

## ANALISI



## Il microbioma del suolo: il terroir che valorizza e tutela il Vino Nobile di Montepulciano DOP

*Uno studio dell'Università di Bologna evidenzia come i microrganismi presenti nei terreni viticoli rappresentino un attore cruciale nella produzione vitivinicola*

Il legame tra il vino e il suo territorio di origine è da sempre considerato un elemento essenziale per determinarne le caratteristiche distintive e per orientare le scelte dei consumatori. Questo rapporto unico è definito dal concetto di terroir, che comprende fattori ambientali, climatici e pratiche agricole tradizionali, capaci di conferire al vino qualità regionali uniche. Oggi, il terroir è riconosciuto a livello globale ed è regolamentato da Denominazioni di Origine, come le denominazioni DOC e DOCG in Italia, che certificano e valorizzano questa unicità. Recentemente, la componente microbica del terroir (cioè il microbioma del suolo del vigneto) è stata proposta come elemento ulteriore di caratterizzazione del territorio di produzione, tuttavia sono pochi gli studi che approfondiscono l'argomento.

In questo contesto, il Vino Nobile di Montepulciano, eccellenza della Toscana conosciuta in tutto il mondo, si distingue per le sue qualità organolettiche, che riflettono le peculiarità del territorio. Recentemente, l'area di produzione è stata suddivisa in 12 Unità Geografiche Aggiuntive (UGA), le "Pievi", ognuna caratterizzata da specifiche condizioni pedoclimatiche e da una chimica del suolo unica (Figura 1).

Nello studio da poco pubblicato sulla rivista del circuito Nature – Communications Biology – i ricercatori hanno analizzato i microbiomi del suolo e della rizosfera, ossia le comunità microbiche che vivono nell'ambiente attorno alle radici delle piante, nei vigneti delle 12 UGA del territorio di produzione del Vino Nobile di Montepulciano. L'obiettivo è stato indagare il contributo specifico di questi microbiomi alla biodiversità locale e alle caratteristiche distintive dei vini. Lo studio si propone un duplice traguardo: da un lato, una caratterizzazio-



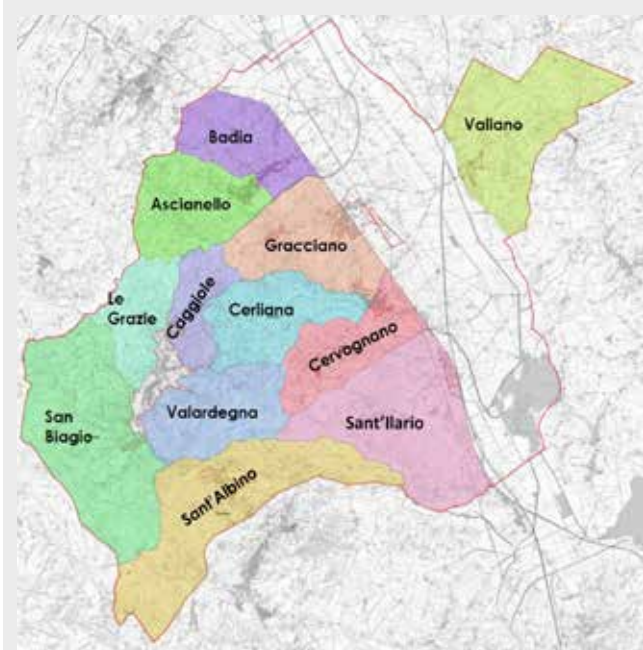
### Simone Rampelli

è ricercatore in Tenure-Track in Chimica e Biotecnologie delle Fermentazioni presso il Dipartimento di Farmacia e Biotecnologie dell'Università di Bologna. La sua attività di ricerca ha come scopo la caratterizzazione di comunità microbiche complesse con approcci di Next-Generation Sequencing, con una particolare attenzione alla valorizzazione e tutela dei microbiomi naturali in un'ottica di economia circolare e sostenibilità ambientale.



ALMA MATER STUDIORUM  
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

**Figura 1.** Mappa della zona di produzione del Vino Nobile di Montepulciano DOCG con la recente suddivisione in dodici Unità Geografiche Aggiuntive (UGA)



ne approfondita del terroir microbico, dall'altro, la promozione di pratiche agricole volte a tutelare la biodiversità microbica, considerata un elemento chiave per salvaguardare l'eccellenza del settore vinicolo italiano.

