



Il farro

una cultura
di nicchia

La Basilicata rilancia l'antico cereale

Premessa

Il progetto POM-B13 dal titolo: “*Il farro, una coltura da recuperare per una agricoltura sostenibile: valorizzazione varietale e dei prodotti trasformati per l'alimentazione umana*”, ha permesso l'identificazione genetica, la produzione di sementi per le aziende agricole oltre che la valorizzazione di nuove varietà coltivate di farro dicocco (*Triticum dicoccon* Schrank).

Il progetto, utile per valutare e riproporre un cereale di nicchia, ha originato un risultato non secondario che ha permesso di chiarire la storia biologica di *T. dicoccon* in relazione alla storia dell'uomo.

Sebbene un tempo molto diffuso nei campi coltivati, il farro dicocco è un cereale poco conosciuto e nella storia dell'agricoltura più recente è stato pressochè dimenticato e, pertanto, poco investigato sotto il profilo genetico e biologico (Padulosi et al. 1995). Infatti in alcune regioni dell'Italia del nord questo cereale è spesso confuso con il farro spelta (molto simile al frumento tenero), coltivato prevalentemente in Svizzera e Germania.

Il suddetto progetto, finanziato dalla Unione Europea tramite l'INEA, che ha visto, per due anni, impegnate diverse Unità Operative (di ricerca, di produzione e di divulgazione) appartenenti alle tre Regioni del Sud Italia (Basilicata, Puglia e Molise); ha, in parte, ridato dignità a questa specie valorizzandola sotto il profilo produttivo e scientifico. In Basilicata, inoltre, l'Associazione Produttori Cerealicoli Lucani (APROCEL) si è interessata a questo cereale ed attualmente investe circa

600 ettari con il farro dicocco destinato alla produzione di granella di alta qualità.

Come accennato, la valutazione genetica di una popolazione di farro dicocco, composta da genotipi di diversa origine e provenienza geografica, ha permesso di delineare un pezzo di storia dell'uomo. Ma, per entrare nel merito di questo specifico argomento, è necessaria una breve premessa che illustra i caratteri salienti di questo frumento.

Il farro dicocco

Il farro dicocco (*Triticum dicoccon* Schrank) è un frumento dalla cariosside vestita (foto 1 e 2). Questa è la caratteristica più importante che distingue questo grano antico dal frumento duro, con cui condivide un patrimonio genetico molto simile (gli stessi tipi di cromosomi e gli stessi geni)². L'areale di distribuzione di *T. dicoccon* si irradia dal centro primario di differenziazione (attuali Iraq, Iran, Afganistan, Anatolia, Giordania, Siria ed Israele) fino alle regioni più periferiche (India, Russia meridionale, Etiopia, Nord Africa, Portogallo, Spagna, Italia e Turchia). Come è avvenuto per le popolazioni di molte altre specie addomesticate dall'uomo, allo stesso modo la migrazione di questo frumento è correlata con gli spostamenti delle popolazioni umane a partire dal periodo neolitico³, epoca in cui è iniziata, forse inconsapevolmente, la selezione artificiale di piante ed animali.

Per quanto riguarda la penisola italiana, l'introduzione di questo cereale



Foto 1. Spiga delle varietà di farro dicocco “Lucania” (a sinistra) e “dicocco Molise” (a destra) valorizzazione nell'ambito del Progetto POM B



Foto 2. Granella vestita di farro dicocco

è continuata in concomitanza alle migrazioni e all'insediamento dei popoli indoeuropei a partire dal secondo millennio a.C., a cui sono succedute quelle dei popoli greci e fenici (primo millennio a.C.). A questo lungo periodo è seguita prima l'espansione romana (dal 290 a.C.) e, poi, in tempi più recenti, quella araba (700-1200 d.C.).

