno maggiori garanzie	
	Grano tenero, duro ecc...	Autogama. Esistono, però, dati sufficienti per affermare che l’impollinazione incrociata avviene e che la biologia riproduttiva del frumento è favorevole a facilitare vari gradi di flusso genico in funzione di diversi fattori (ad esempio le alte temperature o la siccità).	In generale tra i 4 e gli 8 metri, come indicati dall’ENSE per la produzione di seme commerciale.	Secondo l’Ufficio Agricoltura degli USA le distanze da considerare per la produzione delle diverse tipologie di seme sono le seguenti: seme di prebase 198 metri, seme di base 99 metri.

## **Allegato 8**

# **CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA DEL FAGIOLO NERO DEL LAZIO**

**A cura di INRAN (ex ENSE)  
Piano Sementiero Regionale Lazio**

Si tratta di un caso concreto di caratterizzazione morfologica di una varietà locale composta da 5 gruppi fenotipici, di cui uno prevalente. Tutti i fenotipi presenti sono stati caratterizzati e per ciascuno sono state determinate le classi di frequenza. Quella più diffusa rappresenta in modo evidente la varietà (anche in relazione al nome "fagiolo nero"), le classi minori possono rappresentare fenotipi meno diffusi o, come nel caso in oggetto, forme inquinanti di facile individuazione.

Specie Varietà		Riferimenti CPVO TP/12/2 e UPOV TG/12/9					
Fagiolo Nero							
COD. acc.: VE-0238							
Detentore: .....							
Periodo di esame: primavera 2010							
Numero CPVO	Numero UPOV	CARATTERE	Tipo 1 (82%)	Tipo 2 (3%)	Tipo 3 (3%)	Tipo 4 (9%)	Tipo 5 (3%)
2	3	PIANTA: tipo di accrescimento (nano 1; rampicante 2)	1	1	1	1	1
4	5	SOLO FAGIOLI NANI - PIANTA: tipo (non rampicante 1; rampicante 2)	1	1	1	1	1
5	6	SOLO FAGIOLI NANI - PIANTA: altezza (bassa 3; media 5; alta 7)	5	5	5	5	5
7	8	SOLO FAGIOLI RAMPICANTI - PIANTA: velocità di accrescimento (lento 3; medio 5; rapido 7)					
8	9	FOGLIA: intensità del colore verde (molto chiaro 1; chiaro 3; medio 5; scuro 7; molto scuro 9)	5(10%) 7(90%)	7	7	5	5
9	10	FOGLIA: rugosità (assente o molto debole 1; debole 3; media 5; forte 7; molto forte 9)	5(24%) 7(76%)	7	7	7	5
10	11	FOGLIOLINA TERMINALE: taglia (piccola 3; media 5; grande 7)	6	7	7	7	7
11	12	FOGLIOLINA TERMINALE: forma (triangolare 1; da triangolare a circolare 2; circolare 3; da circolare a quadrangolare 4; quadrangolare 5)	1	1	1	1	1
12	13	FOGLIOLINA TERMINALE: apice (acuminato corto 3; acuminato medio 5; acuminato lungo 7)	5	5	5	5	5
13	14	SOLO FAGIOLI NANI - INFIORESCENZE: posizione (a piena fioritura) (nel fogliame 1; parzialmente nel fogliame 2; fuori dal fogliame 3)	2	2	2	2	2
15	16	FIORE: colore dello stendardo (bianco 1; bianco rosaceo 2; rosa 3; violetto 4)	4	4 (chiaro)	4 (chiaro)	3	3
16	17	FIORE: colore delle ali (bianco 1; bianco rosaceo 2; rosa 3; violetto 4)	4	4 (chiaro)	4 (chiaro)	2	2
17.1	18	SOLO FAGIOLI NANI - BACCELLO: lunghezza (escluso lo stilo) (molto corto 1; corto 3; medio 5; lungo 7; molto lungo 9)	3	3	3	3	3
17.2	19	SOLO FAGIOLI RAMPICANTI - BACCELLO: lunghezza (escluso lo stilo) (molto corto 1; corto 3; medio 5; lungo 7; molto lungo 9)					
18	20	BACCELLO: larghezza nel punto massimo (stretto 3; medio 5; largo 7)	5	5	7	5	7
19	21	BACCELLO: larghezza trasversale (molto stretta 1; stretta 3; media 5; larga 7; molto larga 9)	5	5	5	5	5
20	22	BACCELLO: rapporto larghezza trasversale/larghezza nel punto massimo (basso 3; medio 5; alto 7)	5	5	5	5	5
21	23	BACCELLO: forma in sezione trasversale (a livello del seme) (ellittica stretta 1; da ellittica a ovale 2; cuoriforme 3; tondeggianti 4; a otto 5)	2	2	2	2	1
22	24	BACCELLO: colore di fondo (giallo 1; verde 2; violetto 3)	1	1	1	1	1
23	25	BACCELLO: intensità del colore di fondo (chiaro 3; medio 5; scuro 7)	3	3	3	3	3