### Metodologia

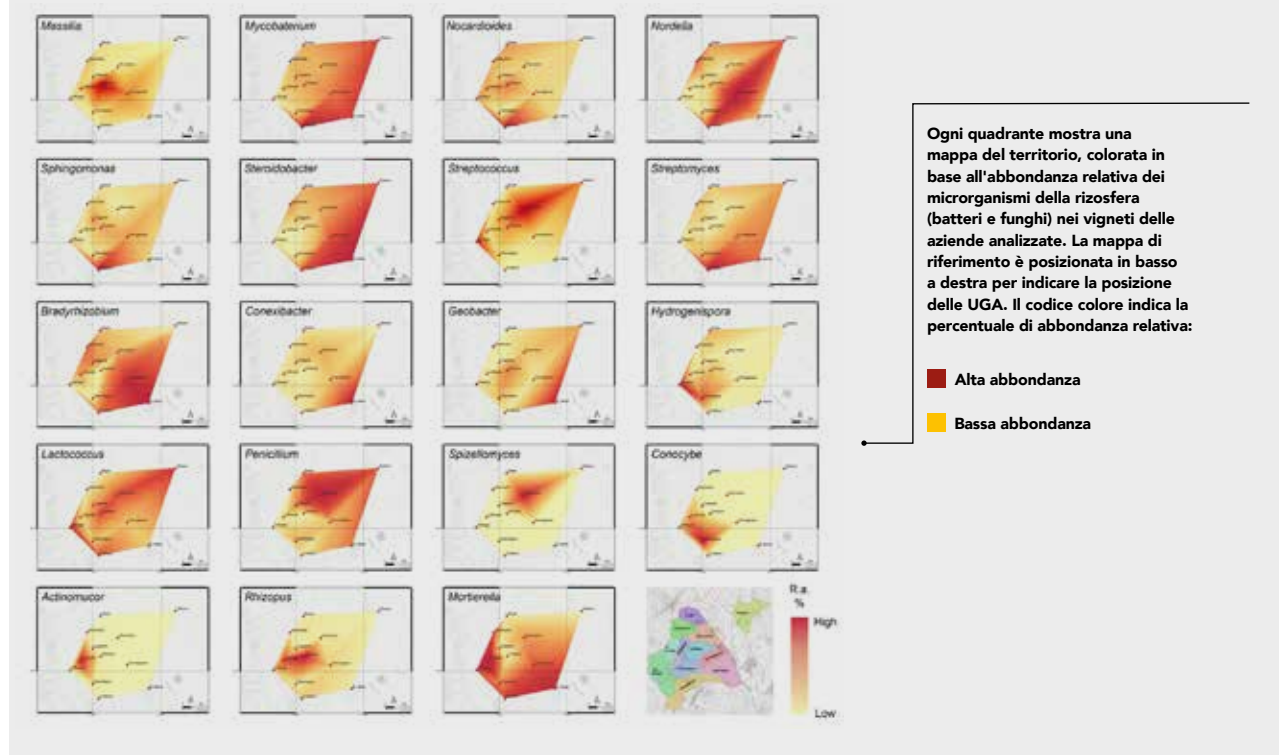
Durante la stagione vitivinicola del 2022, sono stati raccolti 392 campioni di radichette e terreno provenienti da 14 aziende distribuite nelle 12 Unità Geografiche Aggiuntive (UGA). La raccolta è avvenuta in quattro momenti distinti, corrispondenti ai mesi di luglio, agosto, settembre e ottobre. Il microbioma del suolo e della rizosfera è stato analizzato attraverso tecniche avanzate di sequenziamento del DNA. In particolare, è stato utilizzato il sequenziamento del gene 16S rRNA per identificare la tassonomia batterica

e il sequenziamento della regione ITS per caratterizzare i funghi presenti. Inoltre, è stato eseguito il sequenziamento dell'intero genoma (whole genome sequencing) per ricostruire i genomi completi dei microrganismi e analizzarne le funzioni. Particolare attenzione è stata dedicata a quelle attività microbiche che favoriscono la salute della vite, come la solubilizzazione dei minerali, la fissazione dell'azoto, la produzione di fitormoni e di enzimi coinvolti nella risposta agli stress ambientali, come la siccità, a cui la pianta può essere sottoposta.