Quindi, considerando la storia dell'uomo occidentale, il farro dicocco è un frumento antico. Fu coltivato diffusamente durante l'impero romano

cora presente in alcuni distretti circostanti il massiccio del monte Li Foy. Nel resto del paese, invece, continua il suo processo evolutivo, iniziato più di 10.000 anni fa, grazie al rilancio, come cereale di nicchia, questo è stato possibile grazie alle sue intrinseche qualità alimentari e dietetiche.

Infatti, attualmente, è coltivato in moderne aziende biologiche le cui produzioni sono destinate prevalentemente alla costituzione di alimenti innovativi (foto 3) orientati al-

ci e nutrizionali che, mediamente, sono paragonabili a quelli di prodotti affini. È per questo motivo che in questo articolo vorremmo cercare, esemplificando teorie e metodologie, di chiarire come la risorsa genetica "farro dicocco" si è evoluta e differenziata nei diversi distretti geografici e quali sono state le possibili modalità di trasmissione dei semi all'attuale agricoltura.

La genetica molecolare è uno strumento di analisi e di interpretazione molto valido allo scopo di questo lavoro.

L'indagine genetica

La genetica, e più in particolare la genetica di popolazione⁴, è la scienza che permette di chiarire le relazioni genetiche tra i diversi gruppi di individui e, con buona approssimazione, permette di studiare la cronologia secondo cui è avvenuta la differenziazione tra individui di differente origine geografica. Le relazioni genetiche tra i differenti gruppi possono essere visualizzate graficamente con degli alberi che rappresentano la filogenesi della specie (figura 1). La filogenesi è il risultato della storia biologica di una specie e quindi dei processi di migrazione e diffusione in nuove aree geografiche così come dei processi di perdita di diversità genetica e quindi di estinzione. Nel caso del farro dicocco rimane controversa la filogenesi intraspecifica ed, in particolare, le modalità di trasmissione delle attuali popolazioni a partire dai ceppi progenitori. Come accennato, dal punto di vista delle relazioni genealogiche, il farro dicocco è il genitore del frumento duro.

Tra i frumenti adattati al clima mediterraneo, il farro dicocco è stato il primo grano, insieme al farro monococco, ad essere stato introdotto in Italia con le immigrazioni neolitiche.

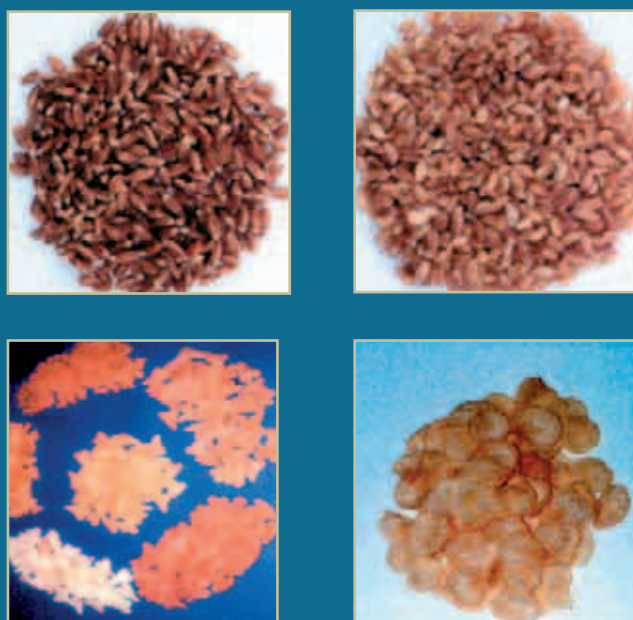


Foto 3. Prodotti innovativi ricavati dalla granella di farro dicocco: in alto "granella parboiled decorticata" (a sinistra) e "granella parboiled decorticata e brillata". In basso "snack" (a sinistra) e "fiocchi" di farro.

fino ad arrivare al secolo appena trascorso in cui è stato quasi completamente sostituito dalle varietà di frumento duro e da altre varietà selezionate di cereali. Poche nicchie di coltivazione sono state trasmesse fino agli anni '80 in ambienti marginali dell'appennino italiano. Per quanto riguarda la Basilicata, è an-

la proposizione di piatti pregiati nel segno della tradizione o utilizzati nelle diete salutistiche.

