

CENTRO RICERCA E INNOVAZIONE

REPORT

2019/2022

AGROSISTEMI E BIOECONOMIA
ALIMENTI E NUTRIZIONE
BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE
BIOLOGIA COMPUTAZIONALE



FONDAZIONE
EDMUND
MACH

CENTRO RICERCA
e INNOVAZIONE

CENTRO RICERCA E INNOVAZIONE

REPORT

2019/2022

AGROSISTEMI E BIOECONOMIA
ALIMENTI E NUTRIZIONE
BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE
BIOLOGIA COMPUTAZIONALE



FONDAZIONE
EDMUND
MACH

CENTRO RICERCA
e INNOVAZIONE

.....

COMITATO DI REDAZIONE

Claudio Donati, Cristina Castellani, Emanuele Eccel, Floriana Marin, Fulvio Mattivi, Heidi C. Hauffe,
Luana Bontempo, Mario Pezzotti, Michela Troggio

CURATORI

Cristina Castellani, Emanuele Eccel, Floriana Marin

PROGETTO GRAFICO ED EDITORIALE

IDESIA - www.idesia.it

ISSN 2282 - 1341

© 2023, **Fondazione Edmund Mach**

Via Edmund Mach 1, 38098 San Michele all'Adige (Trento)

www.fmach.it

INDICE

Il Centro Ricerca e Innovazione	6
Gli sperimentatori del CRI	8
Il Programma di Dottorato di FEM	12
Laboratorio COVID FEM	13
■ AGROSISTEMI E BIOECONOMIA	15
Ecco come mi difendo: alla ricerca dei geni di difesa della vite alle principali malattie fungine	16
Le metodologie più avanzate per l'agricoltura di domani	17
La trascrittoma di VESPUCCI per ricostruire reti di regolazione genica in vite	19
Impiego della tecnologia CRISPR/Cas9-FLP/FRT per rendere le cultivar di mele meno suscettibili al colpo di fuoco batterico	20
TEA (Tecniche di Evoluzione Assistita) per favorire la resilienza della vite ai cambiamenti climatici	21
Il progetto ScaldCold: un approccio multidisciplinare per far luce sulla regolazione del riscaldamento superficiale nella mela	23
Primo genoma di castagno europeo (<i>Castanea sativa</i>) e sviluppo di un array Axiom ad alta densità	24
Dal genoma alla scoperta di una nuova varietà locale di noce	25
Clonaggio e caratterizzazione di un gene di resistenza a ticchiolatura in melo	27
Diversità genetica e produzione degli olivi nell'Alto Garda Trentino	28
Le varianti somatiche di vite rivelano nuovi dettagli sul successo di un grande vitigno	29
Ampia indagine sui geni di suscettibilità di vite per ottenere resistenze a patogeni	30
La resistenza al marciume nero di foglie e grappoli è basata su meccanismi differenti	31
Le varietà resistenti iscritte al Registro Nazionale delle Varietà di Vite da Vino	33
Micropropagazione di <i>Vaccinium</i> per il <i>breeding</i> e la conservazione di germoplasma presso FEM	34
Migliorare la qualità e conservabilità del mirtillo con una gestione accurata del post-raccolta	35
<i>Breeding</i> di mirtillo gigante e lampone: le nuove varietà di FEM	37
Il melo e la favola della bella addormentata: identificato il gene che controlla la dormienza del melo	38
Progetto SIRNACIDE: un nuovo pesticida a base di RNAi contro la peronospora della vite	40
Biotremologia applicata: soluzioni agricole eco-compatibili contro gli insetti dannosi	41
Specie aliene invasive e biocontrollo	42
Strategie di difesa sostenibili	43
Interazione pianta-microrganismi e stimolazione delle difese	45
Vigneto e laboratorio smart	46
Mini stazione fenologica	47
DigiAgriApp, monitorare il proprio campo in maniera digitale	48
Un nuovo approccio per il calcolo di indici termici di stress idrico	49
Interazione tra sostanza organica e fertilizzanti organici per migliorare la fertilità dei suoli agrari	51
Hydrochar e Co-Compost dalle biomasse di scarto: nuove strategie per l'ottimizzazione del potenziale agronomico	52
Da scarti a risorse: quantificazione dei residui agroalimentari trentini per la produzione di energia rinnovabile	54

■ ALIMENTI E NUTRIZIONE	57
Chiarire la biosintesi e la funzione fisiologica dei diidrocalconi utilizzando la diversità della mela	58
Il Trentingrana come esempio di biodiversità vincente	59
Ricerca sulla biodiversità enologica italiana	60
Associazione tra la via metabolica del triptofano e i sintomi depressivi subclinici in pazienti obesi: uno studio preliminare	62
Quantificazione di gammafenilvalerolattoni e acidi valerici correlati nelle urine umane dopo il consumo di mele	63
Il vino è "nudo": le bottiglie di vetro incolore degradano l'identità aromatica del vino	65
La spettrometria di massa a iniezione diretta come strumento green ad alta capacità per il monitoraggio di fermentazioni e bioprocessi	66
Innovazioni sistematiche per una riduzione sostenibile degli sprechi alimentari europei	67
Preferenza alimentare e il suo legame con fattori fisiologici e psicologici: studi sul consumatore italiano	69
Metodi dinamici per studiare l'evoluzione della percezione sensoriale durante l'assaggio di un olio extravergine oliva in abbinamento con altri alimenti	70
La nicchia isotopica di uccelli passeriformi rispecchia le strategie migratorie	71
Caciotte e <i>superfood</i> : arricchimento di prodotti caseari con corniola e ribes nero per ottenere formaggi arricchiti in polifenoli	72
L'impronta digitale isotopica dell'olio d'oliva	73
PROMEDLIFE: nuovi snack per la PROMozione dello stile di vita MEDiterraneo e della sana alimentazione	74
■ BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE	77
Il ghiaccio non è solo ghiaccio - cambiamenti qualitativi a causa dell'evoluzione climatica	78
La gestione del gambero di fiume in Trentino: un approccio ecologico integrato	79
Un nuovo alieno nelle acque del Lago di Garda: prima segnalazione di <i>Dreissena bugensis</i> in Italia	80
Potenzialità e criticità delle risorse idriche alpine dipendenti dal permafrost	82
Il monitoraggio aerobiologico nel rilevamento di specie invasive: il caso studio dell'artemisia	83
Pollini in alta quota	84
Foresta 4.0	86
Il progetto HIGHLANDER	87
Il carbonio antico e le emissioni di gas serra dal permafrost della tundra siberiana	88
G-BiKE e la COP-15	89
DNA ambientale: un metodo di monitoraggio innovativo per la conservazione degli anfibi	91
MarmoGen: un progetto scientifico collaborativo a sostegno della conservazione e della gestione della trota marmorata	92
MICROVALU, studio della microbiodiversità dei pascoli alpini	94
Evoluzione di <i>Wolbachia</i> : esplorare l'infezione batterica più diffusa nel mondo degli insetti	96
La fenotipizzazione ad alto rendimento in <i>Arundo</i> rivela variazione inter- e intra- specifica nelle strategie di tolleranza ai deficit idrici	97
Un possibile meccanismo per la riduzione dell'accumulo di metalli pesanti nelle piante agrarie scoperto grazie ad un lontanissimo parente selvatico	98
Nuovi elementi verso la comprensione del ruolo dell'emissione di isoprene nella tolleranza delle piante agli stress ambientali	100
Le briofite come modelli emergenti dei meccanismi di accumulo, tolleranza e detossificazione di metalli pesanti nelle piante	101
La memoria guida la base della ricerca del foraggiamento nei grandi mammiferi selvatici	103

Connettività ecologica nella matrice antropica alpina. Riserve naturali e corridoi per la conservazione dell'orso bruno nelle Alpi	104
Il progetto UNGULALPS - Analisi delle relazioni trofiche in un ecosistema alpino	106
Zanzara tigre in Trentino: il clima non è più un ostacolo!	107
Studiare il microbiota intestinale delle specie aliene per comprendere le loro capacità di invasione e identificare nuovi metodi di controllo biologico	108
I piccoli mammiferi in un ambiente che cambia	109
Cambiamenti climatici e malattie emergenti: il caso dell'encefalite virale da zecche (TBE) in Europa	110
■ BIOLOGIA COMPUTAZIONALE	113
Identificazione di lineage batterici antichi e finora sconosciuti mediante sequenziamento metagenomico	114
VESPUCCI: una risorsa per la trascrittomico in vite in continua espansione	116
Il microbioma batterico e fungino nei suoli agricoli è regolato da processi ecologici distinti, ed appare stabile nel tempo	117
Nanopori alla piattaforma di sequenziamento	118

Il Centro Ricerca e Innovazione



PROF. MARIO PEZZOTTI

Da due anni svolgo il ruolo di dirigente del Centro Ricerca e Innovazione (CRI) della Fondazione Edmund Mach (FEM). Dopo una lunga carriera accademica, ho ritenuto che l'esperienza gestionale di un grande centro di ricerca potesse rappresentare un impegno interessante che sentivo essere nelle mie corde. Non pensavo che il compito fosse semplice, ma non ero neanche pienamente consapevole della grande attenzione e dedizione necessarie alla gestione della complessità nella struttura della FEM, della numerosità delle competenze presenti nel CRI, della molteplicità delle tematiche scientifiche affrontate. È quindi una grande sfida, non solo personale, ma soprattutto istituzionale. Nel 2024, FEM compirà 150 anni: nel tempo ha acquisito una riconosciuta rilevanza scientifica che travalica non solo i confini provinciali o nazionali ma anche continentali, e certamente mantenere questo profilo è un compito arduo, possibile solo se si perseguono strategicamente l'eccellenza delle competenze e l'efficienza delle strutture.

Il CRI è impegnato nello studio e nella promozione della transizione ecologica al fine di individuare modelli più equilibrati ed armoniosi di sviluppo

degli ecosistemi naturali ed agrari, favorire la conservazione e la protezione della biodiversità, ridurre l'impatto sull'ambiente, migliorare l'efficienza energetica e l'uso sostenibile delle risorse.

La ricerca, realizzata con strumentazioni e tecnologie all'avanguardia, genera "big data" che vengono elaborati tramite metodi matematici e tecniche statistiche ed informatiche, con l'obiettivo di una comprensione olistica dei sistemi biologici. Il CRI sviluppa, progetta, utilizza ed incorpora tecnologia e strumenti digitali per monitorare ed approfondire la conoscenza degli ecosistemi naturali ed agrari e per guidare l'evoluzione dei sistemi agricoli ai fini della sostenibilità.

La ricerca focalizzata allo studio dell'agricoltura, della biodiversità e delle risorse naturali, vuole promuovere l'uso sostenibile delle risorse, migliorare la qualità degli alimenti e contribuire alla sicurezza alimentare. Inoltre, siamo impegnati a trasmettere maggiore consapevolezza su questioni importanti quali l'impatto del cambiamento climatico, la preservazione della fauna e della flora.

L'obiettivo è sviluppare un approccio interdisciplinare per la gestione del sistema "uomo-animale-ambienti





agricoli e naturali” come un *unicum* integrato ed interconnesso al fine di migliorare la salute globale.

Nonostante l’impegno del CRI sia maggiormente rivolto alla ricerca scientifica e allo sviluppo di innovazione, non dimentichiamo il ruolo sociale della divulgazione delle conoscenze e della necessaria azione di sensibilizzazione in merito alle attuali importanti sfide ambientali, forestali ed agrarie, a partire da quelle del territorio trentino.

Il CRI è in costante collaborazione con enti pubblici, aziende private e organizzazioni non-profit, al fine di sviluppare soluzioni innovative per rispondere alle sfide ambientali globali, anche fornendo supporto tecnico e formativo. Grazie alle nostre competenze e all’esperienza acquisita

nel corso degli anni, siamo in grado di fornire soluzioni adatte alle esigenze di tutti i nostri partner, a partire dai singoli agricoltori sino alle grandi imprese.

In sintesi, il CRI rappresenta un punto di riferimento locale, nazionale ed internazionale per tutti coloro che sono interessati allo sviluppo del sapere finalizzato alla realizzazione e promozione di pratiche agricole e alimentari sostenibili, basate sulla valorizzazione dei territori, sulla protezione dell’ambiente e della biodiversità.

Questo report viene redatto a 4 anni dall’ultima stampa con l’obiettivo di voler rappresentare, in una veste editoriale contenuta, solo alcune delle molteplici attività sviluppate dal 2018 al 2022 all’interno delle ventuno Unità di Ricerca che costituiscono il CRI.

Gli sperimentatori del CRI

PROF. FULVIO MATTIVI

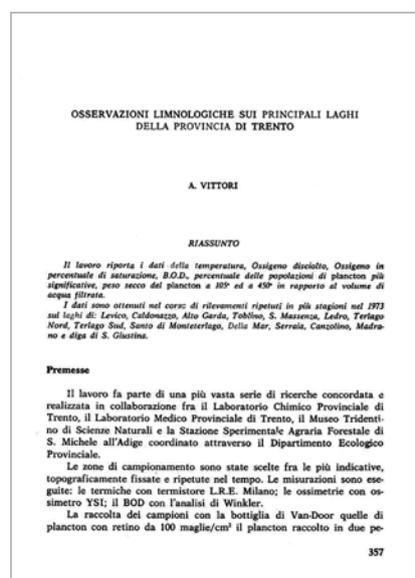
Nel corso dei 150 anni di ricerca a San Michele all'Adige, hanno operato decine di sperimentatori che hanno saputo rispondere alle esigenze del loro tempo, promuovere lo sviluppo del Trentino, anticipando i tempi rispetto al panorama nazionale e, spesso, internazionale. Quelli che oggi ci sembrano approcci consolidati, sono

il prodotto della ricerca innovativa e di avanguardia, pensata e realizzata da uomini visionari, che ha prodotto risultati concreti e capaci di resistere al tempo, costituendo le basi culturali e scientifiche della nostra attuale società. Ne vogliamo citare alcuni, uno per ciascuno dei settori storici: ambiente, alimenti ed agricoltura.

Ambiente

Alvise Vittori (1932-2018) è stato un grande ittologo, limnologo ed ecologo, dotato di spirito pratico, ottimismo, intuito e visione. I suoi interessi erano chiari fin dal periodo dello studio, laureandosi in Scienze forestali a Firenze con una tesi con tema l'ittologia. Ha operato fin dal 1972 nella Stazione di Sperimentazione Agraria e Forestale di San Michele all'Adige, prima come responsabile della Sezione Idrobiologia, poi come Direttore, curando il passaggio alla Fondazione Edmund Mach, dove è stato coordinatore del nuovo dipartimento Risorse Naturali ed Ambientali, dal 1994 al 1997. I suoi interessi professionali hanno spaziato dalla pesca al monitoraggio di laghi e torrenti fino al ripristino degli habitat naturali. I progetti, all'epoca molto innovativi, sono stati fondanti per prassi

oggi comuni in Italia. Diede l'avvio al [monitoraggio limnologico dei principali laghi trentini](#), con pubblicazioni pionieristiche, a partire dal 1973. È stato l'artefice di progetti di recupero dei laghi trentini, in particolare dei laghi di Caldonazzo e di Lases. Vittori ha avviato nei primi anni '80 la mappatura ecologica dei corsi d'acqua utilizzando i macro-invertebrati come strumenti di monitoraggio, e promosso l'uso sistematico degli indicatori biologici per valutare lo stato ecologico dei corpi idrici. Che riuscì a promuovere ed insegnare efficacemente a livello nazionale. A lui si deve l'adozione pionieristica, già nel 1983, del primo Piano di gestione della pesca (Carta Ittica) in Italia. Fondò la Piscicoltura Sperimentale presso la Fondazione Edmund Mach. Ebbe l'intuito di realizzare nel 1997,



nel biotopo "alla Rupe", uno dei primi esempi in Italia di risoluzione dell'inquinamento indotto da scarichi civili, industriali e dai prelievi idroelettrici, ripristinando la qualità degli ecosistemi acquatici tramite la fitodepurazione. La sua eredità è ancora viva, portata avanti dalla sua scuola, e per molti versi ha contribuito a plasmare la limnologia applicata in Italia.

"L'efficacia depurante, massima durante il periodo vegetativo, cala nel periodo invernale ma rimane significativa e tale da giustificare ampiamente la preferenza data - in questa realtà - a questo sistema di depurazione rispetto a qualsi-

asi altro conosciuto, a maggior ragione se si considerano i costi - davvero esigui - di realizzazione e, soprattutto, di manutenzione. Al di là dei referti analitici, non è da sottovalutare il fatto che chiunque, procedendo da monte a valle in sopralluogo alla laguna, può percepire direttamente con i propri sensi il miglioramento della qualità dell'acqua dalla diminuzione della torbidità, dalla scomparsa dell'odore di fogna, dall'aumento delle presenze vegetali e dall'insediamento di anfibi e pesci." (Dalle conclusioni della sperimentazione sugli effetti della fitodepurazione nel biotopo Alla Rupe, 1999).

Alimenti

Franco Defrancesco (1926-2008). Laureato in Chimica a Bologna nel 1950, arrivò a San Michele nel 1958 per riorganizzare il Laboratorio di Chimica, su incarico del neo-presidente Bruno Kessler. Defrancesco era persona schietta, determinata, rigorosa. Fu un grande maestro. Il primo a dare basi scientifiche alla produzione della Grappa Trentina. Sua l'intuizione della necessità di raccogliere il "cuore" del distillato, eliminando le teste ricche in acetato di etile, e le code, che contaminano il distillato con acido acetico ed altri composti altobollenti. Suoi i primi esperimenti per acidificare la vinaccia prima dell'insilamento, per preservarla dal-

le alterazioni batteriche e prevenire la formazione eccessiva di metanolo. Studi poi proseguiti e perfezionati dal Dr. Giuseppe Versini, che hanno sostenuto la crescita collettiva della Grappa Trentina, con una vocazione alla finezza che è rimasta e prosegue ancora ai giorni nostri.