### Risultati

Lo studio ha evidenziato una chiara differenziazione geografica delle comunità microbiche del suolo e della rizosfera, sia batteriche che fungine, nell'area di Montepulciano, indipendentemente da fattori stagionali o pratiche agronomiche, come la conduzione del vigneto. Cinque generi batterici (*Ilumatobacter*, *Microlunatus*, *Hydrogenispora*, *Gemmata*, *Nocardioides*) e cinque fungini (*Rhizopus*, *Gongronella*, *Lipomyces*, *Penicillium*, *Mortierella*) sono risultati peculiari del terroir di Montepulciano, distinguendolo da altre regioni italiane e internazionali. All'interno del territorio di Montepulciano, diversi generi microbici mostrano distribuzioni differenti, descrivendo un gradiente che va dal sud-est all'ovest: l'UGA di Sant'Ilario e quella di San Biagio rappresentano gli estremi, con le comunità microbiche più differenziate (Figura 2). Questa segregazione è stata ulteriormente confermata attraverso un'analisi metagenomica, che ha evidenziato variazioni nei tratti microbici PGP (Plant Growth-Promoting). In particolare, le UGA a sud-est del territorio mostrano un maggiore potenziale per la solubilizzazione del fosforo, un processo essenziale per rendere disponibile alla vite questo nutriente fondamentale, mentre le UGA occidentali sono caratterizzate da una maggiore produzione di ACC deaminasi, un enzima che aiuta a ridurre lo stress delle piante abbassando i livelli di etilene, un ormone che inibisce la crescita in condizioni difficili, come la siccità estrema. Alcune aree presentano anche un picco nella produzione di siderofori, molecole che chelano il ferro, facilitandone l'assorbimento da parte delle radici, e di acido indol-3-acetico (IAA), un ormone vegetale che stimola la



**Figura 2.** Variazione dell'abbondanza relativa dei microrganismi nelle 12 unità geografiche aggiuntive (UGA)

crescita delle radici e favorisce lo sviluppo della pianta. Infine, l'analisi metabolomica dei vini ha rivelato una correlazione significativa tra la diversità microbica della rizosfera nelle diverse UGA e i metaboliti presenti nel vino finale, con molecole come L-acetilcarnitina, quercetina, L-metionina e adenina che risultano correlate alle specificità microbiche del terroir.

### Conclusioni

Lo studio evidenzia come il microbioma del suolo e della rizosfera giochi un ruolo chiave nella definizione delle peculiarità del terroir viticolo dell'area del Vino Nobile di Montepulciano. La chiara differenziazione geografica osservata, sia a livello globale che locale, suggerisce che le comunità microbiche non solo sono uniche rispetto ad altri vigneti italiani e internazionali, ma presentano anche specificità rilevanti tra le diverse UGA. Un aspetto di particolare interesse riguarda il gradiente geografico identificato tra le UGA sud-orientali e quelle occidentali. La maggiore capacità di solubilizzazione del fosforo nelle UGA sud-orientali non solo evidenzia una risposta microbica a suoli localmente poveri di questo nutriente, ma suggerisce una sinergia funzionale tra il microbioma e le esigenze delle piante, migliorando l'approvvigionamento di fosforo, cruciale per la crescita della vite. Al contrario, la predominanza della produzione di ACC deaminasi nelle UGA occidentali può essere interpretata come un meccanismo adattativo volto a mitigare lo stress ambientale, come la siccità, una condizione sempre più

frequente nei vigneti contemporanei. Queste osservazioni rafforzano l'idea che il microbioma non sia statico, ma piuttosto risponda dinamicamente alle caratteristiche pedologiche e climatiche locali, creando un legame profondo tra suolo, pianta e ambiente.

L'analisi metabolomica dei vini rappresenta un punto cruciale per comprendere le implicazioni del microbioma sul prodotto finale. La correlazione tra i profili microbici della rizosfera e metaboliti chiave del vino, come L-acetilcarnitina, L-metionina e quercetina, suggerisce che il microbioma possa influenzare indirettamente le caratteristiche organolettiche del vino. In particolare, questi metaboliti non solo differenziano le qualità sensoriali, ma potrebbero rappresentare marcatori biologici delle diverse UGA, contribuendo alla diversificazione del prodotto finale.

In conclusione, questo studio suggerisce che il terroir microbico potrebbe rappresentare una componente trascurata ma cruciale del terroir tradizionale, con potenziali implicazioni sulla qualità e la diversità del vino. Questa conoscenza potrebbe essere sfruttata per preservare e valorizzare la diversità locale della produzione vinicola italiana, fornendo ulteriori incentivi economici per pratiche agricole ed enologiche che preservano il terroir microbico regionale e la biodiversità. Inoltre, la comprensione delle peculiarità funzionali del terroir microbico potrebbe aprire la strada a nuove strategie per migliorare la resilienza e la qualità del vino in un contesto di cambiamento globale sfruttando i microbiomi naturali del vigneto.