Il significato nutrizionale del farro dicocco è fortemente amplificato dal suo valore storico e, così come avviene in tutte le società colte, il cibo che ne deriva veicola valori che superano l'importanza dei parametri dieteti-

Generalmente si assume che il germoplasma di farro dicocco, a noi tramandato dagli agricoltori tradizionali, potrebbe essere disceso dalle popolazioni introdotte nel periodo neolitico. Ciò nonostante altre popolazioni di sementi potrebbero essere state introdotte in epoche storiche successive. È quindi logico considerare che le popolazioni originarie abbiano potuto seguire due destini: a) aver subito un processo di erosione genetica o di estinzione poiché non più coltivate dall'uomo, oppure b) aver subito un processo di miscelazione con quelle di più recente introduzione. Se fosse vera la seconda ipotesi, il germoplasma a noi trasmesso dovrebbe essere una miscela di materiali introdotti in Italia in fasi storiche diverse.

Utilizzando le tecnologie che permettono di visualizzare le mutazioni genetiche⁵ (foto 4) e valutando la frequenza di ciascuna mutazione entro ciascuna sottopopolazione, la genetica di popolazione è in grado di chiarire il tipo e le modalità di evoluzione di una specie. In base alla teoria dell'evoluzione biologica una popolazione iniziale può dividersi in frazioni più piccole, dette sottopopolazioni, che occupano aree geografiche diverse in cui ciascuna sottopopolazione evolve indipendente dall'altra. L'attuale differenziazione tra le sottopopolazioni è tanto maggiore quanto maggiore è il tempo intercorso dal momento della loro separazione fino ad oggi. In altre parole, due sottopopolazioni, geneticamente molto simili, si saranno separate molto più recentemente di due sottopopolazioni geneticamente molto dissimili.

Ne consegue che le distanze genetiche tra gruppi (sottopopolazioni) di differente origine geografica sono correlate in modo lineare con il periodo storico in cui le sottopopolazioni si sono separate⁶.

Nel caso del farro dicocco la popo-

lazione iniziale è rappresentata da genotipi provenienti dalle regioni del medio oriente (centro di origine), mentre le sottopopolazioni sono quelle ancora reperibili nelle diverse regioni geografiche, una delle quali è la penisola italiana. Per le specie addomesticate dall'uomo è possibile associare informazioni storiche utili per validare e potenziare le informazioni genetiche. Quindi, seguendo una procedura, per la prima volta concettualizzata da Darwin (1859), è possibile collegare la diversità genetica della specie, a livello spaziale, con il tempo e cioè con la storia. Se l'indagine genetica viene integrata con le informazioni storiche, nel caso di specie domesticate, non solo si ottiene un arricchimento delle conoscenze ma anche una validazione dei risultati dell'indagine genetica.

Risultati di uno studio

Nello studio condotto presso il laboratorio di genetica molecolare della Facoltà di Agraria dell'Università degli Studi della Basilicata è stato evidenziato quanto segue:

- a) l'attuale farro dicocco dei siti appenninici appartiene alle popolazioni introdotte quasi sicuramente dalle migrazioni indoeuropee.
- b) Gli antichi Romani hanno ereditato questo germoplasma di farro.
- c) Durante la fase di indoeuropeizzazione della penisola italiana, in un'altra parte del mondo, cioè in Etiopia, veniva trasferito un germoplasma simile a quello introdotto in Italia.
- d) Nel centro di origine coesistono genotipi diversi quale conseguenza della sovrapposizione di popolazioni immigranti e della generazione di nuovi mutanti.

