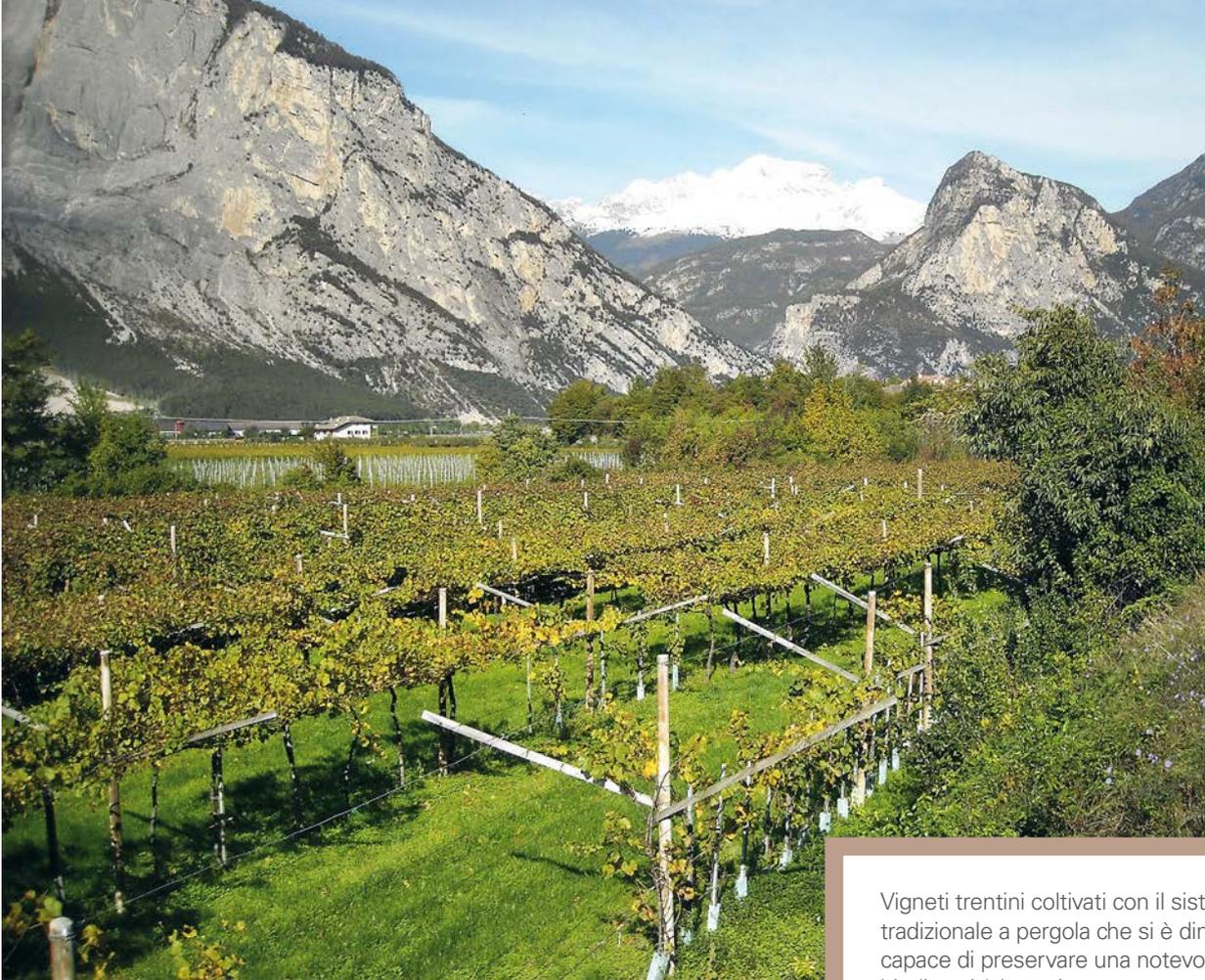


**EVOLUZIONE DELLE POPOLAZIONI MICROBICHE  
IN VIGNETI DI MONTAGNA, UN'INDAGINE TRENTINA NEL 2019**

# LA POSIZIONE DEL VIGNETO

non cambia il microbiota

*I campioni di corteccia,  
foglie e grappoli isolati  
in 6 vigneti trentini  
con altitudini e forme  
di allevamento diverse  
non hanno presentato  
differenze dal punto di vista  
qualitativo nelle popolazioni  
microbiche rilevate*



Vigneti trentini coltivati con il sistema tradizionale a pergola che si è dimostrato capace di preservare una notevole biodiversità batterica

