

Raffaele TestolinDipartimento di Scienze agrarie
e ambientali,
Università di Udine

IL PROGETTO DI SEQUENZIAMENTO DEL GENOMA DELLA VITE

Il progetto di ricerca italo-francese, che si propone in 3 anni di sequenziare il genoma della vite, vede coinvolti un gruppo di ricercatori dell'Università di Udine, che si stanno insediando con un laboratorio presso il Parco scientifico e tecnologico "L. Danieli" di Udine.



1 *Incroci di vite in allevamento. Il gruppo di ricerca di Udine dispone di circa 6.000 incroci di vite, alcuni dei quali utilizzati per la produzione delle mappe genetiche in supporto al progetto di sequenziamento e altri destinati alla selezione di nuove varietà resistenti a malattie. Nello foto si può osservare la segregazione del colore della bacca nella progenie di un incrocio tra Cabernet Sauvignon e l'ibrido ungherese 20/3. Gli incroci sono stati curati da Guido Cipriani e da Gabriele Di Gaspero, con i quali hanno collaborato tecnici, studenti, dottorandi e titolari di borse e assegni di ricerca*

Il 26 luglio 2005 il ministro dell'agricoltura Alemanno e il ministro della ricerca francese hanno siglato un accordo che ha dato avvio al progetto di sequenziamento del genoma della vite. L'ambizioso progetto a cui si è arrivati con un intenso lavoro preparatorio durato qualche anno prevede:

- l'allestimento di tre piattaforme di sequenziamento, rispettivamente presso Génoscope a Evry-Parigi, presso il CRIBI di Padova e presso il Parco scientifico e tecnologico 'L. Danieli' di Udine;
- il sequenziamento del genoma della vite mediante approccio WGS (whole genome shotgun) applicato a librerie clonate con inserti di dimensioni variabili da 2 a 40 kb (kb = kilobasi, 1 kb = 1000 basi) e integrato da un approccio BAC by BAC per una copertura totale pari ad 8-10 volte le dimensioni del genoma. Il progetto prevede inoltre l'assemblaggio delle sequenze e l'annotazione delle stesse;
- lo studio di pathway biosintetici di particolare interesse, come la biologia riproduttiva, la sintesi degli antociani e delle altre componenti qualitative della bacca, la resistenza alle malattie e l'adattamento ai diversi ambienti di coltivazione;
- l'allestimento di microarrays specie-specifici, da mettere a disposizione della comunità scientifica assieme all'intera sequenza per studi di espressione genica;
- l'allestimento di piattaforme tecnologiche per la caratterizzazione del germoplasma di vite esistente nelle diverse collezioni mondiali ed altro ancora.

Vedremo più avanti qualche altro dettaglio, ma prima di proseguire dobbiamo organizzare il discorso in modo da rispondere alle domande, che sicuramente l'idea può avere suscitato nei lettori: a cosa serve sequenziare un genoma? Quali vantaggi porta? Quali sono i costi e quali i benefici?

LO STATO DELL'ARTE SUL SEQUENZIAMENTO DEI GENOMI

Il progetto di sequenziamento del genoma umano (The Human Genome Project) è stato completato nel 2003. A conclusione di tale sfida, che ha appassionato i media, abbiamo imparato che era in atto nel mondo il sequenziamento di altri genomi: il moscerino *Drosophila*, il nematode *Caenorhabditis*, alcuni virus, batteri, lieviti e funghi, tutti organismi di scarso appeal per l'opinione pubblica, ma di notevole interesse scientifico.

La lista dei genomi sequenziati o in corso di sequenziamento supera ormai il centinaio. Di questi, 73 sono piccoli genomi microbici, ma la lista include anche specie importanti di animali e piante, con genomi più grandi e più complessi. Tra le piante, il sequenziamento interessa specie come *Arabidopsis*, frumento, patata, pomodoro, riso, pioppo e mais (il lettore può consultare il sito web all'indirizzo <http://www.tigr.org> per una visione d'insieme).

Tutte le specie vegetali finora sequenziale, tranne il pioppo, sono a ciclo annuale, dato che per una serie di ragioni le specie legnose hanno attratto meno l'interesse dei ricercatori, ma i tempi stanno cambiando e l'interesse per specie come il pesco e la vite, oltre al pioppo già ricordato, aumenta rapidamente.