Defrancesco, assieme al cantiniere Riccardo Zanetti, sperimentò il Castel San Michele rosso, presentato in occasione dei 90 anni di fondazione dell'Istituto, aprendo la strada per la produzione in Trentino di uvaggi rossi importanti, tutt'ora tra i più rinomati. Soprattutto, Defrancesco realizzò uno storico potenziamento del Laboratorio di Analisi, ricevendo sostegno



anche da importanti ministri dell'Agricoltura, quali Mario Ferrari Aggradi, e dotandolo delle migliori strumentazioni scientifiche dell'epoca. Da qui si venne a formare una generazione di chimici e tecnici capaci di affrontare tutte le matrici agroalimentari. Il Laboratorio poteva spaziare su tutte le principali analisi bromatologiche negli alimenti, dalla frazione inorganica, a zuccheri, vitamine, polifenoli, lipidi, alcoli superiori... fino alle analisi al radiocarbonio. Erano i tempi degli esperimenti nucleari e la misura del 14C era preziosa nel rilevare le frodi. Diventò rapidamente un punto di riferimento per le analisi destinate alle esportazioni ed anche sede del Servizio Repressione Frodi. L'Associazione Enotecnici Italiani ebbe a conferirgli il prestigioso premio "Grappolo d'oro". Successivamente operò presso il Laboratorio di Igiene, ispirando la fondamentale L. 47 del 1978 in materia di tutela dell'ambiente dagli inquinamenti e fu docente presso l'Università di Trento. La sua capacità di dis-

seminare la conoscenza attraverso il ragionamento scientifico, con spirito critico e grande ironia, era istrionica. Poteva curare una rubrica scientifica sul mensile della Confindustria e tenere corsi in molte università, inclusa Cuba, chiamato da Fidel Castro. Mantenne sempre stretti rapporti con San Michele, contribuendo al suo sviluppo anche come membro del CdA (1991-1996).

"Mangiamo che cosa? Quello che ci consigliano i manifesti pubblicitari, quello che ci suggerisce carosello, quello che ci raccontano le diete mirabolanti dei giornali dedicati al gentil sesso.... alle quali peraltro, volente o nolente si adatta il sesso un po' meno gentile".....
"Personalmente io odio e combatto ogni forma di propaganda alimentare a meno che non sia diretta a far conoscere l'alimento nella sua essenza, nelle sue proprietà e ... anche nei suoi costi"....
"Se la mela è salute, e lo è, vediamo di lasciarla mangiare a tutti" (F. Defrancesco, La mela nell'alimentazione, Economia Trentina, 1976)

Agricoltura

Rebo Rigotti (1891-1971). Il lavoro di Rebo Rigotti ebbe un ruolo determinante per il Trentino, nel periodo tra le due guerre mondiali e nel primo dopoguerra. Oltre alla gestione dei vivai viticolo-pomologici di Navicello, a partire dai primi anni '30 del secolo

scorso, dal '36 entrò in ruolo alla Stazione Sperimentale come assistente di Enrico Avanzi, grande agronomo che successivamente divenne Preside di Agraria e infine Rettore a Pisa. Avanzi lo selezionò come "tecnico di non comune valore, che la Stazione



Sperimentale può utilizzare con sicuro vantaggio della complessa sperimentazione genetica che è in corso presso l'Istituto". Viene ricordato da uno dei suoi stretti collaboratori, Ferdinando Tonon, come pragmatico sperimentatore che perseguiva con concretezza gli obiettivi. Serio, esigente, taciturno, a tratti scontroso. Erano anni di autarchia, guerre e crisi profonda che misero a rischio l'esistenza stessa dell'Istituto. Eppure fu periodo fecondo di sperimentazione e didattica. Che lo stesso Rigotti descrisse come "abbandonati a noi stessi, con una penuria di manodopera che ci costrinse a mettere mano personalmente all'aratro, alla zappa, alla falce, pur di salvare un materiale prezioso e interessantissimo". E di solitudine. Nell'immediato dopoguerra la Stazione sperimentale arrivò ad avere solo due dipendenti, Rigotti e Franceschi. Rigotti si occupò fino al 1959, di frutticoltura, cerealicoltura, foraggicoltura, genetica della patata, orticoltura e perfino zootecnia. Generazioni di agricoltori si sono formati sul suo "Manuale di Agraria per la cultura popolare" con cui portò alla stampa l'esperienza maturata in dodici anni di lezioni. Oltre ad essere un grande divulgatore, aveva un forte talento artistico e le sue opere erano accompagnate da efficaci disegni e dipinti di raro pregio. Oggi è ricordato soprattutto come genetista, specie in campo viticolo, per avere generato dei grandi vitigni da vino, quali in particolare il vitigno rosso Rebo (tra i vini DOC Trentino, e nella versione appassita, alla base del Reboro) ed il bianco Gold Traminer. A Rigotti dobbiamo la conoscenza di 30 anni di viticoltura. La pubblicazione "[Rilievi statistici e considerazioni sulla Viticoltura Trentina](#)", uscito nel 1932, è un'analisi dettagliata della viticoltura trentina nel biennio 1929-1930, di cui riporta le principali vicende e problemi, la diffusione nel territorio

della viticoltura e dei vitigni, i costi per la ricostituzione post-fillosserica e lungo la filiera del vino, tutto con grande rigore metodologico, razionale e cartesiano.

Uno dei progetti più impegnativi portati avanti da Rigotti è stata la Carta Viticola del Trentino, pubblicata su studi condotti nel 1950-52 su iniziativa del Comitato Vitivinicolo provinciale, un quadro dettagliato della realtà viti-enologica trentina dell'epoca, antesignana del catasto viticolo. La Carta viticola è una ricca raccolta di documenti (schede statistiche quali-quantitative, carte geografiche tematiche, testi descrittivi e documenti di riepilogo), che è stata conservata, digitalizzata e liberamente consultabile online all'indirizzo <https://carta-viticola.fmach.it>. Rispondeva secondo Rigotti alle esigenze "di ridurre il numero dei vitigni scegliendo quelli più idonei a migliorare la produzione nel senso delle esigenze commerciali internazionali ed interne; di uniformare gli impianti di intere zone e plaghe al fine di ottenere vini tipici, caratteristici, costanti". Il primo segnale di ricerca sistematica della qualità per la viticoltura regionale del dopoguerra. Focalizzato su lavoro e famiglia, Rigotti rifuggiva dai riconoscimenti. Viene riportato [dai suoi biograf](#) che arrivò perfino a rifiutare una laurea honoris causa per i suoi meriti scientifici. Di lui è viva la memoria, perché moltissime delle sue pregevoli opere sono conservate e consultabili presso la Biblioteca della Fondazione Mach, ed al suo operato sono state dedicate dettagliate [monografie](#).

"L'agricoltura progredisce soprattutto per virtù del sapere. Dovunque troverete un vero e proprio miglioramento, vi troverete sempre accanto l'uomo, ossia la mente che l'ha determinato." (R. Rigotti, citazione da Mancini, in apertura del suo Manuale di Agraria, II edizione 1942, p. 7)

Il Programma di Dottorato di FEM

.....
ELISABETTA PERINI

FEM promuove il programma di Alta Formazione, un percorso di formazione avanzata che offre ai giovani ricercatori l'opportunità di sviluppare le competenze scientifiche e approfondire i propri interessi di ricerca nell'ambito delle aree di interesse della Fondazione - agricoltura, ambiente, nutrizione - prestando attenzione anche alla sostenibilità. I dottorandi svolgono l'attività di ricerca nei laboratori dotati di strumentazioni all'avanguardia, seguiti da un team di scienziati altamente qualificati. L'attività di supervisione contribuisce a sviluppare una relazione formativa con il proprio tutor, beneficiando della sua esperienza e della rete di contatti con il mondo della ricerca internazionale. Il programma di dottorato è strutturato in modo flessibile, consentendo ai dottorandi di personalizzare il proprio percorso di formazione, includendo anche una varietà di attività formative come seminari, workshop e scuole estive su diversi temi quali la biologia molecolare, la genomica, la nutrizione, la gestione delle risorse naturali, l'agricoltura sostenibile e la gestione integrata dei sistemi agroalimentari.

A supporto del programma di dottorato e allo scopo di attivare nuovi network di ricerca, FEM stipula convenzioni con istituzioni di ricerca nazionali ed internazionali finalizzate al finanziamento di progetti congiunti di

dottorato di ricerca. Dal 2010 il CRI ha attivato 240 borse di studio creando una solida rete di collaborazione con istituti prestigiosi del mondo accademico e con enti del settore privato italiani e stranieri. La partecipazione delle aziende al finanziamento delle borse di studio e la disponibilità ad ospitare il dottorando, favoriscono lo scambio fra il settore pubblico e il settore privato nell'ambito della ricerca e la mobilità internazionale.

L'esperienza di formazione presso gli enti partner in Italia e all'estero contribuisce all'arricchimento del portafoglio di abilità e competenze e dotano il dottorando di un biglietto da visita competitivo per accedere alle opportunità di lavoro in Italia e nel mondo. Il successo del programma di dottorato è confermato dalla percentuale di occupazione dei dottorandi; l'80% dei borsisti ha trovato occupazione presso enti prestigiosi sia nell'ambito accademico sia nel settore privato. I neodottori accedono ad importanti opportunità di lavoro al conseguimento del titolo o, per alcuni di loro, prima ancora di aver concluso il percorso di studio. Grazie alla sua flessibilità e alla sua ampiezza di visione, il programma di dottorato è un percorso di formazione stimolante e arricchente, che prepara i dottorandi a diventare i futuri leader della ricerca scientifica e tecnologica nel settore agroalimentare e ambientale.



Foto di Umberto Salvagnin

Laboratorio COVID FEM

Nei giorni successivi alla scoperta del nuovo coronavirus SARS-CoV-2, i più prestigiosi laboratori internazionali hanno identificato (e reso immediatamente disponibile online) il metodo più affidabile per rilevare il virus nell'uomo: l'estrazione dell'RNA del virus mediante un tampone naso-faringeo e l'amplificazione di un gene specifico del virus stesso.

Il laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'Ospedale S. Chiara di Trento ha subito testato e validato il metodo diagnostico, che tuttavia richiedeva di essere automatizzato, visto l'elevato numero di campioni (migliaia) da analizzare al giorno. Come avvenuto in molti altri laboratori di ricerca europei, all'inizio di aprile 2020 anche i tecnici, tecnologi e ricercatori della Fondazione Edmund Mach si sono attivati per allestire un nuovo laboratorio in grado di effettuare le analisi molecolari utilizzando il metodo certificato dall'Ospedale S. Chiara.

Dotato delle migliori strumentazioni rese disponibili dalle strutture del Centro Ricerca e Innovazione, il Laboratorio COVID FEM è stato posizionato in un container lontano dagli altri laboratori e uffici, e organizzato seguendo tutte le precauzioni e i consigli dei laboratori diagnostici europei, nel rispetto di elevati standard di sicurezza.

La fase iniziale ha riguardato il perfezionamento del flusso di lavoro. Grazie all'impegno di alcuni giovani tecnici volenterosi e determinati, è stato possibile organizzare il lavoro in laboratorio in pochissimi giorni. In parallelo si è lavorato in amministrazione FEM per riuscire a reperire - nonostante la scarsità di prodotti sul mercato - tutti i DPI, i kit e i consumabili richiesti dal protocollo.

L'entusiasmo ed il senso civico dei collaboratori FEM sono stati eccezionali: più di 40 persone, tra ricercatori, tecnologi e tecnici, si sono rese disponibili per essere addestrate e coinvolte nelle fasi operative. L'intero processo richiedeva all'incirca 24 ore.

Tale infatti era il tempo necessario per fornire i risultati all'Azienda Provinciale per i Servizi Sanitari, a partire dal ricevimento dei tamponi inattivati (quindi non contagiosi).

Il lavoro è stato organizzato su turni giornalieri di otto ore: nella prima fase (dalle 7:00 alle 15:00 circa) l'RNA virale veniva estratto dal materiale biologico contenuto in ogni tampone, mediante l'utilizzo di un estrattore automatico. Le eluizioni (cioè l'RNA estratto) venivano tempestivamente consegnate alla Piattaforma di Sequenziamento e Genotipizzazione per la seconda fase del protocollo, cioè la delicata operazione di identificazione del gene S (spike) del virus SARS-CoV-2 (che terminava verso le ore 22:00). I risultati così ottenuti erano trasmessi all'Ospedale S. Chiara (verso mezzanotte), validati dal dirigente medico ed inviati al Ministero della Sanità a Roma entro le ore 9:00 della mattina seguente.

In totale la FEM ha analizzato 214.632 tamponi, occupandosi principalmente delle analisi delle RSA provinciali. Nonostante le difficoltà organizzative e logistiche iniziali, l'esperienza ha dimostrato nel concreto la valenza scientifica e sociale del CRI, nonché la sua capacità di adattare competenze e conoscenze per fronteggiare un'emergenza e fornire il suo rapido e concreto contributo al territorio.



Fasi delle analisi molecolari dei tamponi (da sinistra): estrazione RNA e genotipizzazione







AGROSISTEMI E BIOECONOMIA

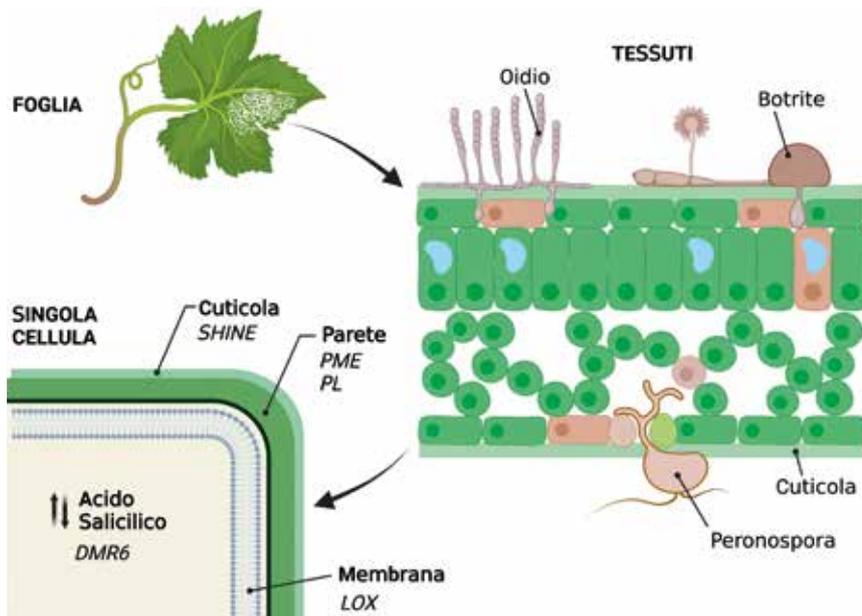


Ecco come mi difendo: alla ricerca dei geni di difesa della vite alle principali malattie fungine

.....
LISA GIACOMELLI
MIKIAS D. GUCHE
JENNA JOLIFFE
JORGE LAGREZE
GIULIA MALACARNE
SUSANNA MICHELI
CLAUDIO MOSER
STEFANIA PILATI
CARLOTTA PIRRELLO
BARBARA ROJAS

Durante l'evoluzione le piante hanno sviluppato meccanismi e strutture che le difendono dai patogeni e dagli stress ambientali. Tra queste svolgono un ruolo essenziale le strutture più esterne quali la cuticola e la parete e membrana cellulare, che fungono sia da barriera meccanica che da sensori dei patogeni. Da anni studiamo i meccanismi di difesa della vite ai patogeni per individuare i geni coinvolti e tale conoscenza è fondamentale per l'attività di miglioramento genetico, anche attraverso l'applicazione delle Tecnologie di Evoluzione Assistita (TEA), come il *gene editing*. La cuticola, lo strato più esterno degli organi aerei delle piante, composta da cere e da una fitta maglia di cutina, protegge dall'eccessiva disidratazione o dalla radiazione solare ed ostacola

la penetrazione di muffe, soprattutto nei frutti in post-raccolta. Pertanto, stiamo studiando alcuni geni regolatori della sintesi della cutina e delle cere, finora caratterizzati solo in piante modello. Per trovare nuove strategie di difesa a botrite, agente della muffa grigia del grappolo, ci siamo focalizzati su due famiglie geniche, codificanti Pectin Metilesterasi (PME) e Pectato Liasi (PL). Esse sono responsabili delle modifiche della pectina di parete durante il *softening* della bacca d'uva in maturazione, processo che, unito all'accumulo di zuccheri, la rende particolarmente suscettibile a tale fungo. I geni PME e PL rappresentano quindi dei target molecolari, la cui specifica inattivazione tramite TEA potrebbe contrastare l'infezione fungina. Superata la parete cellulare,



il patogeno incontra la membrana cellulare, che percepisce l'invasore, sia tramite recettori che attraverso modifiche chimiche dei propri lipidi, inducendo una risposta di difesa cellulare e sistemica con eventi a cascata. Tra questi vi è la perossidazione dei lipidi di membrana catalizzata da lipossigenasi (LOX), che genera le ossilipine, tra cui lo jasmonato, ormone implicato nella risposta di difesa. Recentemente abbiamo identificato le isoforme di LOX in vite, ne abbiamo studiato l'attività *in vitro* e abbiamo ottenuto piante con il gene LOX disattivato o sovraespresso, di

cui stiamo valutando la suscettibilità a oidio. Anche l'acido salicilico (SA) è un ormone coinvolto nella risposta di difesa della pianta. La sua concentrazione dipende dall'azione di enzimi finemente regolati, tra cui le proteine Downy Mildew resistance 6 (DMR6). L'inattivazione dei geni DMR6 causa in varie specie l'accumulo di SA, rendendo le piante più resistenti a diversi patogeni fungini. Da alcuni anni studiamo i geni DMR6 di vite ed abbiamo ottenuto piante con uno o due geni disattivati. Le nostre prove preliminari indicano una minore suscettibilità di queste piante alla peronospora.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da Biomolecules (2022), 12 (2): 182. <https://doi.org/10.3390/biom12020182>

PAROLE CHIAVE: geni di difesa, malattie fungine
SPECIE: *Vitis vinifera*

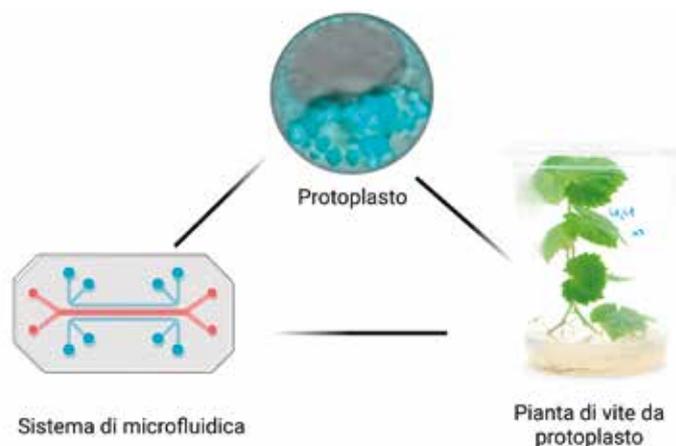


Le metodologie più avanzate per l'agricoltura di domani

Da sempre scienza e tecnologia sono indissolubilmente legate: lo sviluppo della tecnologia permette alla scienza di rispondere a domande nuove, d'altra parte la scienza è il fonda-

mento per nuovi sviluppi tecnologici. Tra le tecniche più nuove che stiamo sviluppando in Fondazione Edmund Mach spiccano il *gene editing* e la microfluidica.