In media, il farro dicocco italiano è geneticamente più distante da quel-

lo di altri paesi (figura 1). Una chiara differenziazione del gruppo italiano ed etiopico da quello iraniano e russo si osserva nella figura 1 in cui sull'asse longitudinale è indicata la distanza genetica mentre il nodo che unisce due o più rami rappresenta il valore di differenziazione tra gruppi. Il germoplasma spagnolo si colloca ad un livello di differenziazione intermedio ed appare più affine al gruppo russo-iraniano che copre parte del centro di origine e domesticazione (mezza luna fertile). In base alla teoria dell'evoluzione genetica, sintetizzata nel paragrafo precedente, e considerando queste relazioni genetiche, si deduce che l'attuale germoplasma etiopico ed italiano appartengono ad un genepool più primitivo, migrato dal centro di origine in entrambe le regioni. Questa migrazione è avvenuta in tempi storici in cui l'agricoltura ed i commerci erano ben sviluppati.

Queste considerazioni sono validate dalla storia degli insediamenti e delle migrazioni umane. È noto che l'Africa dell'Est, in senso stretto, fu interessata dai traffici commerciali delle civiltà semitiche attraverso le direttrici di comunicazione che attraversano la penisola araba sin dal periodo dei Sumeri (3000 a. C.) (figura 2). Questa connessione convalida l'ipotesi che sementi "selezionate" di un cereale principale, quale era il *T. dicoccon* a quei tempi, dalla mezza luna fertile sia stato probabilmente commercializzato e introdotto in Etiopia. La presenza, in Etiopia, di nicchie di popolazioni umane che tutt'ora parlano una lingua semitica conferma il legame storico esistente tra mezza luna fertile ed Etiopia tramite la penisola dell'Arabia Saudita e lo Yemen. Successivamente al periodo neolitico in medio oriente e durante l'età del bronzo, sementi selezionate furono probabilmente introdotte anche in Italia con i primi insediamenti di popolazioni in-

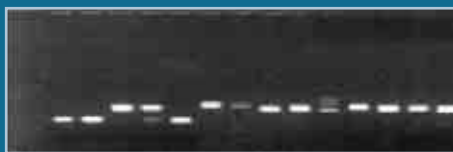


Foto 4

Esempio di visualizzazione di mutazioni del DNA a livello di sequenze chiamate "microsatelliti" in diversi genotipi di farro dicocco. Ciascuna "banda" chiara evidenzia una mutazione nel DNA di ciascun genotipo.

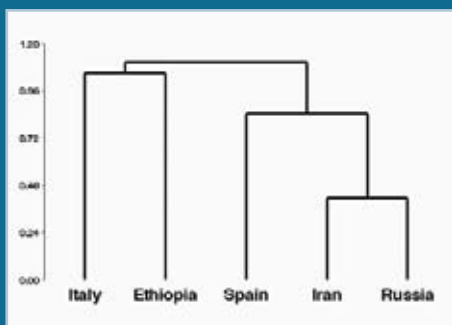


Figura 1

Relazioni genetiche tra popolazioni di farro dicocco di diversa origine geografica (Figliuolo & Perrino, 2004)

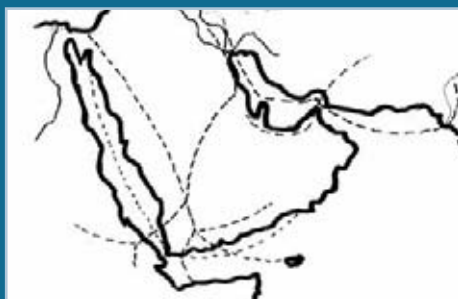


Figura 2

Vie di commercio (---) già presenti nel primo millennio A.C. quando esistevano consolidate relazioni tra valle dell'Indo e Mesopotamia e, tra medio oriente e attuale Etiopia tramite la penisola arabica (modificato, Cavalli Sforza et al. 1994).



Figura 3

Sono rappresentati in grigio i territori investiti dall'espansione delle conquiste arabe fino al 1050 D.C. (modificato, Cavalli Sforza et al. 1994)

doeuropee che occuparono territori collinari e montani della penisola. Il farro dicocco, solo dopo questo lungo periodo plurimillenario, è stato ampiamente coltivato dagli antichi Romani. Questo è avvenuto prima della nascita di Cristo.