#### >> Raffaele Guzzon

Il vino non è comune alimento, fino dal XII secolo sono state condotte numerose ricerche con l'obiettivo di migliorarne la qualità e, tra queste tante sono quelle riconducibili al ruolo del vigneto di origine. L'impegno di generazioni di vignaioli è stato sintetizzato nell'idea di «terroir». Questo concetto, quasi mistico, include l'interazione tra vitigno, microclima e scelte agronomiche che conferiscono a ogni vino i suoi caratteri distintivi. Storicamente, l'interesse si è concentrato in primo luogo sulla geologia del vigneto e sulle variabili agronomiche e climatiche. Anche le pratiche enologiche e i microrganismi giocano un ruolo importante nella definizione dei caratteri del vino, tuttavia a oggi pochi studi ci consentono di tratteggiare un'immagine esaustiva della popolazione batterica del vigneto.

### ECOSISTEMA BATTERICO IN VIGNETO

In queste pagine riportiamo la sintesi di un'indagine sull'ecosistema batterico del vigneto svolta considerando i mutamenti indotti da variabili agronomiche e ambientali. L'applicazione di tecniche analitiche non culturali ad alta sensibilità è stata in grado di svelare la complessità dell'ecosistema batterico.

È stato utilizzato un approccio meta-barcoding, basato sullo studio dell'intero DNA procariotico (ovvero dei batteri) isolabile dai campioni vegetali, accoppiato alle tecniche microbiologiche classiche. Sono stati presi in considerazione campioni di corteccia, foglie e grappoli e alcune variabili agroambientali quali il sistema di allevamento, lo stadio del ciclo vegetativo, l'altitudine del vigneto e la presenza residua di rame, considerando che i vigneti coinvolti nell'indagine sono biologici. L'attenzione dei ricercatori si è concentrata sulla comunità batterica perché il ruolo dei lieviti nell'ecosistema del vino è già stato esplorato da precedenti ricerche. I vigneti della provincia di Trento sono un buon caso di studio per monitorare l'evoluzione dell'ecosistema batterico perché le viti sono coltivate ad altitudini diverse e la composizione del suolo non è omogenea, infine, diverse forme di allevamento coesistono all'interno dei vigneti.

### CORTECCIA, FOGLIE E GRAPPOLI

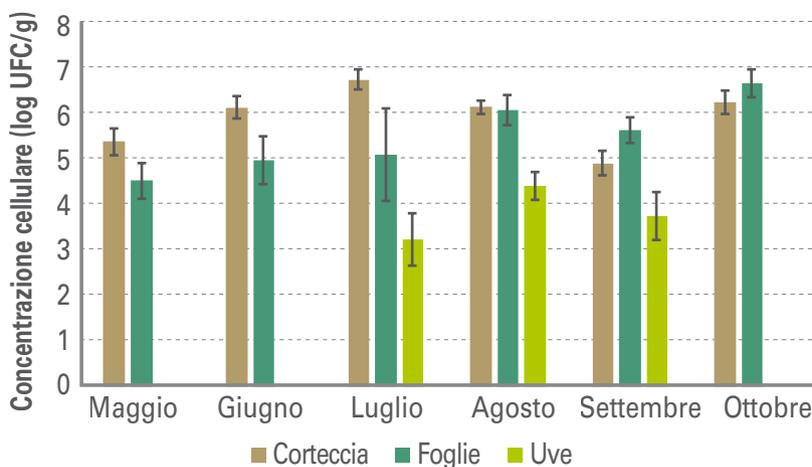
Dall'analisi dei dati raccolti emerge che corteccia e tessuti fogliari sono caratterizzati da una biodiversità microbica maggiore rispetto al grappolo.

La conta su piastra Petri, fatta su campioni di corteccia, ha mostrato una variazione significativa della carica microbica in relazione allo stadio del ciclo vegetativo, mentre la posizione del vigneto e il sistema di allevamento non sono statisticamente correlabili con la carica batterica. Sulle foglie e sugli acini, tessuti decidui, sono state riscontrate variazioni significative della carica microbica anche in funzione della posizione del vigneto, probabilmente perché l'altitudine influenza il grado di maturità e la disponibilità di substrati per la crescita batterica (grafico 1). In tutti i campioni di foglie e acini la modesta presenza di batteri enologici (lattici e acetici) è in accordo con precedenti studi che riconoscono questi microrganismi come poco adatti a vivere al di fuori della cantina.