UMBERTO SALVAGNIN
LISA GIACOMELLI
TOBIAS WEIL
CLAUDIO MOSER



Il *gene editing* consente di introdurre piccole mutazioni in punti specifici del genoma della specie di interesse, nel nostro caso la vite, senza alterare il resto del patrimonio genetico della pianta e mantenendo così le caratteristiche originarie. In FEM applichiamo il *gene editing* per spegnere geni che, se attivi nella pianta, consentono o facilitano l'infezione da parte di funghi patogeni. Questi geni sono chiamati geni di suscettibilità, e la loro inattivazione può portare a fenomeni di tolleranza o resistenza verso il patogeno. In altre parole è come se andassimo ad alterare la serratura di una porta così che la chiave non riesca più ad aprirla. Per introdurre le mutazioni è necessario fornire alle cellule il complesso CRISPR/Cas, composto dalla proteina Cas9 e dall'RNA guida. Solitamente questo viene fatto mediante l'inserzione nella pianta dei geni che codificano per il complesso. Nel nostro laboratorio è stato messo a punto un metodo alternativo che non prevede l'uso di DNA esogeno, ma l'inserimento in pianta del complesso proteina-RNA, che viene rapidamente degradato dopo aver apportato le mutazioni desiderate. Questo metodo richiede di lavorare con cellule vegetali a cui è stata rimossa la parete cellulare (protoplasti), e di rigenerare

poi da queste un'intera pianta. Le prime viti editate ottenute con questa tecnica sono ora in serra e verranno testate nei prossimi mesi per capire se hanno perso la loro suscettibilità. La microfluidica, più comunemente conosciuta come "laboratorio-su-un-chip", è la scienza che consente di manipolare volumi ultra-piccoli di liquidi in camere e canali microscopici, applicando diverse tecniche di laboratorio integrate in un dispositivo miniaturizzato di soli pochi centimetri. Recentemente, la microfluidica ha visto uno sviluppo molto rapido, in particolare nel campo biomedico, dove offre la possibilità di utilizzare i chip per ricostruire tessuti e organi e svolgere analisi fisiologiche e test di farmaci. Grazie alla grande flessibilità delle piattaforme di microfluidica è stato inoltre possibile espandere le sue diverse applicazioni anche ad altri settori, quali la biologia cellulare vegetale, la biologia molecolare, lo studio dell'interazione pianta microrganismi, la nutrizione, l'ecologia microbica, le biotecnologie e la chimica agraria, tutte discipline di forte interesse per la FEM. Per questo motivo una piattaforma di microfluidica e microscopia è stata recentemente attivata in FEM, aprendo la strada a nuove opportunità di ricerca.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da Frontiers in Plant Science (2022) 13: 1078931.

<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1078931>

PAROLE CHIAVE: gene editing, microfluidica



La trascrittomica di VESPUCCI per ricostruire reti di regolazione genica in vite

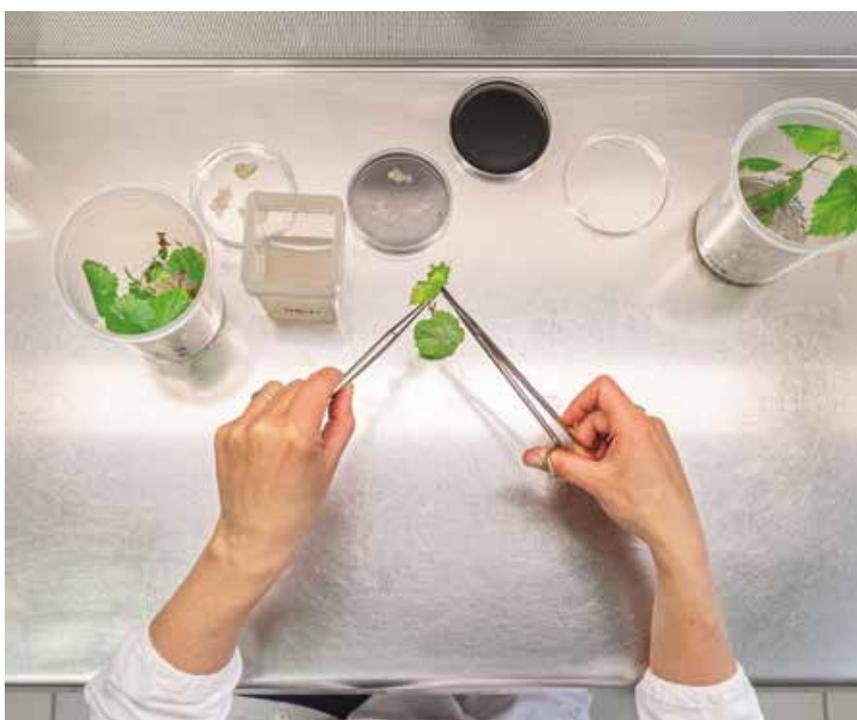
La caratterizzazione dei livelli di espressione genica nell'ambito della risposta della pianta alle diverse condizioni ambientali (temperatura, siccità, attacco da parte di altri organismi) e durante il processo di sviluppo da fase vegetativa a riproduttiva ha visto la realizzazione negli ultimi 20 anni di numerosi esperimenti *genome-wide* (caratterizzante l'espressione di tutti i geni presenti nel genoma) con la conseguente generazione di una considerevole mole di dati. Pertanto si è resa necessaria la messa a punto di strumenti informatici per la rielaborazione dei dati e per una più facile comprensione da parte dei ricercatori del settore.

L'interazione tra l'unità Biologia computazionale e l'unità Biologia e fisiologia vegetale della Fondazione Edmund Mach ha permesso lo sviluppo di un compendio di dati, denominato VESPUCCI, che permette una reale "navigazione" tra i dati trascrizionali ottenuti dalle banche dati pubbliche. A seconda del tipo di interrogazione del compendio, è possibile compren-

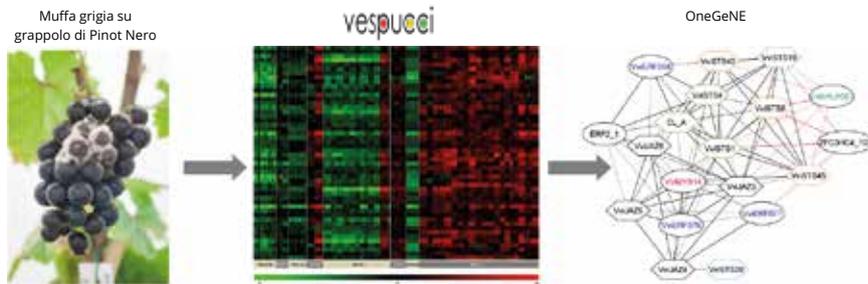
dere come la vite reagisca nel suo complesso a diverse condizioni, come gruppi di geni si differenzino in condizioni simili, oppure come lavorino in concerto in condizioni apparentemente molto diverse.

La disponibilità di una mappa dell'intera attività trascrizionale ad oggi conosciuta in vite ha rappresentato anche il punto di partenza per approfondire la conoscenza delle relazioni che intercorrono tra i geni. Nello specifico, nell'ambito di una collaborazione con alcuni ricercatori del dipartimento di Ingegneria e Scienze dell'Informazione dell'università di Trento e del CNR, è stata sviluppata e applicata una particolare procedura di ricerca delle relazioni causali tra i geni per ricostruire le reti geniche, chiamata "OneGeNE", ovvero espansione della rete di ogni gene, a partire dai dati trascrizionali depositati in VESPUCCI. In questo modo è possibile studiare aspetti della fisiologia della pianta ad un livello più approfondito (chiamato *system biology*) cercando di spiegare i comportamenti della pian-

STEFANIA PILATI
MARCO MORETTO
PAOLO SONEGO
LAURA COSTANTINI
GIULIA MALACARNE



Esempio di rete genica, ottenuta col metodo OneGeNE analizzando il compendio di trascrittoma VESPUCCI, in cui si evidenziano le interazioni tra i geni attivati nella buccia dell'uva per contrastare l'attacco del patogeno fungino



ta in risposta ai vari stimoli ambientali, considerando non più singoli geni ma reti geniche, che meglio colgono e descrivono la complessità sottostante. Questo approccio permette

di evidenziare nuovi geni e nuove relazioni, che vanno poi validate con esperimenti specifici di laboratorio per essere sfruttate nei programmi di miglioramento genetico.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Biomolecules* (2021) 11(12), 1744. <https://doi.org/10.3390/biom11121744>

PAROLE CHIAVE: reti di regolazione genica, trascrittoma, *system biology*

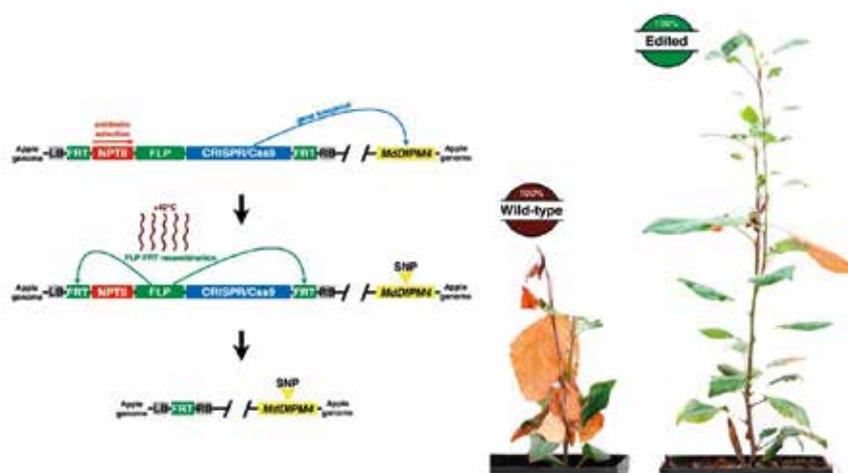


Impiego della tecnologia CRISPR/Cas9-FLP/FRT per rendere le cultivar di mele meno suscettibili al colpo di fuoco batterico

VALERIO POMPILI
VALENTINO GIAROLA
LORENZA DALLA COSTA
STEFANO PIAZZA
MICKAEL MALNOY

Le principali cultivar di mele presenti sul mercato sono suscettibili al "colpo di fuoco", patologia causata dal batterio *Erwinia amylovora*. Per combattere questo patogeno, verso il quale i trattamenti hanno un'efficacia limitata, vi sono le cultivar resistenti

prodotte dal breeding tradizionale, i cui frutti però non soddisfano qualitativamente le aspettative dei consumatori. Il breeding convenzionale è stato sfruttato anche per inserire geni di resistenza derivati da genotipi selvatici in varietà pregiate. Tuttavia,



la resistenza indotta da questi geni è già stata superata dal batterio in un rapido processo evolutivo.

Un'ulteriore strategia, che sulla base di prove in altre specie sembra essere più duratura di quella basata sui geni di resistenza, consiste nel silenziare i geni di suscettibilità delle piante utilizzati dal patogeno per innescare l'infezione. La famiglia di geni DIPM e HIPM sembra essere sfruttata da *E. amylovora* per disattivare la risposta di difesa della pianta, rendendola effettivamente suscettibile. Pertanto, l'inattivazione dei membri di questa famiglia di geni è sembrata una linea di ricerca promettente su cui concentrarsi per ridurre la suscettibilità dei meli a questo patogeno. Abbiamo usato la tecnologia di editing genico mediato da *Agrobacterium tumefaciens* per realizzare questo progetto. Lo strumento attualmente più avanzato per l'editing genetico è CRISPR/Cas9, un sistema ad altissima efficienza mutuato dai batteri e applicato per la prima volta nel melo nel 2016. Questa formidabile tecnologia ha visto una notevole diffusione nel campo delle biotecnologie vegetali

negli ultimi anni perché permette di ottenere facilmente mutazioni INDEL (*insert-deletion*) nelle sequenze di geni target con conseguente perdita o alterazione della funzione della proteina codificata. Le piante 'Gala' e 'Golden Delicious' modificate nel gene DIPM4 erano significativamente meno suscettibili al patogeno rispetto alle piante wild-type, senza effetti pleiotropici sul fenotipo o effetti non ricercati a livello genetico. Lo spegnimento degli altri membri dei geni HIPM e DIPM e MLO (quest'ultimo conferisce resistenza all'oidio) è attualmente in fase di test.

In parallelo, abbiamo anche studiato modi per portare innovazione al processo di trasferimento genico via *Agrobacterium*, attualmente ancora il più diffuso, al fine di minimizzare il più possibile la presenza di DNA esogeno nel genoma delle piante modificate. Il costruito binario sviluppato permette un'efficace rimozione di una cassetta T-DNA di più di 10 kb. Un piccolo frammento di DNA esogeno lungo poco più di un centinaio di basi è rimasto nel genoma delle piante modificate.

Maggiori info nell'articolo *Plant Biotechnology Journal* (2020)

18(3): 845-858. <https://doi.org/10.1111/pbi.13253>

PAROLE CHIAVE: colpo di fuoco, TEA, melo

SPECIE: *Erwinia amylovora*, *Agrobacterium tumefaciens*



TEA (Tecniche di Evoluzione Assistita) per favorire la resilienza della vite ai cambiamenti climatici

Secondo l'Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) una quota sempre più estesa di aree coltivate verrà interessata nel prossimo futuro da frequenti eventi di siccità e ondate di calore, che potranno compromettere la qualità e la resa delle colture. La vite, pianta da frutto perenne di elevato valore economico, può subire con-

sequenze molto negative se esposta per lunghi periodi a condizioni climatiche sfavorevoli. È pertanto di primaria importanza sviluppare delle strategie innovative per adattarsi agli effetti del cambiamento climatico sulla viticoltura. Alla FEM sono in corso due progetti di dottorato, co-finanziati da ditte private, volti ad individuare potenziali

LORENZA DALLA COSTA
UMAR SHAHBAZ
ALVARO VIDAL
MICHELE FARALLI
VALENTINO POLETTI
MICKAEL MALNOY



geni la cui modulazione potrebbe favorire l'adattamento della vite a condizioni climatiche in mutamento.

Un primo progetto, denominato STOMALTER, riguarda lo studio del gene *VvEPFL9* o *STOMAGEN* che, grazie alle conoscenze acquisite in piante modello e cereali, è ritenuto un regolatore positivo chiave della formazione stomatica. Diversi genotipi di vite verranno modificati geneticamente per ottenere mutanti con perdita di funzione (*knock-out*, KO) di questo peptide (mediante la tecnologia CRISPR/Cas9) e anche linee che lo sovraesprimono. Gli effetti attesi sono una diminuzione di densità stomatica nei mutanti KO e, viceversa, un aumento nelle linee overesprimenti. La caratterizzazione morfologico-anatomica degli stomi nelle linee modificate, unitamente alle misure fisiologiche degli scambi gassosi, permetteranno di selezionare un gruppo di linee interessanti su cui applicare una serie di stress abiotici, quali stress idrico e stress da calore. In questi esperimenti verranno anche testate concentrazioni di CO₂ elevate, al fine di variare i

parametri ambientali più importanti, simulando condizioni estreme.

Il secondo progetto, chiamato *Grapesystres*, ha tra i suoi obiettivi quello di studiare in modo sistemico il ruolo dell'ABA (acido abscissico) nella regolazione dei meccanismi di difesa della vite verso le principali minacce causate dal cambiamento climatico. Inoltre, verranno usati dati di trascrittomica pubblici per visualizzare network di co-espressione genica tessuto-specifica indotti da diversi stress, tra i quali siccità e calore. Questi dati saranno utilizzati per identificare potenziali geni chiave nella risposta della pianta allo stress abiotico che verranno ingegnerizzati in genotipi di vite di interesse attraverso l'approccio di KO basato su CRISPR/Cas9. Le piante modificate saranno infine caratterizzate per il livello di resistenza agli stress abiotici attraverso test in campo in Cile. Inoltre, grazie ad un'approfondita analisi comparata di genomi di svariati genotipi del genere *Vitis*, questo studio si prefigge anche di sviluppare marcatori di suscettibilità o resistenza associati allo stress idrico.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Plant Science* (2022) 13: 878001.

<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.878001>

PAROLE CHIAVE: vite, stress abiotici, TEA

SPECIE: *Vitis* spp.



Il progetto ScaldCold: un approccio multidisciplinare per far luce sulla regolazione del riscaldamento superficiale nella mela

Conservare le mele per lunghi periodi a basse temperature è una pratica comune per garantire una costante disponibilità sul mercato e preservarne le caratteristiche organolettiche. Tuttavia questo può innescare il riscaldamento superficiale, una fisiopatia da freddo che si manifesta con l'imbrunimento della buccia del frutto.

Il progetto Euregio "ScaldCold" si è concentrato sull'eziologia del disturbo e l'identificazione dei fattori che ne regolano l'espressione genica e la risposta fisiologica, avvalendosi di scienze omiche, quali trascrittomica e metabolomica, e della spettroscopia NIR.

Un approccio di *Systems Genetics* ha permesso di individuare un gruppo di *cis* e *trans* eQTL (*Expression quantitative trait loci*) legati alle modificazioni metaboliche, che si verificano durante lo sviluppo di questa patologia e all'identificazione dei geni coinvolti. Inoltre, sono state confrontate due varietà di mela suscettibili, 'Granny Smith' e 'Ladina', sottoposte a diversi metodi di conservazione (trattamento con 1-MCP e bassi livelli di O₂), per valutare l'efficacia di queste strategie nella prevenzione del riscaldamento superficiale. Sebbene i trattamenti ne abbiano inibito efficacemente l'insorgenza in 'Granny Smith', 'Ladina'

ha mostrato una ridotta risposta ai trattamenti, manifestando sintomi gravi, rafforzando l'idea che il genotipo influisca in modo decisivo sul grado di suscettibilità al riscaldamento. Inoltre, l'accumulo di particolari metaboliti, come i flavan-3-oli e gli acidi grassi insaturi, nei frutti asintomatici di 'Granny Smith', ne ha suggerito il possibile ruolo protettivo andando a migliorare l'attività antiossidante e la fluidità delle membrane. Alte concentrazioni di acido clorogenico, substrato della polifenolossidasi (PPO), e di acidi grassi saturi a catena lunga caratterizzano invece i frutti affetti da riscaldamento.

Infine, un ulteriore confronto tra diversi gruppi di frutti cultivar 'Granny Smith' conservati in condizioni di ipossia per 5 e 7 mesi ha dimostrato che la durata della conservazione influisce in modo decisivo sul grado di riprogrammazione trascrizionale e metabolica operata durante il periodo di post-raccolta, in particolare, portando all'accumulo di acido clorogenico e all'aumento dei livelli di espressione di geni quali la fenilalanina ammonio-liasi e la PPO.