Numero CPVO	Numero UPOV	CARATTERE	Tipo 1 (82%)	Tipo 2 (3%)	Tipo 3 (3%)	Tipo 4 (9%)	Tipo 5 (3%)
24	26	BACCELLO: colore secondario (assente 1; presente 9)	1	9	9	1	1
25	27	BACCELLO: tipo di colore secondario (rosa 1; rosso 2; violetto 3)		2	2		
26	28	BACCELLO: densità delle chiazze del colore secondario (sparse 3; medie 5; dense 7)		3	3		
27	29	BACCELLO: filo della sutura ventrale (assente 1; presente 9)	9	9	9	9	9
28	30	BACCELLO: grado di curvatura (assente o molto lieve 1; lieve 3; media 5; forte 7; molto forte 9)	3(89%) 5(11%)	3	5	5	5
29	31	BACCELLO: forma della curvatura (concava 1; ad S 2; convessa 3)	1	1	1	1	1
30	32	BACCELLO: forma della parte distale (escluso lo stilo) (acuta 1; da acuta a tronca 2; tronca 3)	1(4%) 2(96%)	2	2	2	2
31	33	BACCELLO: lunghezza dello stilo (corto 3; medio 5; lungo 7)	4	5	5	4	4
32	34	BACCELLO: curvatura dello stilo (assente o molto lieve 1; lieve 3; media 5; forte 7; molto forte 9)	1	1	1	1	1
33	35	BACCELLO: tessitura della superficie (liscia o lievemente rugosa 3; moderatamente rugosa 5; molto rugosa 7)	3	3	3	3	3
34	36	BACCELLO: strozzature (allo stadio secco) (assenti o molto lievi 1; medie 2; molto pronunciate 3)	1	1	1	1	1
35	36	SEME: peso (molto basso 1; basso 3; medio 5, alto 7; molto alto 9)	4	5	5	5	5
36	38	SEME: forma della sezione longitudinale mediana (tondeggianti 1; da tondeggianti ad ellittici 2; ellittici 3; reniformi 4; rettangolari 5)	2(79%) 3(21%)	3	3	3	2
37	39	SOLO VARIETA' A SEME RENIFORME SEME: grado di curvatura (lieve 3; media 5; forte 7)					
38	40	SEME: forma della sezione trasversale mediana (appiattiti 1; ellittici stretti 2; ellittici 3; ellittici larghi 4; tondeggianti 5)	2(79%) 3(21%)	3	3	3	2
39	41	SEME: larghezza in sezione trasversale (stretto 3; medio 5; largo 7)	4	4	4	4	4
40	42	SEME: lunghezza (corto 3; medio 5; lungo 7)	5	5	5	5	5
41	43	SEME: numero di colori (uno 1; due 2; più di due 3)	1	2	2	1	1
42	44	SEME: colore principale (superficie maggiore) (bianco 1; verde o verdastro 2; grigio 3; giallo 4; beige 5; bruno 6; rosso 7; violetto 8; nero 9)	9	5	5	4	5
43	45	SEME: colore secondario predominante (grigio 1; giallo 2; beige 3; bruno 4; rosso 5; violetto 6; nero 7)		5	4		
44	46	SEME: distribuzione del colore secondario predominante (intorno all'ilo 1; su metà del seme 2; su tutto il seme 3)		3	3		
45	47	SEME: venature (lievi 3; medie 5; forti 7)	3	3	5	5	5
46	48	EPOCA DI FIORITURA (50% di piante con almeno un fiore) (molto precoce 1; precoce 3; media 5; tardiva 7; molto tardiva 9)	7	5	5	7	8



**Nero  
VE – 0238**



**Stadio fresco: tipo 1**



**Stadio fresco: tipo 3**



**Stadio fresco: tipo 4**

(fiore viola, baccello con curvatura lieve e colore secondario assente) (fiore viola chiaro, baccello con curvatura media, chiazze rosse e sparse) (fiore rosa, baccello con curvatura media e colore secondario assente)



**tipo 1**



**tipo 2**



**tipo 3**



**tipo 4**



**tipo 5**

**Stadio secco**

**tipo 1:** seme con forma da tondeggiate ad ellittica(79%) ed ellittica (21%), colore unico nero, venature lievi

**tipo 2:** seme con forma ellittica, colore principale beige, colore secondario rosso, venature lievi

**tipo 3:** seme con forma ellittica, colore principale beige, colore secondario bruno, venature medie

**tipo 4:** seme con forma ellittica, colore unico giallo, venature medie

**tipo 5:** seme con forma ellittica, colore unico beige, contorno dell'ilo nero, venature medie