IL PROGETTO DI SEQUENZIAMENTO DEL GENOMA DELLA VITE

La vite ha un genoma di circa 475 milioni di paia di basi (Mbp), tre volte maggiore di quello di *Arabidopsis* (125 Mbp), la prima pianta ad essere sequenziata e più di sei volte inferiore a quello umano (circa 3.000 Mbp).

L'interesse per la vite è legato alla ridotta dimensione del genoma e alle molte caratteristiche biologiche che la rendono una pianta modello di grande valore scientifico. La vite è una specie a foglia caduca, è dioica nelle forme ancestrali, produce bacche e semi, sintetizza classi di metaboliti di interesse salutistico.

Perché si sequenzia un genoma

Cosa vuol dire sequenziare il genoma di una specie e perché si sequenzia un genoma?

Per quanto riguarda la prima domanda, è presto detto. Il genoma di un essere vivente è un lungo codice di informazioni contenuto nei cromosomi e fatto di DNA, cioè di 4 basi azotate, individuate dalle lettere A, G, C e T dalle iniziali dei loro nomi: adenina, guanina, citosina e timida. Sequenziare un genoma significa decifrarne l'intera informazione, cioè decifrare l'intera sequenza lineare di basi.

Il genoma umano è composto di circa 3 miliardi di paia di basi (bp), suddivise nei 22 cromosomi, che rappresentano la serie aploide degli autosomi, ai quali vanno aggiunti i 2 cromosomi sessuali X e Y. Si parla tecnicamente di paia di basi e non di basi perché il DNA è fatto da un doppio filamento.

La difficoltà della sfida lanciata da Dulbecco nel 1986 sulla rivista Science, era rappresentata dalle grandi dimensioni del genoma da una parte e dalla tecnologia non ancora matura.

Per questa ragione, l'attività di sequenziamento è iniziata, uomo a parte, con genomi modello di piccole dimensioni, dell'ordine di 105 108 bp. Oggi la tecnologia è progredita al punto che nessun genoma spaventa più il ricercatore e il problema è solo di costi.

La seconda questione richiederebbe una risposta più articolata. Possiamo dire che la decodifica di un genoma permette di:

- esplorare l'organizzazione del genoma stesso e compararlo con l'organizzazione di altri genomi di organismi viventi per capire l'evoluzione di geni e genomi;
- identificare i geni e dalla loro sequenza dedurre le loro funzioni e i caratteri che controllano. Prima di sequenziare il genoma umano non avevamo la minima idea di quanti potessero essere i geni nell'uomo. Ad un certo punto del lavoro si è stimato fossero 100.000, verso la fine del progetto il numero si è ridotto a 20-30.000 e questo è il numero di geni che oggi si stimano presenti negli organismi più complessi, come le piante e gli animali;
- identificare altre sequenze di DNA codificanti e non-codificanti coinvolte nei processi biologici, come promotori, piccoli RNA, elementi trasponibili, DNA ripetuto e altro, che rappresentano i modulatori della complessità biologica.

Al di là di queste considerazioni di carattere generale, ogni specie coltivata ha ragioni da vendere per essere sequenziata, perché il sequenziamento e l'identificazione delle componenti genetiche che determinano il fenotipo, permettono una rivoluzione copernicana, di tipo culturale e tecnologico, nei metodi di selezione, che anziché basarsi esclusivamente sul fenotipo, possono valutare in dettaglio in ogni singolo individuo anche le componenti genetiche che lo determinano.

La vite poi è una specie economicamente importante e muove un giro d'affari stimato in oltre 100 miliardi di €/anno. Le potenziali ricadute giustificano sicuramente l'impegno finanziario di un progetto di sequenziamento.

Nel 2002 è stata lanciata un'iniziativa internazionale per coordinare gli sforzi scientifici e promuovere la raccolta di fondi a livello mondiale (<http://www.vitaceae.org>). Sono iniziate alcune attività preparatorie, come la predisposizione di alcune mappe genetiche, la creazione della prima mappa fisica e il sequenziamento parziale di un certo numero di sequenze espresse (EST), che ha visto coinvolti istituti di ricerca di vari Paesi.