Tali risultati hanno rivelato l'esistenza di nuovi meccanismi coinvolti nella resistenza al riscaldamento superficiale, evidenziando il ruolo protettivo esercitato da particolari classi di acidi grassi

FRANCESCA POPULIN

NICOLA BUSATTO

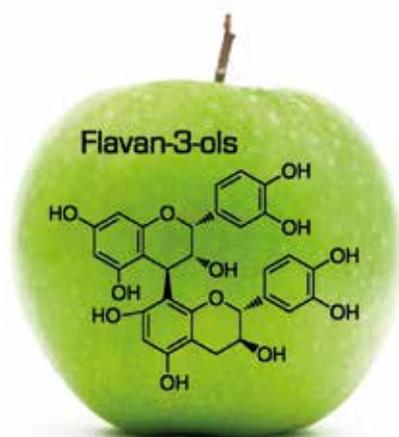
LORENZO VITTANI

URSKA VRHOVSEK

FRANCO BIASIOLI

FABRIZIO COSTA*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento



e sottolineando l'importanza dell'azione della PPO nello sviluppo della sintomatologia.

Grazie a questi risultati, si potranno migliorare le tecniche di conservazio-

ne, sviluppare nuovi marcatori molecolari associati a geni di resistenza/suscettibilità e selezionare varietà caratterizzate da una maggiore conservabilità e qualità finale del prodotto.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su NIR news (2020) 31 (3-4): 5-9. <https://doi.org/10.1177/0960336020910056>

PAROLE CHIAVE: riscaldamento superficiale, post-raccolta
SPECIE: *Malus domestica*



Primo genoma di castagno europeo (*Castanea sativa*) e sviluppo di un array Axiom ad alta densità

.....
DIEGO MICHELETTI
LUCA BIANCO
STEFANO PIAZZA
CRISTIANO VERNESI
MICKAEL MALNOY
MICHELA TROGGIO
MIRKO MOSER
LUIISA PALMIERI

Il castagno (*Castanea sativa*) è un albero deciduo che appartiene alla famiglia delle Fagacee, originario delle regioni temperate dell'Eurasia. Questo albero è noto per i suoi frutti commestibili, fonte importante di cibo in Europa per secoli e prodotto economicamente significativo, con una produzione annua di 240.000 tonnellate tra il 2016 e il 2020. La produzione annuale in Italia è di

circa 40.000 tonnellate. I castagneti, inoltre, sono elementi fondamentali per la valorizzazione del paesaggio e per la fornitura di servizi ecosistemici. Per comprendere e migliorare la diversità genetica del castagno, è essenziale condurre uno studio approfondito del genoma di *C. sativa*. Ad ora non sono disponibili dati genomici per questa specie, mentre sono pubblicati genomi di specie



strettamente correlate, *C. mollissima*, *C. crenata* e *C. dentata*.

In questo studio, presentiamo il primo assemblaggio *chromosome-scale* del genoma della cultivar 'Marrone di Chiusa Pesio' assieme al ri-sequenziamento di diverse accessioni di *Castanea* per la determinazione della presenza di polimorfismi a singolo nucleotide (SNP).

L'assemblaggio è stato prodotto utilizzando una strategia di sequenziamento ibrido che ha combinato una copertura elevata (100X) di *long reads* (Oxford Nanopore Technology) e *short reads* (Illumina), associata all'acquisizione della conformazione cromosomica (Dovetail Omni-C). Tali tecnologie sono state combinate per ricostruire la sequenza genomica in frammenti ordinati chiamati "scaffold". La dimensione totale del genoma assemblato è di 750,8 Mbp per un totale di 238 molecole, con un N50 di 25,0 Mbp in 12 scaffold e un N90 di 2,9 Mbp in 42 scaffold. Gli scaffold sono stati orientati e ancorati per produrre i 12 cromosomi di castagno

utilizzando una mappa genetica densa derivata dall'incrocio tra 'Madonna' e 'Bouche de Betizac'.

Per determinare la diversità genetica tra *Castanea* spp, sono stati sequenziati i genomi di 73 accessioni di *C. sativa*, 14 di *C. crenata* e 19 di *C. mollissima* ed allineati sul genoma del 'Marrone di Chiusa Pesio' per l'identificazione dei polimorfismi. È stato quindi selezionato un set di SNP di alta qualità e distribuiti uniformemente, da utilizzare in futuri studi genetici in *Castanea*.

Questa nuova risorsa genomica per il castagno fornisce preziosi spunti sulla struttura e la diversità del suo genoma e sarà uno strumento potente per la ricerca futura in questa specie di grande importanza economica. Agevolerà l'identificazione di geni associati a importanti caratteristiche come la resa e la qualità del frutto, la resistenza alle malattie e l'adattamento al clima. Infine, aiuterà nella selezione di nuove varietà con migliori performance agronomiche e contribuirà a preservare le esistenti.

PAROLE CHIAVE: genoma, sequenziamento, array del castagno

SPECIE: *Castanea sativa*

Dal genoma alla scoperta di una nuova varietà locale di noce

Il noce da frutto (*Juglans regia* L.) è coltivato in tutto il mondo e le importanti sostanze nutritive di cui la noce è ricca la rendono un alimento raccomandato nella dieta umana quotidiana.

L'Italia è attualmente tra i primi cinque paesi importatori di noci in guscio, a seguito sia del repentino crollo nella produzione di noci italiane agli inizi degli anni settanta, che di una domanda in costante crescita. La maggior parte delle noci importate in Italia proviene dagli USA (50%) seguiti da Francia (20%) e Cile (14%) e, in misura minore, da Argentina e Austra-

lia. Tuttavia, le condizioni climatiche e ambientali della penisola italiana ben si prestano alla coltivazione del noce e sono ancora presenti varietà locali ed ecotipi unici italiani.

In tale contesto, favorevole allo sviluppo di una produzione locale di noci italiane di alta qualità, i ricercatori della Fondazione Edmund Mach, in collaborazione con l'Università di Davis (CA, USA), e l'Università Johns Hopkins (MD, USA), hanno partecipato al ri-sequenziamento ed assemblaggio del genoma del noce da frutto e allo sviluppo di un array di genotipizzazione ad alta densità di

ERICA DI PIERRO
LUCA BIANCO
MICHELA TROGGIO

Dendrogramma di 56 cultivars/accessioni di noci, Italiane ed internazionali, realizzato sulla base delle distanze genetiche. I rami sono colorati secondo l'origine geografica: verde = USA (la maggior parte proveniente dalla California); rosa = Francia; blu = Cina; rosso = Uzbekistan; nero = Giappone; porpora = Italia; giallo = Bulgaria; violetto = Afghanistan (solo la PI15_8)



marcatori SNP (Axiom™ *J. regia* 700K), aprendo la strada a nuovi studi di valorizzazione e caratterizzazione del germoplasma nocicolo italiano ed internazionale. In particolare, i ricercatori della FEM hanno realizzato il progetto “Noble” (co-finanziato dalla Fondazione CARITRO) per valorizzare la coltivazione della noce in Trentino e, più in generale, in Italia. Lo SNP array Axiom™ *J. regia* 700K è stato utilizzato per caratterizzare geneticamente le accessioni e varietà locali Italiane, al fine di comprendere dove si collocano nel panorama delle varietà commerciali internazionali. La definizione dei profili genetici ha confermato l'univocità della storica e tradizionale varietà trentina ‘Bleggiana’, ma non solo, i risultati hanno rivelato la presenza di una seconda varietà

dalle probabili origini locali, a cui è stato assegnato il nome di ‘Blegette’. Le analisi condotte hanno infatti confermato il profilo genetico univoco della ‘Blegette’ e una maggior vicinanza alla varietà ‘Bleggiana’. Le conoscenze ottenute dall'utilizzo di strumenti come il genoma del noce e lo SNP array possono tradursi in informazioni importanti per miglioramenti e innovazioni nella nocicoltura moderna, volti a garantire un prodotto di alta qualità. Inoltre, le varietà locali rappresentano un interessante serbatoio di diversità genetica e di proprietà qualitative, che meritano future indagini sui tratti agronomicamente utili (ad esempio, adattamento locale e fabbisogno in acqua) per una produzione sostenibile e di alta qualità.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Plants* (2022) 11 (15): 1986. <https://doi.org/10.3390/plants11151986>

PAROLE CHIAVE: noce, genoma, identificazione varietale
SPECIE: *Juglans regia*





Clonaggio e caratterizzazione di un gene di resistenza a ticchiolatura in melo

La ticchiolatura, causata dal fungo *Venturia inaequalis* Cooke (Wint.), è una delle malattie più dannose per il melo a livello mondiale. Attualmente il controllo della malattia viene ottenuto tramite l'applicazione di 15-20 trattamenti con fungicidi ogni anno. Questo però può portare allo sviluppo di resistenze ai pesticidi da parte della venturia. Inoltre l'applicazione di prodotti chimici può avere effetti negativi sull'ambiente. Perciò è necessario cercare metodi alternativi per il controllo di questa patologia. Una possibilità è rappresentata dai geni di resistenza presenti nelle varietà di melo selvatiche. Ad oggi sono noti diversi loci contenenti geni di resistenza a ticchiolatura, ma pochi di essi sono stati completamente caratterizzati. Uno di questi loci è sta-

to individuato sul cromosoma 12 di melo (*Rvi12*). Una precedente analisi aveva individuato all'interno del locus un possibile gene candidato per la resistenza (*Rvi12_Cd5*). Perciò *Rvi12_Cd5* è stato usato per trasformare la cultivar suscettibile 'Gala' tramite l'uso di *Agrobacterium tumefaciens*. Sono stati usati due costrutti, il primo col gene sotto il controllo del promotore 35S, il secondo col gene sotto il controllo del suo stesso promotore e terminatore. Le linee transgeniche così ottenute sono state testate per la corretta introduzione del T-DNA e per il numero di copie del gene, poi è stata studiata l'espressione di *Rvi12_Cd5* in tutte le piante trasformate. Tutte quelle che portavano il gene sotto il controllo del 35S hanno mostrato una forte espressione di *Rvi12_Cd5*,

PAOLO BALDI
AYESHA YOUSAF
VALERIA GUALANDRI
MATTEO KOMJANC
DAVIDE BUSETTI
MICHELA TROGGIO
MICKAEL MALNOY

mentre quelle col promotore nativo hanno mostrato un livello di espressione considerevolmente inferiore. Dopo infezione con un inoculo misto di *V. inaequalis*, quasi tutte le piante trasformate, sia col 35S che col promotore nativo, hanno mostrato una notevole resistenza all'infezione. Questi dati indicano che *Rvi12_Cd5* è di fatto il gene che conferisce resistenza a ticchiolatura e che anche una bassa espressione genica è sufficiente a riconoscere il patogeno ed innescare la risposta della pianta. Il passo successivo sarà quello di rimuovere

il DNA estraneo dalle piante trasformate con *Rvi12_Cd5* sotto il controllo del proprio promotore, per ottenere linee di 'Gala' cisgeniche.

Il nostro gruppo sta anche studiando altri geni di resistenza a ticchiolatura (*Rvi5*; *Rvi11*). Inoltre, è prevista l'analisi di genotipi selvatici di melo presenti nella collezione della Fondazione Edmund Mach per ricercare nuove fonti di resistenza. In parallelo, stiamo sviluppando nuove varietà di melo che portino uno o più geni di resistenza tramite miglioramento genetico classico.

Per approfondire si consulti l'articolo pubblicato su *Molecular Breeding* (2018) 38, 73. <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0825-y>

PAROLE CHIAVE: ticchiolatura, geni di resistenza, trasformazione genetica

SPECIE: *Malus domestica*, *Venturia inaequalis*



Diversità genetica e produzione degli olivi nell'Alto Garda Trentino

SILVIA LORENZI
PAULA MORENO SANZ
FRANCO MICHELOTTI*
MARIA STELLA GRANDO**

* Centro Trasferimento Tecnologico,
Fondazione Edmund Mach

** Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento

L'Alto Garda Trentino (AGT) rappresenta l'areale più a nord della coltivazione tradizionale di olivo in Europa. La composizione varietale degli olivi presenti in questa zona è stata inda-



gata recentemente attraverso l'analisi diretta del genotipo ed il confronto con banche dati genetiche. I risultati hanno accertato la forte prevalenza della varietà 'Casaliva (Frantoio)' sia nei vecchi oliveti che negli impianti moderni. L'antico legame di questa cultivar con il territorio è emerso in particolare dalla corrispondenza varietale di oltre cento alberi secolari (di età stimata compresa tra i 204 e 584 anni) e dall'identificazione genetica dei casi di sovrainnesto. Le analisi hanno inoltre rivelato la presenza sporadica di olivi con profili genetici diversi, alcuni definibili autoctoni e altri riconducibili a varietà commerciali o sconosciute. La ricerca è stata arricchita dal confronto con un centinaio di accessioni di olivo conservate nelle collezioni locali.

L'olivo è una specie ad impollinazione anemofila che di solito fiorisce abbondantemente, tuttavia la redditività dell'olivicoltura è limi-

tata da alcune caratteristiche fisiologiche legate alla biologia fiorale. Le cultivar mostrano vari livelli di auto-incompatibilità e per questo l'identificazione e l'uso degli impollinatori più adatti sono strategici nell'olivicoltura moderna. Considerata la presenza dominante di un'unica varietà nell'AGT, lo studio è proseguito indagando il grado di auto-incompatibilità della Casaliva per individuare eventuali limiti alla sua resa produttiva. Sono stati isolati gli embrioni dei semi da circa 550 olive e attraverso l'analisi del DNA è stata dedotta l'origine varietale del polline responsabile della feconda-

zione. Combinando le informazioni genetiche materne e paterne, il profilo genetico dell'embrione permette infatti di discriminare l'autofecondazione dall'incrocio.

Questo test di paternità ha individuato una scarsa frequenza di autofecondazione in 'Casaliva' e rivelato che la formazione delle olive nell'AGT è riconducibile al polline delle varietà minori già riscontrate sul territorio e di altri genotipi che non sono stati intercettati nella prima indagine. Ulteriori studi sono in corso per stabilire le varietà migliori da introdurre come impollinatori e se esistono varietà locali adatte allo scopo.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Genes* (2020), 11 (10): 1171. <https://doi.org/10.3390/genes11101171>

PAROLE CHIAVE: olivo, identificazione varietale, fecondazione
SPECIE: *Olea europaea*



Le varianti somatiche di vite rivelano nuovi dettagli sul successo di un grande vitigno

Alla base di un grande vitigno c'è la capacità di adattarsi a condizioni ambientali variabili, pur mantenendo una produzione abbondante e stabile. Una delle ragioni di tale versatilità può essere individuata nei processi riproduttivi. Normalmente lo sviluppo del frutto segue la fecondazione degli ovuli ed è coordinato da segnali ormonali; tuttavia nei genotipi apireni (con frutto privo di semi) lo sviluppo del frutto avviene in maniera indipendente dalla formazione del seme. Tale possibilità risulta chiaramente vantaggiosa in condizioni climatiche sfavorevoli per la funzionalità dei gameti e la fecondazione, quali temperature estreme o eccessiva umidità, che rischiano di compromettere seriamente le produzioni viticole. Recentemente, nel contesto di un progetto condiviso tra Fondazione

Edmund Mach, Centro Agricoltura Alimenti Ambiente dell'Università di Trento e Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante del CNR, sono emerse nuove ed interessanti conoscenze sulla formazione dell'acino in assenza di semi. In particolare, sono state individuate delle varianti somatiche (cloni) apirene di alcune famose varietà, tra cui 'Chasselas', 'Gouais', 'Moscato Bianco' e 'Sangiovese'. Il confronto genetico di tali coppie di piante e la loro caratterizzazione morfologica a livello micro- e macroscopico effettuata in diverse stagioni e diverse condizioni di impollinazione hanno permesso di attribuire ad ogni mutante uno specifico meccanismo per la mancata formazione dei semi. Un'attenzione speciale è stata riservata al 'Sangiovese' e alla sua variante priva di semi coltivata con il nome di

LAURA COSTANTINI
PAULA MORENO-SANZ
SILVIA LORENZI
FABIANA CRISTOFOLINI
ELENA GOTTARDINI
MARIA STELLA GRANDO*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

Granuli di polline sottoposti a test di germinazione in vitro, osservati al microscopio (630x)

.....



'Corinto Nero'. In questo modo è stato possibile individuare dei difetti funzionali nei granuli di polline e nei sacchi embrionali del 'Corinto Nero', che agiscono di concerto nel determinare l'apirenia. In parallelo, è stata chiaramente evidenziata sia per il 'Sangiovese' che per il 'Corinto Nero' un'intrinseca propensione a sviluppare frutti anche in assenza di impollinazione. Infine, sono state identificate delle differenze puntiformi nelle sequenze genetiche del 'Sangiovese' e del 'Co-

rinto Nero', che possono essere impiegate sia per distinguere tali cloni che per formulare delle ipotesi sulle funzioni alterate nella linea apirena. L'insieme delle conoscenze acquisite nel progetto rappresenta il primo passo per identificare o sviluppare nuovi genotipi apireni, controllare la formazione del frutto, ottimizzare le tecniche di gestione del vigneto o elaborare prodotti per il trattamento delle piante nell'ottica di un miglior adattamento alle condizioni climatiche.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da BMC Plant Biology (2021) 21: 135. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02865-2>

PAROLE CHIAVE: apirenia, sviluppo del frutto, confronto di cloni
SPECIE: *Vitis vinifera*



Ampia indagine sui geni di suscettibilità di vite per ottenere resistenze a patogeni

.....

