Caratterizzazione morfo-fenotipica e molecolare della cipolla di Cavasso e della Val Cosa

Francesco Stefani, Emanuele De Paoli¹, Luisa Dalla Costa^{1*}, Cristina Chiabà¹, Fabiano Miceli¹

luisa.dallacosta@uniud.it

¹ Università degli Studi di Udine, Dipartimento Scienze Agrarie e Ambientali, Via delle Scienze 206, 33100 Udine, Italia:

Introduzione

La cipolla (*Allium cepa* var. *cepa* L.) è originaria dell'Asia centrale, con il Mediterraneo quale secondo centro di origine. Diverse varietà locali sono ancora coltivate su piccola scala: tra queste, la cipolla di Cavasso e della Val Cosa. La sua riscoperta si deve all'azione di piccoli produttori dell'alta pedemontana pordenonese, assieme all'Università di Udine. Avviato nel 2005 un percorso di recupero e conservazione *ex situ* della semente presso la Banca del Germoplasma Autoctono Vegetale (BaGAV), una valutazione agronomica ha messo in luce buona resa produttiva, interessanti caratteristiche qualitative e di composizione.





Pisa 14-16 Giugno, 2022





Obiettivi

Nel 2021 la varietà-popolazione è stata caratterizzata, mediante descrittori morfo-fenotipici e molecolari. Lo scopo era definire se i materiali locali di cipolla potessero essere considerati un'unica popolazione, o se al contrario si possa distinguere i materiali in due o più gruppi, tenuto conto comunque che il Presidio SlowFood del FVG (Cipolla di Cavasso e della Val Cosa) è unico. E' quindi utile capire se il dibattito in merito abbia fondamento, in vista di ulteriori passaggi di valorizzazione di questa risorsa orticola locale.

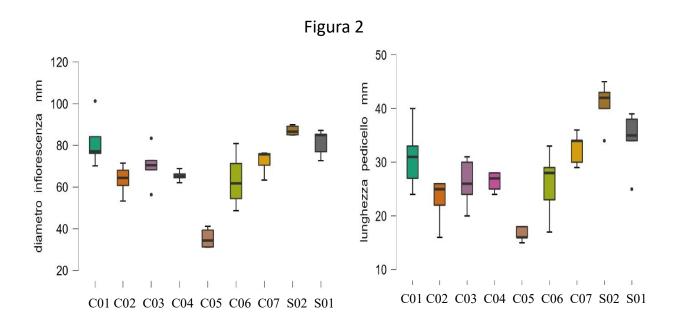
Materiali e metodi

Le osservazioni sono state condotte presso 9 produttori. In totale sono stati utilizzati 33 descrittori fenotipici (22 UPOV e 5 IPGRI) in fase vegetativa ed altri 6 descrittori per caratteri riproduttivi.

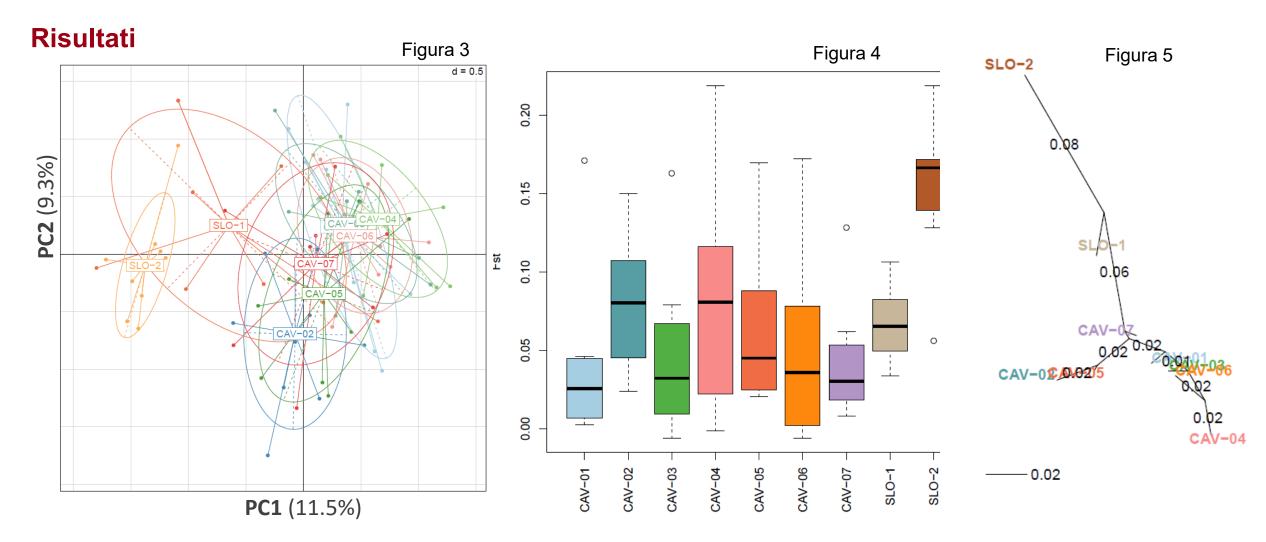
Per l'analisi molecolare è stato estratto il DNA da tessuti fogliari di 10 bulbi per azienda ed effettuata un'analisi di screening con 16 marcatori SSR (Simple Sequence Repeat).

L'estrazione del DNA è stata effettuata mediante Nucleospin plant Extraction kit. Dei 16 marcatori SSR (*Simple Sequence Repeat*) 13 sono risultati idonei. Per la PCR è stata utilizzata la HotMaster Taq DNA Polymerase (Quanta bio). Gli amplificati sono stati analizzati mediante "SeqStudio™ Genetic Analyzer" (ThermoFisher Scientific).

Risultati



Molti descrittori fenotipici, quali ad esempio il diametro dell'infiorescenza e la lunghezza del pedicello su presentati (Figura 2), evidenziano una variabilità marcata tra le aziende e piuttosto contenuta entro aziende. Esaminati i singoli caratteri quantitativi, su otto di essi ne è stata condotta un'analisi multivariata. Da questo approccio non è emersa tuttavia una netta indicazione sull'esistenza di gruppi all'interno della popolazione (dati non presenti).



Dall'esame della PCA condotta sui 13 marcatori SSR utilizzabili (Figura 3), come pure delle distanze basate sull'indice di differenziazione genetica Fst (Figure 4 e 5) sembra viceversa che l'azienda SLO-2 gestisca materiali di cipolla che si discostano dagli altri sul piano locale. Il titolare dell'azienda ha peraltro gestito la moltiplicazione del seme negli anni evitando qualsiasi rischio di promiscuità.

Conclusioni

Una caratterizzazione della "Cipolla di Cavasso e della Val Cosa' rivela come potrebbe essere possibile individuare due gruppi di materiali. Tuttavia, il modesto peso delle due componenti principali nella PCA costituisce un limite all'analisi condotta.