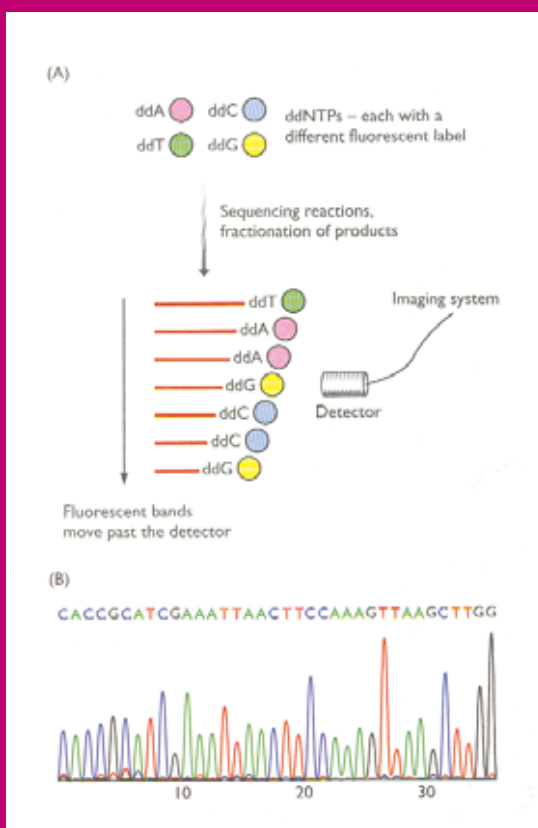
Il 26 luglio 2005, l'accordo italo-francese ricordato all'inizio ha dato avvio ad un progetto di sequenziamento vero e proprio con un budget complessivo di 12 M€, cui vanno aggiunti 5 M€ raccolti dai ricercatori friulani che partecipano al gruppo italiano denominato VIGNA. Contributi significativi sono venuti dall'amministrazione regionale, dal Parco scientifico e tecnologico di Udine, da banche – in particolare le banche di credito cooperativo regionale – e da imprese vitivinicole e tecnologiche.

Il progetto si sviluppa su un arco temporale di 3 anni (settembre 2005-2008) e prevede il se-

quenziamento di una linea di 'Pinot noir' auto-fecondata per 9 generazioni e quindi praticamente omozigote, mediante la tecnica Whole Genome Shotgun (WGS) applicata a tre diverse librerie genomiche con inserti di lunghezza variabile da 2 a 40 kb, per una copertura di circa 8-10 genomi equivalenti. L'intera attività comporta alla fine il sequenziamento da 3,8 a 4,8 miliardi di basi.

Perché sequenziare più volte lo stesso genoma, si chiederà qualcuno? Perché, per ragioni probabilistiche, per ottenere la sequenza intera di un genoma, soprattutto se il sequenziamento è basato su un approccio WGS cioè sul sequenziamento casuale di frammenti di piccole dimensioni e sull'assemblaggio di questi frammenti, è necessario sequenziare un numero di basi pari a 8-12 volte l'intero genoma per avere una ragionevole probabilità di non tralasciare qualche pezzo di genoma.

La ricostruzione della sequenza sarà guidata da alcune mappe genetiche e una mappa fisica, che verranno create dal gruppo dell'Università di Udine. Il progetto sarà completato dal sequenziamento di alcuni cloni BAC necessario per chiedere eventuali gaps e dalla annotazione delle sequenze, cioè dall'individuazione della loro probabile funzione.



Principio su cui si basa il sequenziamento di un frammento di DNA.

Usando il frammento di DNA, di cui si vuole conoscere la sequenza, come stampo vengono fatte tante copie complementari della sequenza. Si utilizza un pool di nucleotidi normali (A, G, C, T), un pool di nucleotidi modificati (ddA, ddG, ddC, ddT) e l'enzima polimerasi che si incarica di sintetizzare la catena di DNA complementare al DNA stampo. Quando nella catena in costruzione viene incorporato un nucleotide modificato, il processo di sintesi si interrompe. Si forma così nella provetta di reazione una popolazione di frammenti di lunghezza variabile, che vengono separati successivamente per elettroforesi capillare proprio in base alla loro lunghezza. Poiché ciascuno dei nucleotidi modificati ha attaccato un fluorocromo di diversa lunghezza d'onda, un rivelatore in prossimità del capillare in cui avviene la separazione elettroforetica dei frammenti acquisisce il colore del fluorocromo che caratterizza il frammento che passa in quel momento, identificando così l'ultimo nucleotide (modificato) che compone la sequenza del frammento stesso. In (B) si può leggere il segnale analogico in uscita dal rivelatore dato dai picchi dei fluorocromi e la sua trasformazione nella relativa sequenza (da Brown 1999 Genomes. Bios Sci. Pub, Oxford UK).