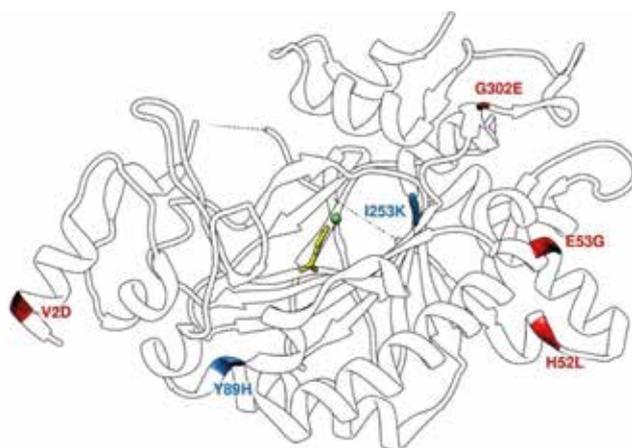
CARLOTTA PIRRELLO
LUCA BIANCO
LISA GIACOMELLI
CLAUDIO MOSER
SILVIA VEZZULLI

Uno dei principali scopi della viticoltura moderna è quello di ridurre la quantità di fungicidi utilizzati ogni anno, avvalendosi di risorse genetiche come i geni di resistenza e, più recentemente scoperti, i geni di suscettibi-

lità. Lo "spegnimento" di questi ultimi è in grado di indurre nella pianta una resistenza ad ampio spettro e più durevole di quella conferita dai geni di resistenza. Le nuove e sempre più utilizzate tecniche di editing del genoma

permettono di andare a causare una mutazione in siti specifici di questi geni, inducendone la disattivazione o una riduzione di attività. Una strada alternativa è quella di andare a investigare mutazioni avvenute in maniera naturale nei geni di interesse, avvalendosi dell'utilizzo del germoplasma conservato negli istituti di tutto il mondo. Seguendo questa seconda via di indagine, il DNA genomico di 190 individui appartenenti alla vite coltivata, specie selvatiche e ibridi è stato analizzato alla ricerca di mutazioni importanti nei geni di suscettibilità a peronospora: *VvDMR6.1*, *VvDMR6.2*, *VvDLO1* e *VvDLO2*. L'interesse in questi geni è dovuto al loro coinvolgimento nel catabolismo dell'acido salicilico, un importante fito-ormone in grado di mediare la risposta di difesa delle piante. Il sequenziamento del DNA è stato effettuato con le più moderne tecnologie che hanno permesso elevati livelli di copertura e di profondità, le sequenze ottenute sono state mappate sul genoma di riferimento e un'analisi bioinformatica a imbuto è stata svolta sulle mutazioni puntiformi osservate, con lo scopo di identificare quelle con un più forte impatto sulla struttura e funzione proteica. Dei

Protein	Variant
VvDMR6.1	Y89H
VvDMR6.2	I253K
VvDLO1	H52L
VvDLO2	G302E
	V2D



quattro geni presi in esame, in ciascuno è stata osservata la presenza di quattro-sei mutazioni in grado di inibire la funzione della proteina. In particolare, una mutazione predetta nel gene *VvDMR6.2* è stata associata al carattere di resistenza a peronospora. Lo studio di diversità genetica ha portato alla raccolta di una grande e significativa mole di dati che possono essere considerati valide risorse sfruttabili nei programmi di miglioramento genetico assistito della vite, come mezzi integrativi all'uso dei geni di resistenza e, nell'ambito di un editing "su misura" del genoma, attraverso l'induzione delle mutazioni puntiformi individuate nello studio nei geni bersaglio.

Modello di struttura proteica con varianti rilevate di impatto. In blu i residui localizzati all'interno della proteina mentre in rosso quelli più esposti in superficie

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da *Biomolecules* (2021) 11(2): 181. <https://doi.org/10.3390/biom11020181>

PAROLE CHIAVE: geni di suscettibilità, peronospera, mutazioni naturali

SPECIE: *Vitis* spp., *Plasmopara viticola*



La resistenza al marciame nero di foglie e grappoli è basata su meccanismi differenti

La viticoltura alimenta un mercato multimiliardario, ma è anche caratterizzata dai più alti utilizzi di fungicidi per ettaro per la gestione delle malattie. In Europa negli ultimi due decenni le nuove normative hanno permesso un forte riduzione dell'u-

so e delle formulazioni dei fungicidi, ma la coincidenza con il cambiamento climatico, che sta determinando estati anomale, ha portato alla comparsa di malattie precedentemente controllate come il marciame nero della vite, che è in grado di portare

PAOLA BETTINELLI
DANIELA NICOLINI
LAURA COSTANTINI
OSCAR GIOVANNINI
MARCO STEFANINI
SILVIA VEZZULLI

Sintomi di marciume nero su grappolo e foglia

.....



alla completa perdita del raccolto. La Fondazione Edmund Mach, in collaborazione con l'Istituto JKI-Geilweilerhof, è impegnata in un progetto di ricerca, parte dell'accordo COM-Bi-GRape, per la lotta contro il marciume nero tramite l'introggressione della resistenza genetica nelle varietà tolleranti a peronospora e oidio. Infatti, nonostante esistano varietà derivate da specie selvatiche che portano la resistenza ai più diffusi patogeni fungini, l'80% dei vigneti mondiali è composto da varietà suscettibili di *Vitis vinifera*. Pertanto, lo sfruttamento dei tratti di resistenza è una valida strategia per la riduzione dei fungicidi.

In primo luogo si è proceduto alla ricostruzione del pedigree dei donatori resistenti, basato sulla raccolta di dati fenotipici storici, che ha portato all'individuazione di un ampio pool inesplorato di 148 varietà appartenenti a 14 specie diverse. L'isolamento e la caratterizzazione di due ceppi del patogeno presenti in Valsugana e lo sviluppo di nuove tecniche di infezione controllata più efficienti basate sulla produzione di spore da foglie fresche infette ha portato alla valutazione del-

la resistenza di genotipi della FEM e all'identificazione di sei individui promettenti prontamente sfruttati per nuovi incroci, tra i quali sono già stati rilasciati 'Termantis' e 'Charvir'.

Questo lavoro preliminare è stato prodromico allo studio della segregazione del tratto di resistenza al marciume nero sia in serra che in campo, che ha portato alla distinzione di due regioni sul cromosoma 14 associate rispettivamente alla resistenza organo-specifica della foglia e del grappolo. Grazie alla costruzione di una mappa genetica altamente densa sono state rilevate regioni genomiche molto piccole, consentendo speculazioni su possibili meccanismi di resistenza come l'occlusione del floema, l'attività respiratoria del mitocondrio e la produzione di sostanze reattive all'ossigeno. Questi meccanismi sono noti per essere associati alla resistenza alle malattie ad ampio spettro.

I risultati ottenuti sono stati implementati per lo sviluppo di nuovi strumenti molecolari per la selezione degli incroci, ed è in corso il sequenziamento delle regioni genomiche per l'approfondimento dei meccanismi di resistenza.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da International Journal of Molecular Sciences (2023) 24, 3568.

<https://doi.org/10.3390/ijms24043568>

PAROLE CHIAVE: miglioramento genetico, geni di resistenza, marciume nero

SPECIE: *Vitis* ssp., *Guignardia bidwellii*



Le varietà resistenti iscritte al Registro Nazionale delle Varietà di Vite da Vino

Da diversi anni, nell'attività di incrocio ci si è concentrati sullo sviluppo di varietà resistenti o tolleranti agli stress biotici, facendo riferimento alle malattie più diffuse nei nostri climi, come peronospora (*Plasmopara viticola*) ed oidio (*Erysiphe necator*). Questi patogeni fungini sono in grado di attaccare la maggior parte degli organi della pianta e causare perdite di produzione e calo della qualità delle uve; di conseguenza i viticoltori devono vigilare e intervenire con i diversi fungicidi.

In questo ambito di attività, con il contributo del Consorzio Innovazione Vite, nel 2020 sono stati iscritte 4 varietà al Registro Nazionale delle Varietà di Vite da Vino: 'Charvir', 'Valnosia a bacca bianca', 'Termantis' e 'Nermantis a bacca nera'. Di seguito le descrizioni relative a queste nuove varietà.

Charvir: incrocio Merzling X FR 440-60. Vitigno a bacca bianca con germogliamento a metà di aprile, epoca di maturazione 14 giorni dopo lo Chardonnay, con produttività buona e contenuti di zucchero e acidità elevati. Adatto anche a produzioni di basi spumanti con note floreali legate alla frazione terpenica degli aromi. Locus di buona resistenza a peronospora, oidio e marciume nero.

Valnosia: incrocio Nosiola X Bianca. Vitigno a bacca bianca con ger-

gliamento intorno alla metà di aprile, epoca di vendemmia 7-10 giorni dopo lo Chardonnay, con produttività regolare, grappoli non grandi ma con fertilità intorno a 2. Buoni contenuti di zucchero e acidità nel mosto, adatto per vini tranquilli con l'aroma della Nosiola arricchito con note date dai precursori dei tioli presenti. Locus di buona resistenza a peronospora e oidio. Le vespe vengono attratte dalle bacche mature.

Termantis: incrocio Teroldego X Merzling. Vitigno a bacca nera con germogliamento intorno a metà aprile, epoca di vendemmia 15-20 giorni dopo lo Chardonnay, con produzioni regolare e fertilità vicino a 2 grappoli per germoglio, mosto con buona dotazione acidica e ricco di sostanze polifenoliche, compresi gli antociani. L'utilizzo delle uve di questa varietà è adatto per la produzione di vino da invecchiamento, inoltre le uve rispondono bene anche ad un eventuale appassimento. Presenta livelli di antociani diglucosidi sotto i livelli legali. La resistenza risulta buona a peronospora, oidio e marciume nero.

Nermantis: incrocio Teroldego X Merzling. Vitigno a bacca nera con germogliamento intorno a metà aprile, epoca di vendemmia 15-20 giorni dopo lo Chardonnay, con produzioni regolare e fertilità intorno a 1,7, mosto con buona dotazione acidica e ricco di so-

.....
LUCA ZULINI
MARCO STEFANINI

Da sinistra a destra: grappoli di Charvir, Valnosia, Termantis e Nermantis
.....



stanze polifenoliche, compresi gli antociani. L'utilizzo delle uve di questa varietà è idoneo per la produzione di vino pronto con note fruttate e florea-

li. Presenta livelli di antociani diglicosidi sotto i livelli legali. La resistenza è risultata buona a peronospora, oidio e media a marciume nero.

PAROLE CHIAVE: varietà resistenti, vite, miglioramento genetico, peronospora, oidio, marciume nero

SPECIE: *Vitis vinifera*, *Plasmopara viticola*, *Erysiphe necator*, *Guignardia bidwellii*

Micropropagazione di *Vaccinium* per il *breeding* e la conservazione di germoplasma presso FEM

.....
KAREN ELIZABETH WELLS
MONICA CATTANI
LARA GIONGO

La micropropagazione è uno strumento chiave per propagare, conservare e scambiare il germoplasma del mirtillo. Rappresenta quindi una tecnica ed un processo indispensabile sia nel mantenimento del germoplasma e della sua biodiversità, sia nei processi di *pre-breeding* e *breeding*.

Il fatto che i metodi convenzionali di propagazione vegetativa dei nuovi rilasci mediante talee, legnose o semi-

legnose, siano lenti e laboriosi, converte la micropropagazione in uno strumento rilevante per il processo di miglioramento genetico delle piante. I metodi di coltura dei tessuti consentono la contemporanea propagazione e conservazione delle accessioni in vitro migliorando la sicurezza del germoplasma selezionato, fonte di nuovi caratteri.

Le tecniche di coltura tissutale per la rigenerazione dei germogli ascel-



lari e avventizi sono state sviluppate con successo variabile per le specie *Vaccinium*: si sono concentrate in particolare su *V. corymbosum*, ma nel momento in cui la complessità di ibridazione e introgressione di nuove specie di *Vaccinium* hanno reso geneticamente più complesse le nuove varietà, è diventata indispensabile una maggiore conoscenza dei protocolli e dell'interazione del genotipo con i fattori relativi della tecnica.

Tali fattori, il mezzo di coltura, lo stato fisiologico della pianta donatrice, l'organo vegetale utilizzato come espianto, sono altamente dipendenti dai regolatori della crescita della pianta e questa dipendenza, genotipo specifica, rende indispensabile conoscerne le interazioni per poter ottenere rese propagative adeguate ai diversi processi.

Per l'Unità di Genetica e miglioramento genetico dei piccoli frutti, la micro-propagazione applicata alla diversità

dei genotipi è un'attività integrante sia del mantenimento del germoplasma, in particolare di quelle accessioni che poco si adattano all'ambiente di collezione e quindi necessitano di maggiori cure di rigenerazione, sia per il *breeding*, in particolare nella riproduzione delle "Elite Lines" e selezioni avanzate, per garantire il primo stadio di riproduzione e per salvaguardare le linee in termini di corrispondenza genetica.

La scelta prioritaria di questa tecnica è anche rappresentata dal fatto che essa consente di operare in termini di sanità fitosanitaria maggiore di altre, il che permette di ottenere materiali vegetali più sicuri, in riferimento soprattutto a potenziali presenze di virus.

Tra il 2020 ed il 2022 si sono introdotte in coltura *in vitro* 329 linee totali; 483 linee totali sono state moltiplicate, per produrre circa 16.000 piante *in vitro*.

Maggiori informazioni su ISHS Acta Horticulturae (2012)
946: 129-134. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2012.946.18>

PAROLE CHIAVE: coltura *in vitro*, moltiplicazione, mirtillo
SPECIE: *Vaccinium* spp.



Migliorare la qualità e conservabilità del mirtillo con una gestione accurata del post-raccolta

I mirtilli sono frutti altamente deperibili durante la fase di post-raccolta. Il decadimento e la disidratazione, causati da stress abiotici e biotici, provocano l'ammorbidimento e l'avvizzimento della bacca e, di conseguenza, ne riducono la conservabilità e la qualità organolettica. Pertanto, è necessario lo sviluppo di strategie innovative per aumentare la conservabilità, senza tralasciare la qualità organolettica del frutto. Una maggiore conoscenza della variabilità genetica all'interno del germoplasma di mir-

tillo e delle relazioni genetiche tra i materiali da utilizzare nelle attività di miglioramento genetico, possono essere un importante supporto per ottimizzare le strategie di conservazione. La nostra attività di ricerca è orientata all'ottimizzazione delle tecniche di conservazione del mirtillo considerando l'alta variabilità dei principali tratti qualitativi del frutto riscontrata all'interno del germoplasma. Per questo scopo è stata valutata un'ampia collezione di germoplasma di mirtillo, comprendente diverse specie e ibridi

.....
BRIAN FARNETI
MATTEO AJELLI
MONICA CATTANI
LARA GIONGO



interspecifici, applicando differenti strategie di fenotipizzazione avanzate (es. PTR-ToF-MS, *Texture analyzer*). L'ereditabilità di tali caratteri qualitativi connessi alla strategia di conservazione è stata successivamente valutata su una popolazione segregante.

La variabilità osservata alla raccolta, sia per la texture che per il profilo aromatico, è stata significativamente ampliata durante la conservazione dei frutti, in particolar modo in condizioni di atmosfera controllata. Per la maggior parte delle accessioni di mirtillo la riduzione dell'ossigeno atmosferico ha permesso un minore decadimento della texture e di perdita di acqua e, allo stesso tempo, ha alterato significativamente il profilo aromatico del frutto, aumentando la concentrazione di esteri fruttati come l'etilacetato o l'isovalerato di etile. A nostro avviso, la sintesi di questi composti può essere il risul-

tato di processi genotipo-specifici volti a prevenire l'eccessivo accumulo di etanolo e acetaldeide, causato dallo stress anossico. In aggiunta, i risultati di queste prove hanno rivelato un'elevata variabilità nella produzione di etilene tra i genotipi. Queste differenze nella produzione di etilene sembrerebbero legate alla conservabilità dei frutti del mirtillo e collegate ad alterazioni del sapore e della consistenza. In particolare, le accessioni di mirtillo caratterizzate dalla più alta produzione di etilene hanno mostrato anche un maggiore decadimento della consistenza della bacca durante la conservazione. I nostri risultati supportano la possibilità di personalizzare strategie di pre-raccolta e post-raccolta ad hoc per prolungare la durata e la qualità del mirtillo in base anche al livello di produzione endogena di etilene di ciascuna cultivar.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Plant Science* (2022) 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.813863>

PAROLE CHIAVE: post-raccolta, qualità, mirtillo

SPECIE: *Vaccinium* spp.





Breeding di mirtillo gigante e lampone: le nuove varietà di FEM

I programmi di miglioramento genetico di mirtillo e lampone FEM sono recenti, ma hanno già iniziato a produrre materiali innovativi per i coltivatori in diversi ambienti e per diversi sistemi di coltivazione. *Speed* e *shuttle breeding* sono gli approcci di sistema per entrambi i programmi: consentono di abbreviare i cicli di generazione e di rendere il processo sostenibile, scegliendo le procedure di manipolazione delle piante più adatte per accelerare potenzialmente tutte le fasi di produzione del semenzale sino al *trial* multiambientale. Inoltre, robusti biomarcatori e specifici parametri di consistenza e sapore sono stati sviluppati dall'unità Genetica e miglioramenti genetici piccoli frutti e utilizzati quali migliori strumenti, fino a quando non saranno disponibili altrettanto robusti marcatori molecola-

ri associati a tratti chiave, per indirizzare e assistere la selezione.

Negli ultimi tre anni, il programma di miglioramento genetico del lampone è stato largamente superato da quello del mirtillo. Quest'ultimo si basa su un *turnover* di 20.000 semenzali all'anno, in diverse aree europee e con sperimentazioni su diversi ambienti e sistemi di coltivazione. Il genere *Vaccinium* offre un enorme potenziale per l'introggressione di geni e lo sviluppo di nuovi fenotipi. Nel 2022, il guadagno genetico all'interno del programma di miglioramento genetico dei mirtilli è stato migliorato più del previsto per quelle sotto-componenti specifiche che riteniamo siano al momento una rappresentazione ragionevole della qualità dei frutti di mirtillo. Il peso della singola bacca, il contenuto di zucchero, la

.....
LARA GIONGO

durezza, l'elasticità della buccia e anche una nuova misurazione che abbiamo definito per i fenotipi croccanti, sono aumentati in modo significativo. Anche per la perdita di peso e le diverse sottocomponenti che definiscono la consistenza durante il post-raccolta, il guadagno genetico è stato notevolmente migliorato nello stesso *pool*.

L'ibridazione dei mirtilli è un processo a lungo termine e crediamo che solo un approccio integrato al *breeding*, fortemente basato sulla scienza ma strettamente connesso con l'industria, possa sostanzialmente migliorare o cambiare la qualità dei frutti di mirtillo in nuovi prodotti per coltivatori e consumatori. Questa integrazione include quindi per il programma di miglioramento genetico FEM una connessione forte e reciproca con le parti interessate del programma e finanziatori, che con la loro elevata esperienza nella produ-

zione contribuiscono efficacemente, in particolare, a confermare le interazioni genotipo - ambiente ("GxE") che devono essere sperimentate prima che una cultivar venga rilasciata e fissare la soglia dei loro requisiti specifici per un materiale innovativo.