Successivamente, l'espansione islamica (figura 3) potrebbe aver svolto un ruolo di rilievo. Nel 1050 d.C. la penisola iberica (Portogallo e Spagna) era quasi totalmente sotto il controllo arabo ed i conquistatori arabi, oltre a diffondere i semi dell'Islam e della scienza, sicuramente distribuirono anche quelli del farro dicocco. A testimonianza di ciò è il livello intermedio di differenziazione genetica del germoplasma spagnolo, riportato in figura 1, che è probabilmente dovuto ad una più recente introduzione ed omogeneizzazione col materiale genetico pre-esistente. Il più basso valore di differenziazione del farro proveniente dal quadrante orientale (centro di origine) può essere dovuto ad un processo di "omogeneizzazione" dell'intero gene pool. Popolazioni vicine, in quel quadrante, possono avere subito più scambi genetici e, una maggiore dimensione della popolazione, avrà favorito un mantenimento delle mutazioni spontanee che si sono verificate di generazione in generazione. È noto, infatti, che una popolazione costituita da una mistura di genotipi si innesta ad un livello gerarchico più basso all'interno di un albero genetico e questo è dovuto ad un aumento di diversità genetica entro-gruppo (Cavalli Sforza et al. 1994).

Una nota conclusiva

Il farro dicocco rappresenta il "pool" genico, cioè la popolazione di base da cui si sono differenziati gli individui progenitori del frumento duro. Pertanto il farro dicocco rappresenta sia una "risorsa" genetica di rife-

rimento per le attuali varietà di frumento duro sia una risorsa genetica "in se" in quanto è un cereale "alternativo" direttamente utilizzabile. Come osservato da vari studi, le numerose accessioni conservate in banche del germoplasma, hanno un'ampia e differenziata distribuzione geografica a testimonianza di un elevato adattamento a condizioni ambientali diversificate e, quindi, questa specie è una possibile fonte di geni di resistenza a stress biotici e a-biotici. Da qui la necessità di salvaguardare questo cereale. Le modalità di conservazione devono essere efficienti, al fine di evitare che geni importanti vengano perduti mediante l'estinzione dei genotipi portatori. È noto che l'estinzione di una specie a riproduzione annuale avviene facilmente mediante il mancato allevamento. Per una specie a riproduzione annuale, in mancanza di strutture che possano assicurare per alcuni anni la germinabilità dei semi mediante disidratazione, concitura e congelamento, la mancata coltivazione è una premessa per una estinzione certa. È pertanto necessario favorire la conservazione della specie mediante il suo utilizzo diretto (riproposizione come varietà coltivate), ma anche e soprattutto adottando programmi di conservazione dinamica *in situ*. Sarebbe un errore pensare che la conservazione *ex situ* in banche dei semi, cioè la conservazione in frigoriferi delle sementi, possa compensare significativamente i processi di erosione genetica. Le camere di conservazione refrigerate nelle banche di germoplasma, nel caso in cui non si integrano con programmi di utilizzo diretto delle risorse genetiche (es. miglioramento genetico e conservazione dinamica *in situ*), rischiano di trasformarsi in vere e proprie camere mortuarie di sementi. Bisogna pertanto incentivare la coltivazione, in ambienti differenziati, delle popolazioni geneti-

camente eterogenee costituite da razze locali ancora esistenti. Occorre inoltre stimolare la sperimentazione orientata alla costituzione di popolazioni sperimentali geneticamente eterogenee per scopi di miglioramento genetico per l'adattamento all'ambiente e la stabilità delle produzioni. I metodi di analisi numerica, offerti dalle teorie di genetica di popolazione, consentono anche la stima della "dimensione minima" delle popolazioni da conservare con metodi dinamici. Inoltre, un utilizzo appropriato dei marcatori che evidenziano le mutazioni del DNA consente una valutazione di generazione in generazione (monitoraggio), della variazione genetica in relazione alle modalità di conservazione e dell'ambiente.