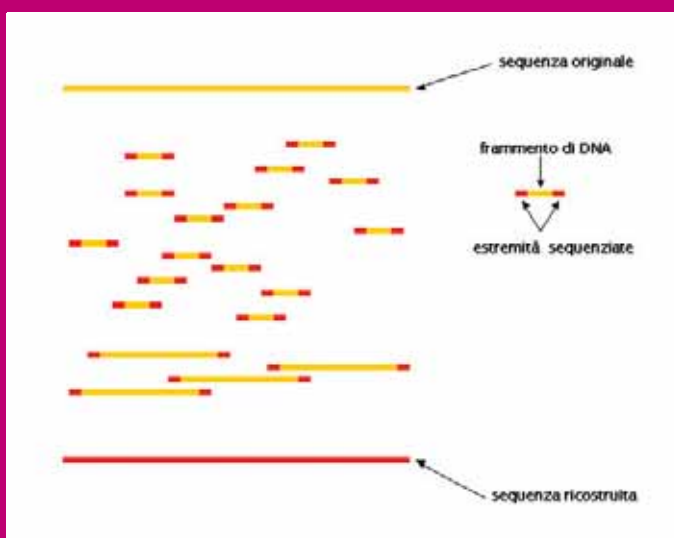
LE RICADUTE DEL PROGETTO

Le ricadute più importanti del progetto sono sicuramente quelle relative alla ricerca fondamentale sull'organizzazione e l'evoluzione dei genomi vegetali e quelle relative alla conoscenza di geni relativi a pathway biologici importanti, per i quali la vite rappresenta una pianta modello. Per fare qualche esempio:

- la dormienza, cioè l'adattamento delle piante poliennali a foglia caduca ai climi freddi;
- la riproduzione sessuale delle piante e l'evoluzione dalla dioicia alla monoicia. La vite è una specie dioica, a sessi separati ed è diventata monoica e autofertile durante il processo di addomesticamento. Tuttora gran parte delle specie selvatiche di vite sono a sessi separati. Il progetto può identificare i geni che controllano la dioicia e quelli che hanno permesso di superare tale condizione nelle cultivar moderne. I problemi legati alle difficoltà di impollinazione (dioicia, incompatibilità) creano consistenti riduzioni di produzione in agricoltura in molte specie. Ancora, la coltivazione dell'uva da tavola si basa principalmente su cultivar apirene (sostanzialmente a fiore femminile), nelle

quali operano due meccanismi alternativi (la partenocarpia e l'aborto precoce degli embrioni): entrambi i fenomeni sono poco conosciuti e il progetto può portare alla conoscenza di entrambi i meccanismi genetici e al loro utilizzo nei programmi di incrocio;

- la vite produce semi portati da bacche. Le bacche sono un modello di organo complesso, che accumula larghe quantità di zuccheri e acidi organici, con meccanismi tuttora poco noti dal punto di vista genetico;
- la vite sintetizza polifenoli, che assieme ai loro precursori costituiscono una famiglia straordinariamente abbondante di composti, comprendente molecole deputate alla difesa da patogeni, come ad esempio gli stilbeni, e composti fondamentali per il colore e la qualità del vino, come gli antociani e i tannini. Ad alcuni di questi composti, come il resveratrolo, vengono riconosciute importanti proprietà salutistiche;
- la vite, infine, può diventare una pianta modello fondamentale per comprendere e utilizzare nel miglioramento genetico i meccanismi di difesa da patogeni.



Schema di sequenziamento di un genoma mediante approccio WGS (Whole Genome Shotgun). Il genoma viene rotto in pezzi di dimensioni diverse e le estremità dei pezzi vengono sequenziate per circa 700 basi (pezzetti in colore rosso). La casuale sovrapposizione di parti delle sequenze di frammenti diversi permette alla fine la ricostruzione della sequenza intera. La rottura dei cromosomi in popolazioni di frammenti di dimensioni diverse, per esempio da 1-2 kb (i frammenti più corti nella figura) e da 8-12 kb (i frammenti più lunghi nella figura) permette una migliore rappresentazione in termini di campionamento del genoma.