Le sei cultivar di mirtillo rilasciate da FEM sono: 'Gaia' per produzioni precoci settentrionale, 'Abundia' per il potenziale produttivo precoce meridionale, 'Creativa' varietà jumbo precoce, 'Maia' particolarmente aromatica e precoce, 'Musa' precoce in condizioni meridionali e 'Perla' molto omogenea. Di lampone la cultivar 'Janis' è di tipologia rifiorante e buona qualità del frutto. Dalla registrazione, procedono intense valutazioni delle interazioni GXE, sia durante la loro crescita che in post-raccolta, al fine di massimizzare le informazioni per i coltivatori e i partner dei programmi.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su
Postharvest Biology and Technology (2022) 183, 111696.
<https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2021.111696>

PAROLE CHIAVE: miglioramento genetico, mirtillo, lampone
SPECIE: *Vaccinium corymbosum*, *Vaccinium* spp., *Rubus idaeus*



Il melo e la favola della bella addormentata: identificato il gene che controlla la dormienza del melo

MIRKO MOSER
ELISA ASQUINI
GIULIA VALENTINA MIOLLI
KATHLEEN WEIGL*
MAGDA-VIOLA HANKE*
HENRYK FLACHOWSKY*
AZEDDINE SI AMMOUR

* Julius Kühn-Institut (JKI), Germania

L'unità Epigenetica delle piante della Fondazione Edmund Mach, in collaborazione con il Julius Kühn-Institut (JKI, Germania), ha sviluppato un'attività di ricerca che ha permesso di identificare e caratterizzare il gene che controlla la dormienza delle gemme nel melo durante la stagione invernale. Questo gene codifica un fattore di trascrizione MADS-box noto per essere un regolatore principale dell'espressione genica nelle piante. Il lavoro di ricerca è iniziato dall'osservazione che alcune cultivar di mele,

come ad esempio la 'Golden Delicious' la cui coltivazione è ampiamente diffusa, richiedono, per poter fiorire in primavera, migliaia di ore di esposizione a temperature fredde, mentre altre varietà coltivate in climi più caldi ne richiedono molte meno. Questo indica chiaramente che la dormienza nel melo è sotto controllo genetico. Utilizzando sofisticati strumenti di genomica funzionale è stato possibile identificare il gene del melo MdDAM1 (per *Malus domestica* Dormancy-Associated MADS-box 1) e dimostrare che



esso è il regolatore genetico chiave della dormienza delle gemme. Inoltre MdDAM1 controlla anche la schiusura delle gemme in primavera. È molto sensibile ai parametri ambientali, soprattutto alle basse temperature, per garantire che la crescita del melo venga completamente arrestata in inverno. Il processo di germogliamento in primavera si correla perfettamente con il completo silenziamento di MdDAM1. Questo dimostra che le cultivar di mele in cui MdDAM1 è molto basso, o non è affatto presente, fioriscono molto presto nella stagione o rimangono verdi tutto l'anno, anche durante la dura stagione invernale.

Oltre all'uso di MdDAM1 come marcatore genetico per produrre meli con un basso fabbisogno di freddo, questa scoperta può essere sfruttata per rallentare la schiusura delle gemme in primavera al fine di evitare che il gelo distrugga i fiori, compromettendo la produzione di mele. Questa conoscenza è estremamente importante per iniziare a produrre varietà di mele in grado di resistere ai cambiamenti climatici, poiché le temperature elevate in inverno possono inibire la dormienza delle gemme e compromettere il processo di rottura delle gemme quando arriva la primavera.

A sinistra: meli sempreverdi (MdDAM1 silenziato) mantengono la chioma fogliare in inverno.

A destra: meli sempreverdi fioriscono in anticipo in primavera

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Plant Sciences* (2020) 11.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01003>

PAROLE CHIAVE: melo, dormienza, MADS-box gene
SPECIE: *Malus domestica*



Progetto SIRNACIDE: un nuovo pesticida a base di RNAi contro la peronospora della vite

MAURIZIO MASCARELLO
ELISA ASQUINI
MIRKO MOSER
AZEDDINE SI AMMOUR

Come dichiarato negli obiettivi del millennio delle Nazioni Unite, una delle maggiori sfide per l'umanità è la riduzione della fame entro il 2030 e la garanzia di cibo per gli attesi 8,3 miliardi di persone nel mondo. Di conseguenza, si prevede un significativo aumento dell'uso di pesticidi sintetici al fine di ottimizzare la resa delle colture. Tali pesticidi comportano, tuttavia, gravi effetti negativi sulla salute ambientale e umana.

La frutta e in particolare l'uva sono tra le colture che richiedono l'uso più abbondante di fungicidi, soprattutto contro la peronospora, causata dal patogeno oomicete *Plasmopara viticola*. Si stima che due terzi di tutti i fungicidi sintetici attualmente impiegati in agricoltura nell'Unione europea vengano utilizzati per controllare la peronospora della vite. Di

conseguenza, *P. viticola* è diventata recentemente resistente a molti fungicidi. Pertanto, la ricerca e lo sviluppo di strategie alternative per controllare le infezioni da *P. viticola* sono urgenti.

In alternativa all'uso di sostanze chimiche tossiche, viene proposto un nuovo tipo di prodotto fitosanitario basato sull'azione di piccoli RNA (siRNA) interferenti rivolti specificamente a *P. viticola*. Questo nuovo tipo di fungicida è composto da vescicole organiche e biodegradabili che saranno sintetizzate a partire da materiale a base di alghe e che contengono i piccoli RNA interferenti (siRNA) che mirano specificamente a *P. viticola* senza danneggiare nessun altro organismo vivente.

Le vescicole contenenti siRNA verranno applicate direttamente sul campo utilizzando una tecnologia chiamata Spray Inducible Gene Silencing (SIGS). Questo nuovo tipo di prodotto agisce per contatto, ovvero si lega direttamente al patogeno e ne arresta la crescita bloccando l'infezione. Agisce in modo simile ai fungicidi da contatto, ma senza la tossicità e la nocività per l'ambiente note per i prodotti chimici attualmente utilizzati. Il progetto SIRNACIDE è finanziato da EUREGIO (IPN178, GECT Euregio science fund - 4th call).



Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Plant Sciences* (2021) 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.714116>

PAROLE CHIAVE: peronospora, vite, silenziamento
SPECIE: *Plasmopara viticola*, *Vitis vinifera*



Biotremologia applicata: soluzioni agricole eco-compatibili contro gli insetti dannosi

Il controllo degli insetti dannosi in agricoltura da tempo si basa principalmente sull'uso di sostanze chimiche di sintesi, che possono determinare ricadute negative su ambiente, salute umana e biodiversità. Un'alternativa sostenibile ai comuni pesticidi è la manipolazione del comportamento degli insetti, utilizzando segnali specie-specifici per diminuire selettivamente la densità delle popolazioni portando il danno alle colture al di sotto delle soglie economiche. Un esempio è la confusione sessuale con i feromoni, una tecnica ampiamente utilizzata per controllare tignole e altri parassiti. Tuttavia, in molte specie di insetti i comportamenti chiave, come la riproduzione, sono mediati da segnali vibrazionali che si trasmettono attraverso il substrato su cui vivono, ad esempio le piante ospiti. In questo quadro, lo sviluppo di innovative tecniche di manipolazione comportamentale, attraverso l'applicazione di segnali vibrazionali, costituisce un obiettivo primario per ampliare la proposta di strategie di difesa eco-compatibili.

La ricerca in biotremologia, lo studio della comunicazione vibrazionale, ha un carattere ampiamente multidisciplinare in cui gli entomologi sono

affiancati da ingegneri meccanici ed elettronici per sviluppare e ottimizzare i dispositivi per la trasmissione dei segnali con cui applicare le tecniche di controllo nei confronti di una determinata specie bersaglio. Una di queste tecniche è la "confusione sessuale vibrazionale", che è stata sviluppata la prima volta contro la cicalina della vite, *Scaphoideus titanus*, vettore di una pericolosa malattia nota come flavescenza dorata.

Nel 2017, per la prima volta al mondo, questa tecnica è stata applicata in un vigneto sperimentale a San Michele all'Adige, attraverso l'allestimento di una rete di emettitori di vibrazioni che sono stati fissati ai pali di sostegno delle viti. Il risultato immediato è stata una riduzione di circa il 50% della popolazione di questo insetto sin dal secondo anno di applicazione. Una seconda applicazione è stata l'utilizzo di vibrazioni trasmesse da speciali piattaforme (*vibroplates*) in sinergia con l'applicazione di estratti vegetali su piante di pomodoro e zuccino per ridurre l'infestazione della mosca bianca, *Trialeurodes vaporariorum*.

Le vibrazioni possono essere utilizzate anche per attrarre i parassiti nelle trappole, come nel caso della trasmissione di segnali per la cattura della ci-



Set up sperimentali per lo studio della comunicazione vibrazionale degli insetti. Il laboratorio di biotremologia applicata con il laser Doppler vibrometro puntato sulla foglia di una pianta, uno strumento di precisione che permette di registrare i segnali vibrazionali. Un mini-shaker è posto in contatto con una foglia per riprodurre sulla pianta le vibrazioni

RACHELE NIERI*
IMANE AKASSOU*
SABINA AVOSANI
VALENTINA ZAFFARONI CAORSI
VALERIA FATTORUSO*
ALICE BERARDO
VALERIO MAZZONI

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

mice asiatica, *Halyomorpha halys*. Le trappole bimodali (feromone + vibrazioni) realizzate contro questa cimice hanno mostrato un'alta efficacia rispetto ai prodotti commerciali, tanto che le nuove trappole sono state rese disponibili per il mercato quando ancora parte della sperimentazione era in corso.

In conclusione, la biotremologia ha un enorme potenziale applicativo per la difesa delle colture, sia per lo sviluppo di nuove tecnologie sia ad integrazione di metodi e/o strategie già disponibili, grazie a cui sarà possibile allargare il pacchetto di soluzioni sostenibili a disposizione degli agricoltori.

Maggiori informazioni si possono trovare su *Entomologia Generalis* (2022) 42, 2: 167-183. <https://doi.org/10.1127/entomologia/2021/1236>



PAROLE CHIAVE: difesa delle piante, segnali vibrazionali, manipolazione comportamentale, cicalina della vite, mosca bianca, cimice asiatica

SPECIE: *Scaphoideus titanus*, *Trialeurodes vaporariorum*, *Halyomorpha halys*

Specie aliene invasive e biocontrollo

VALERIO ROSSI STACCONI
LIVIA ZAPPONI
CLAUDIO IORIATTI
OMAR ROTA STABELLI*
VALERIO MAZZONI
GIANFRANCO ANFORA*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

Nemici naturali delle IAS.

A sinistra: *Ganaspis brasiliensis* su mirtillo infestato da *Drosophila suzukii*.

A destra: *Trissolcus japonicus* su ovatura di cimice asiatica

Le specie aliene invasive (IAS) sono uno dei maggiori fattori di rischio per l'agricoltura, l'ambiente e la biodiversità. Le IAS proliferano per l'assenza di limitatori naturali specializzati nelle aree invase. Per contenerne la dannosità in modo sostenibile è possibile ristabilire l'equilibrio naturale mediante la lotta biologica classica, vale a dire il rilascio di antagonisti specifici identificati nelle zone di origine.

In Trentino sono attivi programmi di lotta biologica classica alla cimice asiatica (*Halyomorpha halys*) ed al moscerino dei piccoli frutti (*Drosophila suzukii*) partiti rispettivamente nel 2020 e 2021 nell'ambito delle campa-

gne nazionali di controllo di queste IAS. I nemici naturali impiegati sono due microvespe: *Trissolcus japonicus* (vespa samurai), che parassitizza le uova della cimice, e *Ganaspis brasiliensis*, che attacca le giovani larve del moscerino. Nei laboratori FEM sono stati avviati allevamenti massali di questi nemici naturali, per supportare rilasci inoculativi destinati alle maggiori aree frutticole provinciali.

La campagna di monitoraggio che ha accompagnato i tre anni di rilasci di *T. japonicus* (2020-2022), ha confermato l'insediamento sul territorio provinciale, con una tendenza alla crescita sia della dispersione sul ter-



ritorio, sia dell'impatto sulle uova di cimice asiatica. Nel 2022 infatti *T. japonicus* è stato ritrovato nel 53% dei siti di rilascio ed in tali siti alla fine della stagione è stato registrato un tasso di parassitizzazione delle uova di cimice pari al 29%, confermando quindi l'andamento crescente dal 2020 ad oggi. A fronte di questo aumento della parassitizzazione è stata registrata una riduzione della superficie a melo trattata e del numero di trattamenti specifici nei confronti della cimice. Il monitoraggio ha inoltre permesso di registrare la presenza e l'espansione di un altro parassitoide esotico della cimice asiatica, *Trissolcus mitsukurii*. Parallelamente alle attività di controllo biologico, è stato anche sequenziato il genoma di individui di *T. japonicus* campionati in Trentino: questi dati permettono di ricostruire la demografia del parassitoide in campo e gettano le basi per futuri

studi di ottimizzazione del parassitoidi tramite allevamenti e incroci assistiti dalla genomica.

Per quanto riguarda la lotta biologica a *D. suzukii*, nell'agosto 2021 sono iniziati i rilasci di *G. brasiliensis* in 12 siti del territorio provinciale, successivamente aumentati a 20 nella campagna 2022. I monitoraggi effettuati nelle due stagioni hanno confermato la capacità del parassitoide di sopravvivere alla stagione invernale, suggerendo l'esito positivo del suo insediamento in vari siti di rilascio. Altro risultato degno di nota riguarda la presenza crescente di un secondo antagonista esotico di *D. suzukii*, *Leptopilina japonica*, già segnalato in Trentino dal 2019. Nei siti di rilascio monitorati i dati hanno mostrato un aumento dell'incidenza di attacco sulle larve di *D. suzukii* da parte dei due parassitoidi esotici, passando dal 6.06% nel 2021 al 15.12% nel 2022.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su BioControl (2023) 68, 1-12. <https://doi.org/10.1007/s10526-022-10174-2>



PAROLE CHIAVE: cimice asiatica, moscerino piccoli frutti, vespa samurai

SPECIE: *Halyomorpha halys*, *Drosophila suzukii*, *Trissolcus japonicus*, *Ganaspis brasiliensis*, *Trissolcus mitsukurii*, *Leptopilina japonica*

Strategie di difesa sostenibili

In base al Regolamento Europeo sull'uso sostenibile dei prodotti fitosanitari, rendere i piani di difesa delle colture più sostenibili è una sfida estremamente attuale. Lo scopo principale sarà la riduzione dell'uso di prodotti fitosanitari di sintesi chimica e dei fertilizzanti e, nel contempo, quello di incrementare la produzione agricola proteggendo le risorse naturali (acqua e suolo), riducendo l'uso di fonti energetiche fossili.

A tal fine, sono state sviluppate quattro sostanze (tre estratti vegetali e uno zucchero raro) alternative al rame, che è tuttora un fungicida cardine, ma destinato alla sostituzione. I

quattro prodotti alternativi sono stati sviluppati da tre aziende europee leader di mercato. Partendo da valutazioni di compatibilità con prodotti commerciali e di efficacia in condizioni controllate, sono state ottimizzate delle strategie a basso dosaggio di rame in combinazione con prodotti alternativi in tre stagioni produttive in vigneto. Alcune di queste strategie hanno evidenziato un'elevata efficacia contro le infezioni di peronospora, senza effetti negativi sulla qualità dell'uva e sul processo di vinificazione. La bassa stabilità protettiva nel tempo rimane un limite che potrà essere migliorato con la formulazio-

OSCAR GIOVANNINI
CARMELA SICHER
MICHELE PERAZZOLLI*
ILARIA PERTOT*
GERARDO PUOPOLO*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento



ne. Le attività di ricerca hanno inoltre determinato il miglior dosaggio e tempo di applicazione di ulteriori estratti vegetali in condizioni controllate, mostrando un'efficacia simile al rame se applicati il giorno antecedente l'infezione. Prove di stabilità hanno mostrato che la maggior parte dei formulati valutati è particolarmente sensibile a dilavamento, uno dei principali limiti dei biofungicidi. Inoltre, la loro combinazione con bassi dosaggi di rame non sempre ha evidenziato un effetto sinergico.

Alle attività di valutazione è seguita la caratterizzazione del meccanismo di azione dei principi attivi dei formulati più efficaci, dimostrando l'attività tossica dei principi attivi contro *Plasmopara viticola* e la loro capacità di stimolare meccanismi di resistenza in pianta, quale la produzione di callosio e di specie reattive dell'ossigeno.

I risultati hanno quindi dimostrato che le nuove sostanze attive sono in grado di proteggere la vite contro peronospora mediante un'attività diretta contro gli sporangi e l'attivazione di meccanismi di resistenza in foglie di vite. La riduzione dei prodotti fitosanitari in agricoltura non si basa solo sulla loro sostituzione con molecole di origine naturale, ma può beneficiare anche di strumenti che ne permettono la corretta ed efficace tempistica di applicazione attraverso l'uso di modelli che possono fornire un supporto decisionale all'agricoltore. I modelli sono tanto più precisi, quanto più sono dettagliate le informazioni utilizzate per la loro produzione. A tal fine, è in corso uno studio volto a determinare la dinamica di maturazione delle oospore di *P. viticola* in campo e consentire una modellizzazione più accurata del rischio di infezioni primarie.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Biocontrol Science and Technology* (2022) 32 (8): 930-951.

<https://doi.org/10.1080/09583157.2022.2064431>

PAROLE CHIAVE: protezione sostenibile delle colture, biofungicidi, difesa delle piante, peronospera

SPECIE: *Vitis vinifera*, *Plasmopara viticola*





Interazione pianta-microrganismi e stimolazione delle difese

Le comunità microbiche associate alle piante interagiscono con il loro ospite e contribuiscono allo stato di salute e alla produttività delle colture. Le analisi di metatassonomica hanno dimostrato la presenza di specifiche comunità fungine e batteriche associate ai diversi tessuti (corteccia, foglie, fiori e frutti) di piante di melo. Tali risultati hanno suggerito che il tessuto vegetale esercita una selezione del microbiota con un progressivo cambiamento delle comunità dalla messa a dimora delle piante allo sviluppo del frutteto. Queste analisi hanno inoltre evidenziato che le pratiche agronomiche possono influenzare la composizione delle comunità microbiche e che la riduzione dell'uso di fungicidi può influenzare l'abbondanza di alcuni potenziali agenti di malattie secon-

darie del melo. Ulteriori risultati hanno dimostrato che il trattamento con molecole naturali a base di proteine o zuccheri può modificare la composizione delle comunità microbiche indigene associate alle piante, aumentando la frequenza di agenti di biocontrollo. Questo approccio rappresenta quindi una nuova strategia di controllo biologico, basata sull'applicazione di prodotti prebiotici in grado di modificare il microbiota vegetale indigeno.