Le norme europee e regionali, le iniziative culturali e promozionali in materia di conservazione di risorse genetiche, pur lodevoli, se non accompagnate da agricoltori che seminano e producono, da ricercatori che esplorano, valutano e selezionano, da consumatori che spendono per produzioni di nicchia ed ambiente, non impediranno la distruzione di "un regalo" che abbiamo ricevuto dagli agricoltori che si sono succeduti negli ultimi 10.000 anni. È nostra la responsabilità di trasmettere questo regalo all'uomo del terzo millennio.

Bibliografia

- Cavalli Sforza L.L., Menozzi P. & P. Piazza (1994). History and geography of human genes. Princeton University Press. Princeton, N.Y.
- Darwin C. (1859). L'origine delle specie per selezione naturale. Newton Compton s.r.l. Eds 2000. Roma.
- Figliuolo G. & P. Perrino (2004). Genetic diversity and intraspecific phylogeny of *Triticum turgidum* L. subsp. *dicoccum* (Schrank) revealed by RFLPs and SSRs. Genetic Resources and Crop Evolution (in stampa).
- Padulosi S., Hammer K. & J. Heller (1995). Hulled Wheats, IPGRI, Roma.



Note

- ¹ Il Dipartimento di Biologia Difesa e Biotecnologie Agro-Forestali dell'Università degli Studi della Basilicata, il Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari, Ambientali e Microbiologiche dell'Università degli Studi del Molise, l'Istituto del Germoplasma del CNR di Bari, il Consorzio APROCEL di Potenza ed i Servizi di Sviluppo Agricolo delle Regioni Molise e Basilicata.
- ² Il corredo cromosomico è pari a $2n=4X=28$ con genomi *AABB*.
- ³ Il periodo neolitico è variabile in funzione dell'areale geografico. La fase neolitica dell'uomo va dall'8000 al 5000 a.C. nei siti medio orientali dove è nata l'agricoltura (mezza luna fertile); dal 6000 al 4000 a.C. nell'area egea; dal 6000 al 4000 a.C. in Egitto e nelle aree balcaniche; nelle aree occidentali del bacino mediterraneo dal 5000 al 3000 a.C., mentre in Europa centrale dal 4500 al 2000 a.C.
- ⁴ La genetica di popolazione studia la variazione genetica entro e tra sottopopolazioni in relazione ai fattori determinanti quali la mutazione, la selezione, la migrazione e il caso.
- ⁵ Le mutazioni (foto 4) sono variazioni nella informazione totale che è contenuta nella sequenza del patrimonio genetico (DNA) di una specie. L'analisi numerica quantitativa delle mutazioni del DNA permette di ricostruire l'evoluzione della specie.
- ⁶ La distanza genetica utilizzata in questo studio è la seguente: $d = -\ln(1 - \mathfrak{N})$ dove il parametro q misura il grado di omogeneità genetica entro popolazione. Questa distanza è correlata linearmente con il tempo in cui è avvenuta la divergenza tra due popolazioni a partire dalla popolazione ancestrale, infatti $d = -\ln(1 - \mathfrak{N}) = -t \ln(1 - 1/2N) \approx t/2N$ dove t è il tempo in cui è avvenuta la separazione ed N la originaria dimensione "effettiva" della popolazione, cioè quella popolazione che conserva tutta la diversità genetica, non quella demografica. Considerando un tempo medio di divergenza che coincide con il periodo della civiltà Sumera (almeno 5000 anni da oggi), in base alla relazione appena esposta, conoscendo le distanze genetiche stimate con i marcatori del DNA, si stima che la dimensione effettiva della popolazione (N), da cui si sono evolute le attuali, dovesse oscillare da un minimo di 6.578 ad un massimo di 22.727 genotipi.