Come si sequenzia un genoma

Ci sono due diversi approcci al sequenziamento di un genoma: l'approccio cosiddetto whole genome shotgun (WGS) e l'approccio BAC by BAC. Il primo inizia con la frammentazione del DNA genomico in piccoli pezzi, l'inserimento di tali sequenze in un vettore plasmidico (l'operazione è detta 'clonaggio' e 'cloni' sono chiamati i pezzi di DNA inseriti nel plasmide). Continua con il sequenziamento dei cloni e termina con la ricostruzione dell'intera sequenza del genoma sfruttando le parziali sovrapposizioni delle sequenze che permettono di individuare quelle adiacenti le une alle altre. Un tale approccio, che non richiede alcuna mappa genetica o fisica, è stato introdotto nel 1995 ed è ormai adottato di routine per genomi piccoli (batteri, virus ...). I genomi di dimensioni maggiori, come quelli di animali o piante, vengono sequenziati nella seconda maniera e l'approccio fa uso di una libreria BAC, che non è altro che

una collezione di frammenti di DNA di grandi dimensioni (100-150 kb) clonati in cromosomi artificiali di batterio (BAC, bacterial artificial chromosomes) e di una mappa fisica dove i cloni BAC sono allineati (l'operazione è chiamata assemblaggio dei contigs). A questo punto ha luogo il sequenziamento BAC by BAC dei cloni contigui. Nel 1998, Craig Venter lancia la sfida del sequenziamento del genoma umano mediante l'approccio WGS. L'obiettivo di Venter difficilmente sarebbe stato raggiunto senza il largo uso fatto dal suo gruppo delle informazioni provenienti dal progetto pubblico di sequenziamento basato sulla strategia BAC by BAC, ma lo sforzo fatto, l'aumento della potenza e velocità di calcolo e lo sviluppo di adeguati software degli ultimi anni ha orientato la comunità scientifica a considerare fattibile il sequenziamento mediante approccio WGS di genomi di relativamente grandi dimensioni e complessità.

LE RICADUTE PER LA COMUNITÀ REGIONALE

Al di là di questi ed altri aspetti di conoscenza di base, il gruppo di Udine ha deciso di inserire nella propria attività due applicazioni di rilevanza strategica per il comparto vitivinicolo regionale:

- la realizzazione di una piattaforma tecnologica per l'identificazione di varietà e cloni di vite, che permetta la protezione brevettuale anche di questi ultimi;
- la creazione di nuove selezioni di vite resistenti ai patogeni e con elevate qualità dei mosti.

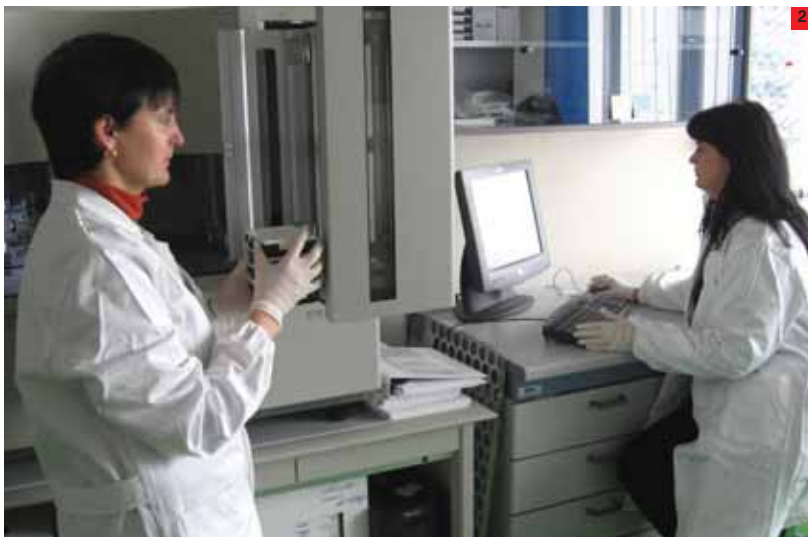
Per quanto riguarda il primo punto, le varietà di vite vengono già identificate con una certa facilità e rigore con una tecnica basata sull'analisi di DNA microsatellite, analogamente a quanto avviene in campo umano per le analisi di paternità e colpevolezza. Il problema riguarda l'identificazione dei cloni, per i quali non ci sono in questo momento né la tecnologia né le basi scientifiche. Il problema riguarda, a dire il vero, tutte le piante a moltiplicazione vegetativa (tutte le specie da frutto e da legno), ma è particolarmente sentito per la vite, dove la titolarità di cloni di pregio, selezionati con lungo lavoro e costi elevati dai vivaisti della nostra re-

gione, non è difendibile in questo momento dal punto di vista brevettuale.