## RIFERIMENTI RICERCA

### Titolo

Zonation of the *Vitis vinifera* microbiome in Vino Nobile di Montepulciano PDO production area.

### Autore

G Palladino, E. Nanetti, D. Scicchitano, N. Cinti, L. Foresto, A. Cozzi, A. Gonzalez Vara Rodriguez, N. Interino, J. Fiori, S. Turrone, M. Candela, S. Rampelli

### Fonte

Communications Biology 7, 1626 (2024).  
<https://www.nature.com/articles/s42003-024-07261-8>



### Abstract

La dimensione microbica del terroir è fondamentale per la qualità del vino, poiché i microbiomi contribuiscono alla biofertilizzazione delle piante, alla tolleranza allo stress e alla soppressione dei patogeni. Mentre il terroir microbico può fungere da firma biologica su larga scala, mancano dati per i contesti locali, il che ostacola la caratterizzazione della diversità microbica regionale nei vigneti. Qui, definiamo il terroir microbico dei vigneti nelle 12 sottoaree (Unità Geografiche Aggiuntive - UGA) dell'area DOP "Consorzio del Vino Nobile di Montepulciano DOCG" (Italia), una regione vinicola di fama mondiale. Rizosfere di *Vitis vinifera* cultivar Sangiovese e campioni di terreno sono stati raccolti durante la stagione viticola 2022 e analizzati attraverso un approccio metagenomico integrato metabarcoding/shotgun, prendendo di mira batteri e funghi. È stata anche eseguita la metabolomica del vino, proiettando le variazioni compositive e funzionali del terroir microbico a livello di UGA in una corrispondente variazione nel profilo metabolico del prodotto. I nostri risultati rivelano una configurazione tassonomica unica del terroir del Vino Nobile di Montepulciano rispetto ad altri vigneti, con microbiomi "UGA-specifici" nell'abbondanza tassonomica e nelle funzioni di promozione della crescita delle piante, confermando la potenziale rilevanza della caratterizzazione e della conservazione del terroir microbico per salvaguardare vini tradizionali di alta qualità.

### Bibliografia essenziale

1. Belda I, Zorraonaindia I, Perisin M, Palacios A, Acedo A. From Vineyard Soil to Wine Fermentation: Microbiome Approximations to Explain the "terroir" Concept. *Front Microbiol.* 2017 May 8;8:821. doi: 10.3389/fmicb.2017.00821.
2. Gobbi A, Acedo A, Imam N, Santini RG, Ortiz-Álvarez R, Ellegaard-Jensen L, Belda I, Hansen LH. A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs. *Commun Biol.* 2022 Mar 18;5(1):241. doi: 10.1038/s42003-022-03202-5.
3. Marasco R, Rolli E, Fusi M, Michoud G, Daffonchio D. Grapevine rootstocks shape underground bacterial microbiome and networking but not potential functionality. *Microbiome.* 2018 Jan 3;6(1):3. doi: 10.1186/s40168-017-0391-2.
4. Nanetti E, Palladino G, Scicchitano D, Trapella G, Cinti N, Fabbrini M, Cozzi A, Accetta G, Tassini C, Iannaccone L, Candela M, Rampelli S. Composition and biodiversity of soil and root-associated microbiome in *Vitis vinifera* cultivar Lambrusco distinguish the microbial terroir of the Lambrusco DOC protected designation of origin area on a local scale. *Front Microbiol.* 2023 Feb 22;14:1108036. doi: 10.3389/fmicb.2023.1108036.
5. Sessitsch A, Wakelin S, Schlöter M, Maguin E, Cernava T, Champomier-Verges MC, Charles TC, Cotter PD, Ferrocino I, Kriaa A, Lebre P, Cowan D, Lange L, Kiran S, Markiewicz L, Meisner A, Olivares M, Sarand I, Schelkle B, Selvin J, Smidt H, van Overbeek L, Berg G, Cocolin L, Sanz Y, Fernandes WL Jr, Liu SJ, Ryan M, Singh B, Kostic T. Microbiome Interconnectedness throughout Environments with Major Consequences for Healthy People and a Healthy Planet. *Microbiol Mol Biol Rev.* 2023 Sep 26;87(3):e0021222. doi: 10.1128/mmb.00212-22.