## L'IMPATTO DEL RAME SULLA CARICA MICROBICA

Vi sono molte speculazioni circa l'impatto dei trattamenti fitosanitari sulla microflora di interesse enologico, ma pochi riscontri oggettivi, sia per le difficoltà di svolgere questo tipo di determinazioni, sia perché la microflora ambientale può variare molto rapidamente, dopo un trattamento fitosanitario, vanificandone di fatto l'effetto. Il rame è il principale agente per il contrasto a *Plasmopara viticola*, la sua efficacia contro il parassita è notevole, ma è nota la tossicità aspecifica verso tutte le forme microbiche. Dai dati raccolti emerge che i residui di rame non paiono avere una correlazione statisticamente significativa con la carica batterica presente su bacche e foglie. Tuttavia, nei campioni vegetali provenienti da viti coltivate a pergola trentina sono state ri-

### G.1 ANDAMENTO DELLA POPOLAZIONE BATTERICA SU CAMPIONI DI CORTECCIA, FOGLIE E GRAPPOLI IN VIGNETI TARENTINI DURANTE IL CICLO VEGETATIVO NEL 2019



UFC = unità formanti colonie; test statistico one-way Anova con Tukey HSD test.

CORTECCIA E TESSUTI FOGLIARI SONO CARATTERIZZATI DA UNA BIODIVERSITÀ MICROBICA MAGGIORE RISPETTO AL GRAPPOLO. LA CONTA SU PIASTRA PETRI, FATTA SU CAMPIONI DI CORTECCIA, HA MOSTRATO UNA VARIAZIONE SIGNIFICATIVA DELLA CARICA MICROBICA IN RELAZIONE ALLO STADIO DEL CICLO VEGETATIVO, MENTRE LA POSIZIONE DEL VIGNETO E IL SISTEMA DI ALLEVAMENTO NON SONO STATISTICAMENTE CORRELABILI CON LA CARICA BATTERICA. SULLE FOGLIE E SUGLI ACINI, TESSUTI DECIDUI, SONO STATE RISCOSTRATE VARIAZIONI SIGNIFICATIVE DELLA CARICA MICROBICA ANCHE IN FUNZIONE DELLA POSIZIONE DEL VIGNETO, PROBABILMENTE PERCHÉ L'ALTITUDINE INFLUENZA IL GRADO DI MATURITÀ E LA DISPONIBILITÀ DI SUBSTRATI PER LA CRESCITA BATTERICA

levate quantità di rame significativamente inferiori rispetto ai campioni provenienti da vigneti a Guyot e una più elevata carica batterica. Le analisi svolte su campioni raccolti in ottobre, mostrano una carica microbica molto alta, anche questo dato potrebbe essere correlabile alla protratta assenza di trattamenti rameici e dunque a bassi residui sulle viti di questo metallo. Sui grappoli analizzati il livello di rame è sempre stato inferiore a 20 mg/kg, rispettando il limite europeo di 50 mg/kg (Reg. CE n. 149/2008). Concentrazioni così modeste sono comunque

state in grado di influenzare negativamente lo sviluppo di batteri lattici e acetici, come per altro già osservato da altri autori in passato.

## FORMA DI ALLEVAMENTO E ALTITUDINE

L'analisi dei dati derivanti dallo studio del genoma batterico non ha mostrato correlazioni significative tra biodiversità microbica e sistema di allevamento, posizione geografica o stadio del ciclo vegetativo. In altre parole, a livello qualitativo ovvero riguardo alle specie microbiche presenti, la microflora dei vi-



gneti appare stabile e omogenea. Questa evidenza, seppur deludente per chi cerca tratti distintivi dei differenti terroir, appare ragionevole se si considera il carattere perenne della coltura della vite, capace di imprimere profonde modificazioni all'ambiente nel quale si situa. Se vi sono alcune popolazioni batteriche con un ruolo chiave per la qualità del vino, le variabili considerate non appaiono decisive nell'influenzarne la presenza. I campioni di corteccia e di foglie raccolti a ottobre hanno mostrato una ricchezza di specie batteriche significativamente maggiore rispetto a quanto riscontrato nei mesi precedenti (da maggio a settembre). Nuovamente, ciò potrebbe essere dovuto all'assenza prolungata di trattamenti con rame, confermando le speculazioni avanzate circa il ruolo del rame, in antitesi alla popolazione batterica.