Il gruppo di Udine si prefigge di mettere a punto una piattaforma tecnologica in grado di eseguire in poche ore la scansione di 10-20.000 punti del genoma facilmente soggetti a mutazione, tecnicamente noti come mutazioni di singola base (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), caratterizzando in tale modo i diversi cloni di uno stesso vitigno con una analisi che ha valore di prova a livello forense. Questa è la prima ricaduta che il gruppo promette in tempi brevi e che ha sollevato l'interesse dei vivaisti della regione, in particolare dei Vivai Cooperativi di Rauscedo, che vantano una leadership europea nel settore con 60-100 milioni di barbatelle di vite moltiplicate ogni anno e decine di cloni selezionati.

Il secondo aspetto è forse più importante, per l'impatto che può avere sulla viticoltura nei prossimi 20 anni. Il miglioramento genetico della vite, avviato agli inizi del '900 è stato abbandonato in Italia da oltre 50 anni, mentre è continuato con alterne vicende in altri Paesi, come la Francia, la Germania, l'Ungheria o la Serbia, per ricordare solo i centri più importanti in Europa.

I risultati sono stati sostanzialmente deludenti, perché, mentre si è riusciti a introdurre nella vite europea le resistenze portate da specie americane e asiatiche, non si è riusciti a raggiungere livelli qualitativi elevate delle uve.



2 Sequenziatore automatico di DNA. Le macchine di ultima generazione, a 96 capillari e dotate di carosello per il caricamento automatico delle piastre, lavorano in continuo e producono circa 1,6 milioni di basi sequenziate al giorno. I due poli di sequenziamento italiani (il CRIBI di Padova e l'Istituto di Genomica applicata di Udine) dispongono ciascuno di 3 sequenziatori di grosse capacità



3 Collezione di germoplasma di vite. Copertura con rete antigrandine del campo catalogo del germoplasma di vite presso l'Azienda Agraria dell'Università "A. Servadei". La collezione contiene una pregevole raccolta di specie selvatiche, utilizzate in incroci controllati per lo studio delle resistenze e una collezione di selezioni avanzate, introdotte dai più importanti programmi europei di miglioramento genetico della vite e caratterizzate da resistenza a diversi patogeni. Il materiale è stato raccolto da Enrico Peterlunger, docente di viticoltura con l'aiuto di Gabriele Di Gaspero, attuale responsabile del progetto di miglioramento genetico della vite per la resistenza alle malattie

Bibliografia

Peterlunger E, Bigot G, Testolin R (1999) Il miglioramento genetico della vite per la resistenza ai patogeni: importanti novità dal mondo della ricerca. *Notiziario ERSA* 6: 33-38

4 *I responsabili dei tre gruppi di lavoro del progetto. Da sinistra: Alberto Policiriti, responsabile del gruppo di bioinformatica, Gabriele Di Gaspero, responsabile dei materiali vegetali e dei progetti applicativi, Michele Morgante, responsabile del sequenziamento e coordinatore del progetto*



La ragione è semplice: i vitigni coltivati attualmente sono frutto di una selezione secolare e presentano profili aromatici e antocianici difficili da riselezionare con i metodi tradizionali basati sulla sola osservazione del fenotipo. Il sequenziamento del genoma della vite può rivoluzionare le tecniche di selezione, perché permette di utilizzare le conoscenze relative ai fattori genetici coinvolti nella costituzione - per esempio - di un certo profilo aromatico e di fare una selezione molto mirata sulla presenza di tali fattori. L'analisi può essere fatta quando le piantine ottenute da incrocio hanno qualche mese di vita, senza nemmeno attendere per 3-4 anni la loro entrata in produzione. Ciò permette di saggiare, a costi molto contenuti, migliaia di sementali ottenuti con le tecniche di incrocio tradizionali e di mandare in produzione solo quegli individui che presentano a livello genetico (di sequenza di DNA) il profilo aromatico o di antociani voluto. Si tratta di una rivoluzione metodologica, che sta ridando slancio ai programmi di miglioramento

genetico in tutto il mondo.