La comprensione delle interazioni pianta-microrganismo ha consentito la caratterizzazione di approcci sostenibili per promuovere la crescita e la difesa delle piante contro gli stress biotici e abiotici. In particolare, sono stati caratterizzati i meccanismi d'azione di batteri endofiti e sono stati identificati i processi chiave (geni e

CLAUDIA MARIA LONGA
OSCAR GIOVANNINI
CARMELA SICHER
ILARIA PERTOT*
GERARDO PUOPOLO*
MICHELE PERAZZOLLI*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento

metaboliti) responsabili della promozione della crescita delle piante e dell'aumento della tolleranza contro gli stress abiotici derivati dai cambiamenti climatici. Sono stati inoltre sviluppati dei prototipi di formulazione dei batteri assieme ad acidi umici oltre a strategie di inoculo mediato da insetti utili, al fine di migliorare l'efficacia dei biofertilizzanti e aumentare la fertilità microbiologica del suolo. Per comprendere i meccanismi di comunicazione sono state identificate molecole solubili e volatili coinvolte nelle interazioni pianta-microorganismo e pianta-pianta e sono state sviluppate nuove strategie di protezione

delle piante mediante l'applicazione di composti organici volatili (biofumigazione) e di molecole segnale responsabili della comunicazione microbica (*quorum sensing* e socio-microbiologia). In particolare, l'applicazione di induttori di natura chimica e/o biologica in grado di attivare le difese della pianta ha dimostrato un'attività ad ampio spettro contro stress biotici e abiotici, suggerendo che l'interazione tra più stimoli e il contributo del genotipo della pianta devono essere considerati per una maggiore efficacia nell'induzione della resistenza delle piante e la mitigazione degli stress.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Microbiology* (2021) 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.725403>

PAROLE CHIAVE: microbioma delle piante, induzione di resistenza, mitigazione degli stress

SPECIE: *Malus domestica*



Vigneto e laboratorio smart

ROBERTO ZORER
LUCA DELUCCHI

Nel corso del 2021, all'interno del campus della Fondazione Edmund Mach è stato realizzato un vigneto sperimentale dedicato all'agricoltura di precisione, che ospiterà nei pros-

simi anni gran parte delle attività di ricerca e sperimentazione innovative in ambito digitale.

Il vigneto 4.0 è stato messo a punto per facilitare l'installazione, l'alimen-



tazione e la trasmissione di dati da parte di prototipi sviluppati in FEM o in collaborazione con aziende ed enti di ricerca nazionali ed internazionali. È dotato di allacciamento all'energia elettrica, linee di alimentazione a bassa tensione, copertura WiFi e LoRaWAN per la ricezione di informazioni mediante segnali radio a lunga distanza provenienti da sistemi di raccolta e trasmissione dati del terreno, delle piante e dell'ambiente. Non essendo necessari pannelli fotovoltaici, batterie o modem, le dimensioni e di conseguenza l'ingombro dei sistemi di acquisizione sono ridotti al minimo. Questo li rende meno impattanti sulla gestione ordinaria degli appezzamenti.

La prima installazione smart è stata una mini stazione fenologica: un dispositivo per la raccolta automatizzata di immagini, di dati di temperatura, umidità dell'aria e bagnatura fogliare e l'invio degli stessi ad un server remoto. Dati ed immagini servono a seguire in continuo lo sviluppo della vegetazione ed a modellizzare i momenti più importanti da un punto di vista viticolo-enologico quali: germogliamento delle gemme e crescita degli apici, fioritura, allegagione (formazione degli abbozzi di acini), invaiatura (cambiamento della colo-

razione e consistenza delle bacche), maturazione, senescenza. La conoscenza delle fasi di sviluppo della vegetazione permette di supportare le allerte gelate e gli interventi gestionali in campo quali i trattamenti fitosanitari, l'irrigazione, la gestione a verde della chioma, la programmazione della vendemmia.

L'attività di sviluppo di strumenti da installare in campo è facilitata dalla presenza in FEM di un laboratorio di prototipazione dotato di stampante 3D, plotter di taglio/incisione laser, micro fresatrice, stazione saldante ed attrezzature varie da officina leggera. Il gruppo si avvale inoltre della collaborazione con l'Unità di Agrometeorologia e Sistemi Informatici del Centro Trasferimento Tecnologico FEM, Università di Trento, FBK, con la rete di aziende coordinate da Trentino Sviluppo e Hub Innovazione Trentino ed infine della comunità internazionale di sviluppo di dispositivi e software liberi (ad esempio Arduino).

Alcuni dispositivi FEM sono già in fase di sperimentazione di campo, sia presso il vigneto smart, che in aziende del territorio. Inoltre il vigneto dimostrativo di FEM è a disposizione per attività di prova e validazione di sistemi sviluppati da altre realtà produttive innovative.

PAROLE CHIAVE: agricoltura digitale, Internet of Things, vigneto intelligente

Mini stazione fenologica

La conoscenza delle fasi di sviluppo delle colture in pieno campo è cruciale per l'adeguata gestione, ma anche per la valutazione delle anomalie climatiche e della variabilità fenologica interannuale. Allo stadio di sviluppo raggiunto sono legati ad esempio il rischio gelate, la difesa fitosanitaria, la gestione irrigua, i modelli di maturazione e l'organizzazione della raccolta.

Al giorno d'oggi esistono diversi strumenti che possono assistere

nelle attività di rilevamento, quali app per smartphones, quaderni di campagna informatizzati e stazioni di rilievo innovative. Sulla base dei risultati del progetto EIT Climate-KIC "PhenoPiCam" (in collaborazione con CNR-Ibe di Firenze e YetiSystems di Pineta di Laives), è stato sviluppato un nuovo prototipo, basato sulla computer board Raspberry Pi zero W per la raccolta ed invio delle immagini tramite WiFi e sul micro-controller Arduino MKR WAN per il rilevamen-

ROBERTO ZORER
LUCA DELUCCHI



to di temperatura e umidità relativa dell'aria, acquisite mediante termometro digitale e infine bagnatura fogliare, rilevata da un sensore capacitivo. I modelli di Arduino MKR 1300 e 1310 utilizzano il protocollo LoRaWAN (Long Range and Wide Area Network) per l'invio dei dati su una banda radio ISM (Industriale, Scientifica e Medica) libera.

LoRaWAN è progettata per consentire comunicazioni a lungo raggio e basse velocità di trasmissione (bit rate) tra dispositivi elettronici. I vari componenti sono montati su una scheda a circuito stampato (PCB) progettata e realizzata da FEM, denominata 'Raspberrino' per la proprietà di alloggiare sulla stessa scheda sia Raspberry

Pi che Arduino e di permettere la comunicazione seriale tra i due dispositivi. La stazione è alimentata a bassa tensione tramite regolatori di tensione ed un dispositivo elettronico per l'accensione temporizzata del sistema. Alcune componenti sono state appositamente disegnate e stampate in 3D. La prima implementazione in campo del prototipo ha interessato il "vigneto smart" della Fondazione Edmund Mach a San Michele all'Adige. Il nuovo prototipo ha permesso di acquisire serie giornaliere di immagini, che hanno documentato l'intero periodo vegetativo della vite e dati di temperatura che serviranno per attività di modellizzazione della fenologia.

PAROLE CHIAVE: fenologia, Raspberry Pi, Arduino

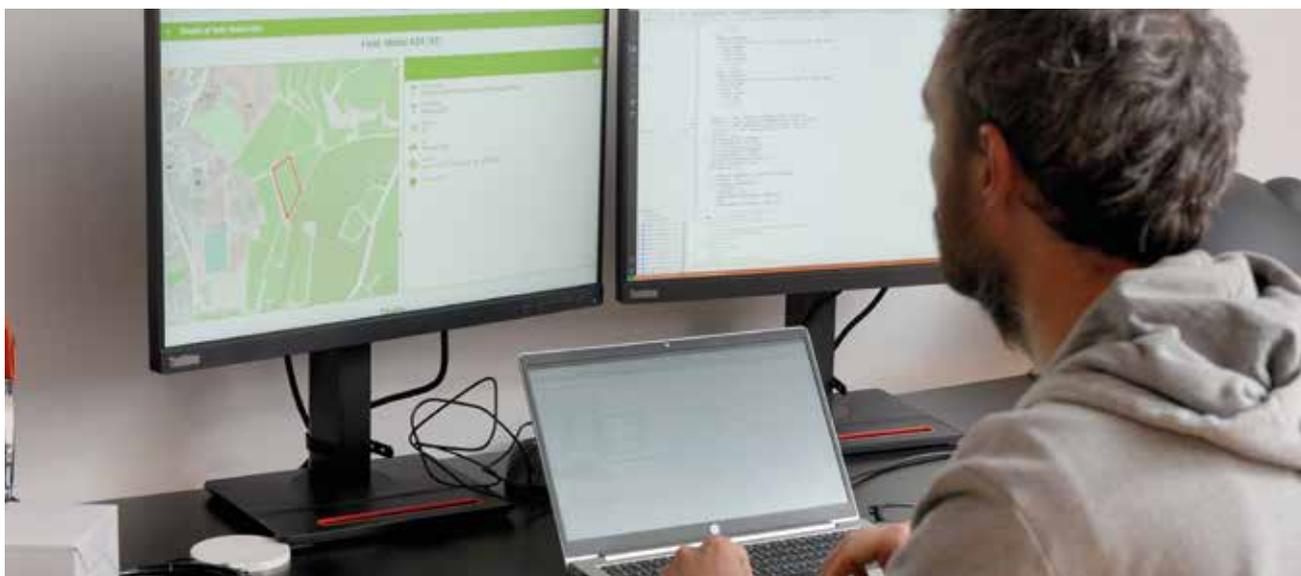
DigiAgriApp, monitorare il proprio campo in maniera digitale

.....
LUCA DELUCCHI
ROBERTO ZORER
ANDREA PAOLI

Dopo la creazione del Vigneto Smart all'interno del campus della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige abbiamo sentito la necessità di disporre di un sistema in grado di salvare e mostrare i dati di campo. Con la creazione dell'Unità di Agricoltura Digitale è nata DigiAgriApp, una

soluzione software che può essere facilmente adattabile a diverse situazioni, dall'orto di casa fino a un campo commerciale, passando per quello sperimentale.

Il software è composto da un database relazionale, basato sul Database Management System PostgreSQL,



su cui vengono salvati tutti i dati: quelli anagrafici dei campi e appezzamenti fino ad arrivare alle singole piante, le colture presenti, le diverse operazioni svolte, le irrigazioni, la produzione, immagini raccolte mediante dispositivi mobili, ma anche dati ricevuti da stazioni meteo in loco e da sensori remoti (droni e/o satelliti).

L'interfaccia utente principale è un'applicazione multiplatforma, sia per dispositivi mobili che fissi, ma è possibile accedere e gestire i dati anche attraverso un sito web, oppure aggiungere o modificare le geometrie di campi, appezzamenti, filari e piante utilizzando il software QGIS e interagendo con il database tramite un plugin sviluppato ad hoc.

Una delle caratteristiche peculiari dell'applicazione è la multiscalarità, ossia la possibilità di integrare dati puntuali, dati telerilevati prossimali (droni o strumenti dotati di gps) e remoti (satellitari) collegati agli appezzamenti fino ad arrivare alle singole piante, per alimentare futuri modelli a supporto delle decisioni (DSS).

Il progetto è stato selezionato e finanziato all'interno del 10° Bando Fondazione VRT Mountain Innovators che permetterà di rendere più stabili tutti i componenti legati al salvataggio dei dati e aggiungere nuove funzionalità all'interfaccia utente.

Il codice sorgente dell'applicazione è rilasciato con licenza Libera e Open Source, una soluzione non comune per software simili.

PAROLE CHIAVE: agricoltura digitale, dati, app

Un nuovo approccio per il calcolo di indici termici di stress idrico

La valutazione dello stato idrico e dei fabbisogni irrigui delle principali colture su scala territoriale è di crescente interesse ed attualità a causa del regime delle precipitazioni mutato, sia nella frequenza degli eventi che nell'intensità.

Già a partire dai primi anni '80 del secolo scorso sono stati introdotti indici di stress idrico basati sulla temperatura fogliare, che al giorno d'oggi, grazie all'avvento di nuove tecnologie di sensoristica (termometri all'infrarosso, camere termiche e multispettrali)

ROBERTO ZORER
LUCA DELUCCHI



e di telerilevamento prossimale (Sistemi Aeromobili a Pilotaggio Remoto - SAPR, rover telepilotati) e remoto (NASA MODIS Land Surface Temperature, Copernicus Sentinel-3) stanno trovando nuovi campi applicativi e rinnovato interesse.

A partire dal rilevamento della temperatura fogliare e delle chiome ed attraverso il calcolo di indici di conduttanza stomatica, è possibile infatti individuare precocemente ed in modo non invasivo situazioni di variabilità termica e fisiologica all'interno delle colture, che nel lungo periodo possono portare all'insorgere di differenze di vigoria e di produzione.

La possibilità di rilevare sul nascere situazioni di deficit e/o stress idrico può essere cruciale per la programmazione di interventi irrigui tempestivi, che riducano il rischio di perdita di quantità o di qualità della produzione, preservando al tempo stesso la risorsa idrica.

Uno degli indici più utilizzati è il Crop Water Stress Index - CWSI, codificato da Idso *et al.* nel 1981, che include tra le variabili le temperature fogliari, sia

in condizioni di stress, sia di idratazione non limitante. Tali valori sono tradizionalmente derivati in modo empirico, sulla base delle temperature osservate in campo oppure trattando alcune foglie con inibitori della traspirazione (pinolene), altre con acqua.

Seguendo un approccio innovativo di tipo agrometeorologico e dispositivi Internet of Things - IoT è stato realizzato un prototipo di stazione di misura del CWSI a basso costo.

Il dispositivo può essere utilizzato per la mappatura termica dello stato idrico della vegetazione, sia tramite rilievi puntuali, sia per convertire immagini acquisite da drone per valutare la variabilità all'interno degli appezzamenti, sia su scala territoriale tramite l'elaborazione di immagini da satellite.

L'uso di un approccio agrometeorologico accoppiato a nuove tecnologie di misura di temperatura ed umidità a basso costo aprono nuovi scenari applicativi al calcolo degli indici di conduttanza stomatica basati sul rilevamento della temperatura della vegetazione.

Per approfondire: *Agricultural Meteorology* (1981) 24, 45-55.

[https://doi.org/10.1016/0002-1571\(81\)90032-7](https://doi.org/10.1016/0002-1571(81)90032-7)

PAROLE CHIAVE: indice di stress idrico della vegetazione, immagini termiche, Internet of Things





Interazione tra sostanza organica e fertilizzanti organici per migliorare la fertilità dei suoli agrari

Il suolo è una risorsa non rinnovabile e in un recente lavoro la FAO ha messo in luce come circa un terzo del suolo mondiale possa essere classificato da moderatamente ad altamente degradato. La gestione sostenibile del suolo, sia dal punto di vista agronomico che ambientale, è diventata una priorità e la Commissione Europea ha dedicato a questo tema una Mission (*Mission Soil and Health*). Inoltre, la Strategia Farm to Fork fissa importanti obiettivi da raggiungere entro il 2030, tra cui la riduzione del 20% di fertilizzanti di sintesi e una riduzione del 50% della perdita di nutrienti.

Nell'ambito del progetto Hydrorg (2° Bando Excellence VRT, 2021) è stato messo a punto un approccio analitico per monitorare la dinamica di

sostanza organica (SOM) e nutrienti (N, P, K, Mg e micronutrienti) dopo applicazione di fertilizzanti organici al suolo attraverso l'allestimento di mesocosmi (incubazioni di terreno addizionati con prodotti organici e mantenuti in condizioni controllate), con il duplice scopo di trovare soluzioni per salvaguardarne la fertilità e per gestire la possibilità di stoccaggio di carbonio. L'analisi del carbonio, i suoli e ammendanti (compost, hydrochar, mix, letame maturo, digestati, biochar) ha considerato la distinzione tra contenuto di *dissolved organic matter*, DOM caratterizzato tramite $^1\text{H NMR}$, e la frazione più recalcitrante, dopo estrazione alcalina, caratterizzata tramite $^{13}\text{C NMR}$ (in collaborazione con UNIMI). L'elaborazione dei dati ha mostrato differenze

DANIELA BONA
ANDREA CRISTOFORETTI
SILVIA SILVESTRI

significative riguardo gli ammendanti utilizzati (DOM, componenti alifatiche ed aromatiche), mentre sono tuttora in corso le analisi sui suoli dopo incubazione.

Oltre ai dati di caratterizzazione chimica del C, si è scelto di effettuare anche test di misura delle emissioni di gas serra (GHG) (CO_2 , ma in alcuni test anche CH_4 ed N_2O in collaborazione con UNIBZ).

Con analoghi obiettivi, negli ultimi anni sono stati avviati anche monitoraggi specifici dei suoli agrari (frutticoli e a prato stabile) per valutare gli effetti nel lungo periodo dell'applicazione di effluenti zootecnici, digestato e biochar. I primi dati raccolti dimostrano

come la conoscenza dell'interazione tra fertilizzanti e SOM possa essere determinante per ottenere gli effetti concimanti e/o ammendanti attesi, fornendo contestualmente informazioni applicabili alla riduzione dell'impiego dei concimi di sintesi e degli impatti generati sull'ambiente (perdita di nutrienti e stoccaggio del C).

Uno studio analogo sarà condotto anche nell'ambito del progetto SMS Green (Bando FEASR PSR 2014-2020, approvato ed iniziato nel corso del 2022) che permetterà di integrare le analisi chimiche sulla SOM con dati relativi alla struttura delle comunità microbiche, dopo applicazione di hydrochar, co-compost e digestato.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Waste Management* (2023) 159, 75-83.

<http://doi.org/10.1016/j.wasman.2023.01.024>

PAROLE CHIAVE: sostanza organica del suolo, fertilizzanti organici, fertilità del suolo



Hydrochar e Co-Compost dalle biomasse di scarto: nuove strategie per l'ottimizzazione del potenziale agronomico

.....
DANIELA BONA
DONATO SCRINZI*
LUCA GRANDI
SILVIA SILVESTRI

* Dipartimento di Ingegneria Civile, Ambientale e Meccanica, università di Trento

L'hydrochar (HC) è ottenuto dal trattamento termochimico di biomasse attraverso carbonizzazione idrotermica (*Hydrothermal Carbonization*), tecnologia adatta al trattamento di biomasse di scarto e di rifiuto ad elevato contenuto di umidità, quali ad esempio fanghi, digestati, scarti agro-industriali. Può essere un'alternativa allo smaltimento di scarti e rifiuti e una soluzione per il recupero di nutrienti e sostanza organica necessari in agricoltura. La frazione solida che risulta dal processo viene definita hydrochar e potrebbe avere un impiego interessante in agricoltura come ammendante, anche se sono tuttora in corso numerosi lavori finalizzati ad evidenziare le specifici-

tà agro-ambientali di questo prodotto organico.