## **RUOLO DEI BATTERI**

È interessante osservare la distribuzione, all'interno della popolazione microbica, dei diversi gruppi batterici e capirne il ruolo. I batteri minori, in termini di % sulla popolazione dei campioni di corteccia (*tabella 1*) sono stati precedentemente individuati nelle radici e nei terreni dei vigneti, anche trentini. Questo rivela una stretta somiglianza tra la porzione epigea della pianta e il suolo, rafforzando l'interesse per lo studio della microbiologia dell'intera *Vitis vinifera*, e non solo dei grappoli, tanto più che per la maggior parte di questi gruppi microbici non vi sono informazioni circa il ruolo enologico. I gruppi microbici maggiormente rappresentativi sono *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* e *Proteobacteria* (*tabella 1*). Gli actinobatteri sono già conosciuti come uno dei phyla dominanti nei terreni

vitati, in particolare le *Nocardio-  
idaceae*.

Anche il phylum dei *Bacteroidetes* è stato già isolato in vigneti e campioni di corteccia, nuovamente se ne ignora il possibile ruolo enologico. Tutti i principali gruppi batterici appartenenti ai *Firmicutes* identificati in questo lavoro sono stati già descritti nei vigneti, ma per la prima volta isolati in Trentino. Tra questi microrganismi vi sono specie con un ruolo enologico, ad esempio i batteri lattici. Nel raggruppamento dei proteobatteri vi sono microrganismi alterativi per le uve e per i vini, come le *Acetobacteraceae*. Curiosamente questi sono stati trovati solo in campioni di corteccia, mai in foglie e bacche, confermando i risultati delle analisi su piastra Petri. Oltre al ruolo enologico dei batteri acetici alcuni microrganismi appartenenti a questo gruppo, ad esempio le *Sphingomonadaceae*, possono influenzare la salute e la produttività delle viti; il genere delle *Metylobacteriaceae* spp. può stimolare lo sviluppo delle piante attraverso la produzione di fitormoni. Le *Sphingomonadaceae* e le *Metylobacteriaceae* spp. possono sopravvivere al processo di fermentazione, eppure il loro impatto sulle proprietà organolettiche del vino a oggi rimane sconosciuto.

Queste osservazioni suggeriscono che il suolo e la corteccia possano essere un serbatoio di biodiversità batterica durante il periodo invernale, pronti a colonizzare la parte decidua delle viti, le foglie e gli acini. Non si deve trascurare il fatto che popolazioni microbiche anche molto ridotte in termini quantitativi, possono poi moltiplicarsi rapidamente se le condizioni ambientali diventano ottimali e