Il gruppo di Udine, in vista di questa rivoluzione, ha iniziato da alcuni anni a introdurre in collezione le migliori selezioni di vite resistenti ai patogeni, ottenute nei programmi di miglioramento genetico francesi, tedeschi, austriaci, ungheresi, serbi e cinesi e dispone già di circa 6.000 incroci, ottenuti incrociando varietà internazionali e locali suscettibili alle malattie con quelle selezioni avanzate resistenti alle principali malattie (peronospora, oidio ecc.). Si veda a tale proposito l'articolo pubblicato sul *Notiziario dell'ERSA* 1999/06 che rappresenta il 'manifesto' di inizio dell'attività di miglioramento genetico della vite all'Università di Udine. Attualmente questo programma è l'unico esistente in Italia per la vite da vino e la disponibilità di questi materiali sarà il nuovo punto di forza per l'affermazione del polo vitivinicolo regionale, che già gode di grande notorietà per alcuni vini di pregio.

CONCLUSIONI

L'argomento dell'introduzione di nuove varietà è un argomento difficile da affrontare tra i viticoltori, ma il mondo sta cambiando rapidamente e la ricerca deve guardare non tanto alle esigenze della viticoltura di oggi, quanto a quelle della viticoltura del domani.

Ci sono tante ragioni per guardare con nostalgia al mondo del vino, al legame vitigno-terroir: argomenti ai quali i produttori, soprattutto i migliori, sono molto attaccati, convinti che si tratti di solidi argomenti a difesa e promozione della loro produzione. E' vero, ma ricostituire una piattaforma varietale che riproponga i sapori e i profumi dei vecchi vitigni e porti al tempo stesso all'abbandono dei pesticidi, è una sfida ugualmente interessante, sulla quale vale la pena scommettere.

Infine, ricordiamo che il progetto porterà alla costituzione ad Udine di un Istituto di Genomica applicata in grado di attrarre in futuro finanziamenti pubblici e privati (il gruppo ha già contatti per attività di sequenziamento su frumento, pesco, mais e altre specie) e in grado di affiancarsi ai due centri di eccellenza presenti a Trieste per il settore umano, l'ICGEB e il Centro di Biomedicina molecolare, portando in tal modo allo sviluppo in Regione di un polo di rilevanza scientifica e tecnologica internazionale nel settore della biologia e della genetica molecolare.



C.R.I.T.A.

Centro per la Ricerca e
l'Innovazione Tecnologica
in Agricoltura

Incontro tecnico con i viticoltori del Friuli Venezia Giulia

UNA SELEZIONE LEGGERA PER CONSERVARE IL PATRIMONIO GENETICO DELLE VITI AUTOCTONE DEL FRIULI VENEZIA GIULIA

Udine, 11 aprile 2006

AZIENDA AGRARIA UNIVERSITARIA "A. SERVADEI"

<http://aziendagraria.uniud.it>

Via Pozzuolo 324, Udine

Dopo 50 anni di appiattimento sui vitigni internazionali, sui quali si è allineata l'intera produzione mondiale, è tornato prepotentemente alla ribalta l'interesse per i vitigni locali, quei vitigni cioè che hanno rappresentato per millenni la storia e la tradizione vitivinicola delle diverse aree geografiche del nostro e di molti altri Paesi.

Il Friuli Venezia Giulia vanta un patrimonio di tutto rispetto e vanta anche un'attenzione per i suoi vitigni locali. Ribolle e Refoschi, Verduzzo e Picolit, Schioppettino e Terrano sono solo alcuni esempi di vitigni, sui quali i viticoltori friulani e giuliani hanno continuato a credere. Nuovi

vitigni sono in fase di riscoperta. Si pensi al Pignolo e a qualche altro. Il CRITA, Centro per la Ricerca e l'Innovazione Tecnologica in Agricoltura sta avviando un dialogo importante con i produttori della regione sui principali temi che possono portare ad un rinnovamento dell'agricoltura regionale. Uno di questi temi è il recupero e la valorizzazione dei vitigni autoctoni.

Ma il recupero non basta. Deve essere un recupero in linea con le acquisizioni della ricerca degli ultimi anni. E la ricerca sta dicendo qualcosa di nuovo. Sta dicendo per esempio che la variabilità genetica che ogni varietà matura al proprio interno nel tempo può essere una fonte preziosa di qualità e di adattamento all'ambiente da non eliminare con la selezione. Dice anche che il risanamento fitosanitario esasperato porta a livelli elevati di vulnerabilità, mentre una vite che arriva ad un equilibrio tra patogeni e competitori può esprimere livelli di sanità più duraturi nel tempo. Si tratta di concetti nuovi, che il convegno vuole proporre alla comunità dei tecnici, dei vivaisti e dei viticoltori regionali.