**T.1** **COMPOSIZIONE % DELLA POPOLAZIONE BATTERICA SU CAMPIONI VEGETALI PROVENIENTI DA VIGNETI TARENTINI**

Batteri	Maggio	Giugno	Luglio	Agosto	Settembre	Ottobre	Media stagionale
<i>Acidobacteria</i>	1,09	1,09	1,16	1,31	1,29	1,55	<b>1,25</b>
<i>Propionibacterium</i>	0,02	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	<b>0,01</b>
<i>Bifidobacterium</i>	0,03	0,04	0,02	0,02	0,02	0,04	<b>0,03</b>
Altri <i>Actinomycetales</i>	0,53	0,63	1,32	1,61	1,27	3,23	<b>1,43</b>
<i>Coriobacteria</i>	0,14	0,12	0,15	0,11	0,11	0,12	<b>0,12</b>
<i>Thermoleophilia</i>	0,03	0,04	0,08	0,11	0,08	0,20	<b>0,09</b>
<i>Armatimonadates</i>	0,04	0,07	0,13	0,14	0,11	0,23	<b>0,12</b>
<i>Prevotella</i>	0,05	0,06	0,06	0,04	0,06	0,09	<b>0,06</b>
<i>Bacteroidales</i>	34,23	32,14	31,16	27,27	28,59	29,82	<b>30,54</b>
<i>Cytophagales</i>	0,48	0,46	0,72	0,71	0,45	1,21	<b>0,67</b>
<i>Flavobacteriales</i>	0,01	0,03	0,02	0,02	0,04	0,02	<b>0,02</b>
<i>Sphingobacteriales</i>	0,05	0,03	0,05	0,09	0,07	0,18	<b>0,08</b>
<i>Chitinophagaceae</i>	0,11	0,12	0,30	0,32	0,28	0,47	<b>0,27</b>
<i>Chloroflexi</i>	0,02	0,02	0,05	0,05	0,04	0,08	<b>0,04</b>
<i>Mucispirillum</i>	1,66	1,43	1,40	1,10	1,38	1,61	<b>1,43</b>
<i>Bacillus</i>	0,00	0,00	0,26	0,00	0,00	0,00	<b>0,04</b>
<i>Staphylococcus</i>	0,07	0,08	0,09	0,06	0,08	0,09	<b>0,08</b>
Altri <i>Bacillales</i>	0,09	0,20	0,24	0,12	0,12	0,09	<b>0,14</b>
<i>Enterococcus</i>	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	<b>0,01</b>
<i>Lactobacillus</i>	0,28	0,37	0,31	0,25	0,25	0,31	<b>0,29</b>
Altri batteri lattici	0,01	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	<b>0,01</b>
<i>Lactococcus</i>	0,05	0,04	0,04	0,05	0,04	0,04	<b>0,04</b>
<i>Streptococcus</i>	0,01	0,01	0,02	0,02	0,01	0,02	<b>0,01</b>
Altri <i>Lacobacillales</i>	2,10	3,55	2,67	2,15	2,41	2,38	<b>2,54</b>
<i>Lachnospiraceae</i>	10,20	10,59	9,57	7,97	8,93	8,23	<b>9,25</b>
<i>Oscillospira</i>	12,41	12,13	10,72	9,02	9,94	9,01	<b>10,54</b>
Altri <i>Ruminococcaceae</i>	5,71	5,52	4,73	4,19	4,60	4,68	<b>4,91</b>
<i>Clostridiales</i>	23,00	23,16	21,92	18,23	20,28	19,22	<b>20,97</b>
<i>Erysipelotrichales</i>	0,88	0,98	0,90	0,71	0,79	0,78	<b>0,84</b>
<i>Gemmatimonadates</i>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	<b>0,01</b>
<i>Planctomycetes</i>	0,11	0,15	0,28	0,30	0,25	0,49	<b>0,27</b>
<i>Alphaproteobacteria</i>	1,59	2,11	3,84	5,52	2,58	5,86	<b>3,58</b>
<i>Betaproteobacteria</i>	0,14	0,12	0,19	0,25	0,21	0,57	<b>0,25</b>
<i>Desulfovibrionaceae</i>	4,05	4,14	3,66	3,11	3,33	3,51	<b>3,63</b>
<i>Deltaproteobacteria</i>	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,03	<b>0,02</b>
<i>Enterobacteriaceae</i>	0,07	0,07	0,24	0,19	1,63	0,03	<b>0,37</b>
<i>Pseudomonas</i>	0,26	0,29	0,47	0,52	0,39	0,07	<b>0,33</b>
Altri <i>Gamaproteobacteria</i>	0,28	0,33	0,48	0,35	1,83	0,31	<b>0,60</b>

Evoluzione durante la stagione vegetativa, si riportano solo i gruppi microbici con un'incidenza % superiore allo 0,01 %.

I GRUPPI MICROBICI MAGGIORMENTE RAPPRESENTATIVI SONO *ACTINOBACTERIA*, *BACTEROIDETES*, *FIRMICUTES* E *PROTEOBACTERIA*. GLI ACTINOBATTERI SONO GIÀ CONOSCIUTI COME UNO DEI PHyla DOMINANTI NEI TERRENI VITATI; NEL RAGGRUPPAMENTO DEI PROTEOBATTERI VI SONO MICRORGANISMI ALTERATIVI PER LE UVE E PER I VINI, COME LE *ACETOBACTERACEAE*



la disponibilità di substrati aumenta, come all'atto della pigiatura. È interessante notare che *Actinomyetales* e *Acetobacteraceae* non sono mai stati trovati sugli acini e sulle foglie dell'uva, anche se presenti sui tessuti della corteccia, in accordo con i conteggi in piastra. Ciò potrebbe significare che solo alcune popolazioni batteriche riescono a fare «il salto» dalle parti perenni alle porzioni decidue della vite, riducendo il collegamento tra frutto e

terroir d'origine. In altre parole la popolazione microbica degli acini è più simile a quella delle foglie che a quella della corteccia, porzione perenne della pianta, che mantiene una memoria dei caratteri del vigneto.

**Raffaele Guzzon**

Centro trasferimento tecnologico, Fondazione E. Mach  
San Michele all'Adige (Trento)



[www.viteevino.it](http://www.viteevino.it)



Edizioni L'Informatore Agrario

Tutti i diritti riservati, a norma della Legge sul Diritto d'Autore e le sue successive modificazioni. Ogni utilizzo di quest'opera per usi diversi da quello personale e privato è tassativamente vietato. Edizioni L'Informatore Agrario S.r.l. non potrà comunque essere ritenuta responsabile per eventuali malfunzionamenti e/o danni di qualsiasi natura connessi all'uso dell'opera.