I progetti C2LAND (EIT Climate-KIC; 2020, coordinato da UNITN) e HTC-Upfield (Lg PAT 6/99; 2020-2021, consulenza specialistica per Carborem Srl) hanno fornito dati ed informazioni relativi ad HC prodotto da diverse tipologie di scarto, rispettivamente da digestato da FORSU e digestato da fanghi agro-industriali. I dati emersi hanno evidenziato problematiche di fitotossicità dell'HC, legate da una parte alla presenza di composti chimici, presenti anche nelle biomasse di partenza (come salinità e contenuto in metalli), ma anche ai composti organici formati durante il processo termochimico. Quando l'HC non contiene



composti tossici, come metalli o composti policiclici aromatici (PHA), come per l'HC ottenuto da digestato da FOR-SU, l'analisi della relazione dose-risposta ha evidenziato il fenomeno dell'ormesi, ovvero fitostimolazione a basse dosi e successiva insorgenza di fitotossicità, all'aumentare della dose. Questo fenomeno sembra essere legato da una parte alla presenza di nutrienti, ma anche di precursori delle molecole umiche, prodotte a valle della reazione di carbonizzazione che potrebbero agire stimolando la germinazione e la crescita delle piante. A dosi elevate, la presenza di composti carboniosi facilmente degradabili può stimolare l'attività microbica del suolo e l'immobilizzazione dei nutrienti, nonché l'insorgenza di fenomeni di

anossia dovuti all'accumulo di anidride carbonica.

Nell'ambito del progetto C2LAND è stata dimostrata la validità del co-compostaggio dell'HC per superare efficacemente le problematiche legate alla fitotossicità dovuta alla presenza di composti organici non completamente degradati, per ottenere così un ammendante di buona qualità, con proprietà specifiche anche rispetto al compost.

Gli studi condotti nell'ambito di questi progetti hanno validato un approccio di studio dei fertilizzanti organici che combina valutazioni chimiche ad analisi degli effetti sulle piante e sul suolo, al fine di trovare impieghi sempre più efficienti in un'ottica di bioeconomia circolare.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Journal of Environmental Management* (2022) 312, 114894.

<https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2022.114894>

PAROLE CHIAVE: hydrochar, co-compostaggio, proprietà agro-ambientali



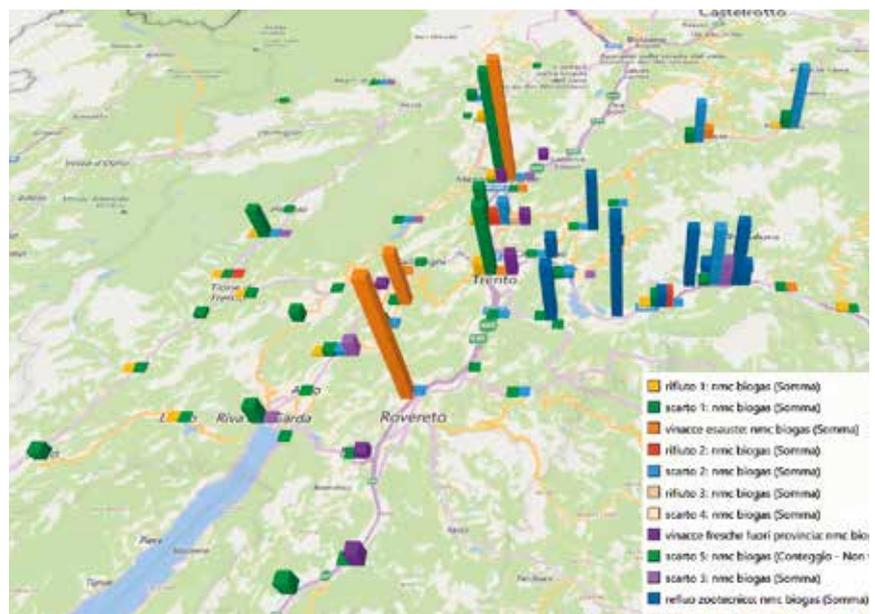
Da scarti a risorse: quantificazione dei residui agroalimentari trentini per la produzione di energia rinnovabile

LUCA TOMASI
ANDREA CRISTOFORETTI
MATTIA VOLTOLINI
DANIELA BONA
LUCA GRANDI
SILVIA SILVESTRI

Le ambiziose azioni di mitigazione al cambiamento climatico che la Provincia Autonoma di Trento (PAT) ha previsto per il prossimo decennio sono contenute nel Piano Energetico Ambientale (PEAP) 2021-2030, alla cui stesura ha contribuito l'unità Bioeconomia della Fondazione Edmund Mach, quantificando il contributo che potrebbe essere fornito dallo sfruttamento energetico degli scarti organici. Questa fetta di potenziale è stata stimata dapprima quantificando le principali matrici residuali - reflui zootecnici, scarti agroalimentari, fanghi da trattamento delle acque e da processi industriali, frazione umida della raccolta differenziata - attraverso i dati e gli archivi disponibili, calcolando successivamente il potenziale di biogas teorico da esse ottenibile. Da qui l'elaborazione di scenari di valorizzazione energetica per le singole Comunità di Valle, teorizzando la realizzazione di impianti territoriali in grado, in assetto cogenerativo, di convertire il biogas in energia elettrica e termica, oppure di ricavarne biometano da immettere nella rete di distribuzione del gas naturale.

Successivamente all'emanazione del PEAP, di concerto con Servizi ed Agenzie PAT coinvolti, è stato ritenuto opportuno eseguire un ulteriore approfondimento, ricorrendo ad una ricognizione su tutto il territorio provinciale direttamente presso un'ampia selezione di aziende agroindustriali e zootecniche. Grazie a questa indagine effettuata nel corso del 2022, sono state raccolte informazioni dettagliate relative sia ai rifiuti che vengono smaltiti, sia agli scarti avviati ad altri destini, spesso extra provinciali (es: mangimistica, nutraceutica, conversione energetica). La quantificazione del biogas ricavabile ha raggiunto, in tal modo, una maggiore rispondenza alla realtà, individuando una potenzialità di oltre 6,5 mln Nm³/anno di biogas ottenibile dalle sole matrici agroalimentari considerate, corrispondente a circa 3,5 mln Nm³/anno di biometano. Nel corso del 2023 FEM effettuerà un ulteriore passo nell'ottenimento di una stima maggiormente realistica: le principali matrici identificate saranno sottoposte ad una caratterizzazione chimico-fisica, effettuando prove di produzione di biogas in

Posizione dei principali potenziali teorici di biogas/biometano individuati in Provincia (l'altezza degli istogrammi è proporzionale al potenziale espresso in Nm³/anno)





Trebbie generate da attività brassicola

.....

scala di laboratorio per testare i mix di matrici ritenuti più opportuni in uno scenario reale.

Questi studi si intersecano con gli approfondimenti che lo stesso gruppo FEM sta svolgendo nell'ambito di un Tavolo di Lavoro impegnato nell'individuazione delle azioni per il miglioramento della qualità delle acque, da attuare attraverso una ge-

stione sostenibile dei reflui zootecnici per determinate zone risultate non conformi secondo la normativa cogente. La soluzione della digestione anaerobica dei reflui può contribuire al miglioramento della gestione degli stessi; se al contempo se ne ottimizza la resa energetica, abbinando gli scarti di altre filiere, i benefici possono essere maggiori.

Per approfondimento consultare il PEAP 2021-2030 (in Allegato 8 il contributo dell'Unità Bioeconomia) all'indirizzo:

<https://www.provincia.tn.it/Documenti-e-dati/Documenti-di-programmazione/Piano-Energetico-Ambientale-Provinciale-2021-2030>

PAROLE CHIAVE: bioeconomia, agroalimentare, energia







ALIMENTI E NUTRIZIONE



Chiarire la biosintesi e la funzione fisiologica dei diidrocalconi utilizzando la diversità della mela

SIMON MIRANDA
MICKAEL MALNOY
STEFAN MARTENS

I diidrocalconi (DHC) sono polifenoli bioattivi presenti in diversi tessuti del melo. I DHC potrebbero agire come filtri UV nelle foglie, essere potenti antiossidanti cellulari, oppure svolgere un ruolo nella resistenza ai patogeni. Tuttavia le prove sulle sue precise funzioni *in planta* sono ancora sfuggenti e dibattute tra gli scienziati. I percorsi biosintetici che portano alla formazione di DHC sono ancora solo parzialmente chiariti, ma hanno fornito la base per l'ingegneria genetica dei passaggi chiave del percorso che ha portato alla creazione di una serie di linee di mele transgeniche.

La florizina (Pz) è il DHC più abbondante nella mela, che deriva dall'azione di una chiave UDP-2'-O-glucosiltransferasi (MdPGT1). È stata condotta la valutazione simultanea degli effet-

ti del targeting di MdPGT1 mediante transgenesi convenzionale e modifica del genoma mediata da CRISPR/Cas9. Le linee "knockdown" hanno mostrato una caratteristica compromissione della crescita delle piante e della morfologia delle foglie, mentre le linee modificate dal genoma hanno mostrato una crescita normale nonostante una riduzione del Pz fogliare. Abbiamo identificato geni e processi di differenziamento modulati in linee stentate e modificate dal genoma, inclusi i geni coinvolti nella segnalazione dei fitormoni. La profilazione dei fitormoni ha rivelato che l'acido salicilico e l'acido jasmonico erano aumentati nelle linee nane, mentre l'auxina e l'acido abscissico non mostravano alcuna correlazione con il fenotipo di crescita. Inoltre, i brassi-

nosteroidi erano comunemente sovra regolati, mentre la gibberellina GA4 era distintamente alterata, mostrando una forte diminuzione delle linee di knockdown. Questi risultati suggeriscono che una modulazione differenziale dei fitormoni può essere coinvolta negli effetti contrastanti sulla crescita in seguito alla riduzione di Pz e illustrano come l'editing del genoma CRISPR/Cas9 può essere applicato per sezionare il contributo dei geni coinvolti nella biosintesi di Pz nella mela.

La sieboldina (Sb) è stata trovata in alcune specie selvatiche di *Malus*. Il primo passo verso la biosintesi di Sb è stato chiarito dall'analisi di tra-

scrittomi e da un assemblaggio di trascrittomi *de novo* per identificare due 3-idrossilasi. Abbiamo valutato l'attività *in vivo* di presunti candidati alla produzione di 3-idrossifloretina e Sb mediante produzione *de novo* nel lievito modello. Abbiamo scoperto che le proteine CYP98A delle accessioni di *Malus* selvatico erano in grado di produrre 3-idrossifloretina, portando infine all'accumulo di Sb mediante co-espressione con PGT2. Nel loro insieme, si è documentata la prima prova di un enzima che produce Sb in vivo che potrebbe essere coinvolto nella fase chiave di idrossilazione verso la sintesi di Sb nelle specie *Malus*.

PAROLE CHIAVE: melo, diidrocalconi, biosintesi

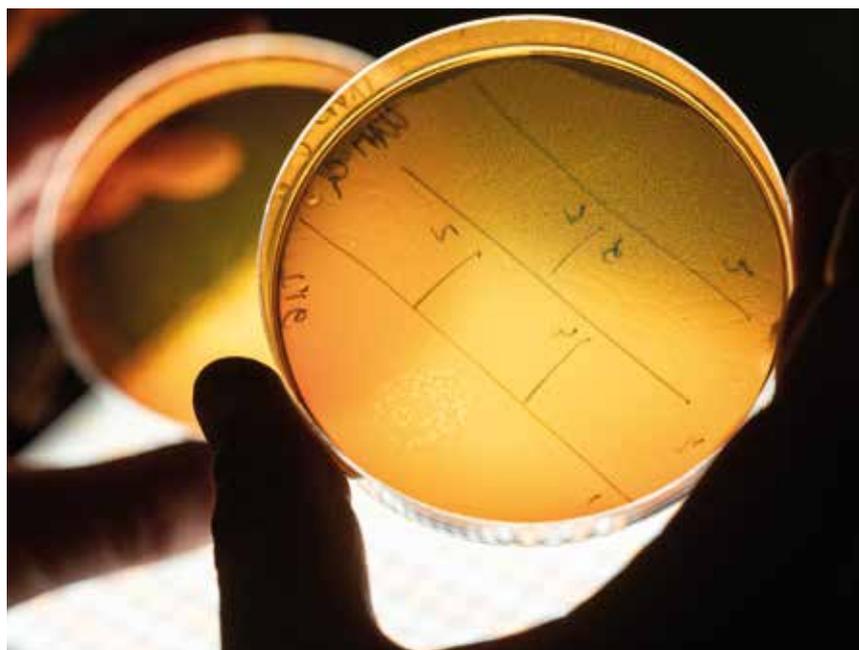
SPECIE: *Malus* spp.

Il Trentingrana come esempio di biodiversità vincente

La produzione di formaggi tradizionali e artigianali si basa spesso su processi di fermentazione portati avanti da colture di batteri definite, utilizzate per ottenere sapori e/o consistenze tipiche. I batteri naturalmente pre-

senti nel siero caseario sono tradizionalmente utilizzati nella produzione di Trentingrana, come pure di altri formaggi a pasta dura italiani (Parmigiano Reggiano e il Grana Padano). I batteriofagi o fagi possono influen-

.....
ELENA FRANCIOSI
ANDREA MANCINI



zare negativamente le prestazioni dei batteri del siero. I fagi sono virus in grado di infettare i batteri e sono presenti in tutti gli ambienti compresi i caseifici. Come in altri ecosistemi, i fagi svolgono un ruolo ecologico, inibendo i ceppi batterici a più rapida crescita. La presenza dei fagi ne bilancia una crescita eccessiva preservando così la biodiversità complessiva e le prestazioni tecnologiche del siero. Pertanto, è di primaria importanza la comprensione delle dinamiche tra biodiversità batterica e fagica nel siero, per una buona gestione della produzione del siero.

Con la collaborazione del Gruppo Formaggi Trentini, abbiamo avviato uno studio corposo sulla dinamica e biodiversità di batteri e fagi nel siero mediante un massiccio sistema di campionamento presso sei caseifici Trentingrana nell'arco di un anno di produzione, per un totale di 216 campioni.

Un approccio combinato, utilizzando microbiologia classica e analisi meta-tassonomica ha permesso di

individuare *Lactobacillus helveticus* come specie dominante nelle colture di siero e *Lactobacillus brevis* come co-dominante. Abbiamo costituito una bio-banca del siero Trentingrana formata da più di 1.200 batteri e da 120 fagi. La presenza dei fagi è stata rivelata nella maggior parte dei campioni di siero analizzati ma, nonostante il gran numero di fagi trovati, la qualità microbica delle colture di siero era molto alta.

Questo studio è un esempio di resistenza naturale di *L. helveticus* ai fagi contaminanti, persistente nel tempo. È evidente la presenza di un equilibrio microbiologico tra fagi e batteri in cui l'uso di colture naturali di siero crea un ambiente ideale per la proliferazione di molti ceppi differenti di *L. helveticus* in grado di controbilanciare la presenza dei fagi evitando problemi per la qualità del formaggio. Abbiamo inoltre selezionato un pool dei migliori ceppi di *L. helveticus* da utilizzare come "backup" del siero qualora si verifici una perdita accidentale di biodiversità batterica.

Per una migliore comprensione del piano sperimentale si rimanda all'articolo pubblicato su *Frontiers in Microbiology* (2021) 12.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.678012>

PAROLE CHIAVE: Trentingrana, siero naturale, batteriofago

SPECIE: *Lactobacillus helveticus*, *Lactobacillus brevis*



Ricerca sulla biodiversità enologica italiana

SILVIA CARLIN
PANAGIOTIS ARAPITSAS
DANIELE PERENZONI
DOMENICO MASUERO
CESARE LOTTI
URSKA VRHOVSEK
FULVIO MATTIVI*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

L'Italia è leader nel settore enologico, sia a livello di produzione che di ricchezza di biodiversità ampelografica. Il consorzio D:Wines, composto da sei istituzioni italiane, è stato costituito per studiare la biodiversità enologica italiana, sostenuto da finanziamenti nazionali vincendo due progetti PRIN competitivi nel campo delle Scienze della Vita. Il primo progetto era focalizzato sui vini rossi (Aglianico, Cannonau, Corvina, Montepulciano,

Nebbiolo, Nerello, Primitivo, Raboso, Sagrantino, Sangiovese e Teroldego) ed il secondo sui vini bianchi (Albana, Arneis, Cortese, Erbaluce, Falanghina, Fiano, Garganega, Greco di Tufo, Gewürztraminer, Lugana, Müller-Thurgau, Nosiola, Pallagrello, Pinot Grigio, Ribolla, Vermentino, Vernaccia e Verdicchio). Ciascun vino era prodotto nel suo territorio secondo i disciplinari di produzione locali, per garantire la qualità e l'origine.



Per la parte sperimentale sono state analizzate oltre 3.000 bottiglie, usando varie piattaforme analitiche, che includono un elenco arricchito di analisi enologiche di base, caratterizzazione sensoriale, quantificazione di proteine e polisaccaridi, analisi del profilo volatile e analisi metabolica. I risultati hanno sottolineato quali composti rendono unica ogni combinazione cultivar-terroir cioè il metaboloma di ogni vino d'origine. Per esempio, il Teroldego è caratterizzato dalla abbondanza di antociani; Aglianico, Sangiovese, Nerello e Nebbiolo sono ricchi di proantocianidine ma con profili distinti; il Primitivo si distingue per la sua particolare ricchezza in aminoacidi e metaboliti azotati; il Cannonau è caratterizzato dagli idrossicinnamati; il Sangiovese, insieme al Nebbiolo, hanno un profilo dei flavonoli particolarmente ricco in quercetina. I risultati dell'analisi sensoriale del profilo di astringenza hanno dimostrato che il Teroldego ha una astringenza meno "dinamica" e con tannini "morbidi", mentre

Corvina e Raboso sono più acerbi, Sagrantino e Nebbiolo più secchi, aspri e dinamici.

L'analisi dei tioli varietali dei vini bianchi ha permesso di osservare che nella maggior parte dei vini Müller Thurgau questi importanti descrittori di frutto della passione, pompelmo, bosso erano a concentrazioni superiori, anche di molto, alle soglie sensoriali. Che infatti vengono superate fino a 12 volte per 4-metil-4-sulfanil-pentanone, fino a 66 volte per 3-sulfanil-esanolo. È stato anche confermato il ruolo di marker varietale del metil salicilato sia nella forma libera che glicosilata per il Verdicchio e il Lugana. Questo progetto ha connesso enti di ricerca e realtà produttive delle principali denominazioni nazionali, generando nuove conoscenze che aiutano a capire e valorizzare la biodiversità enologica italiana. Sono stati ad oggi pubblicati 12 articoli scientifici e i dati prodotti suggeriscono un nuovo approccio alla tracciabilità e indicano la necessità di adottare l'enologia di precisione.

PAROLE CHIAVE: vino, metabolica

Associazione tra la via metabolica del triptofano e i sintomi depressivi subclinici in pazienti obesi: uno studio preliminare

INES DELGADO*
SOFIA CUSSOTTO*
ANDREA ANESI
SANDRA DEXPERT*
AGNES AUBERT*
BRUNO AOUIZERATE*
CEDRIC BEAU**
DAMIEN FORESTIER**
PATRICK LEDAGUENEL**
ERIC MAGNE**
FULVIO MATTIVI***
LUCILE CAPURON*

* Università di Bordeaux, INRAE, Francia
** Clinique Jean Villar di Bruges, Francia
*** Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

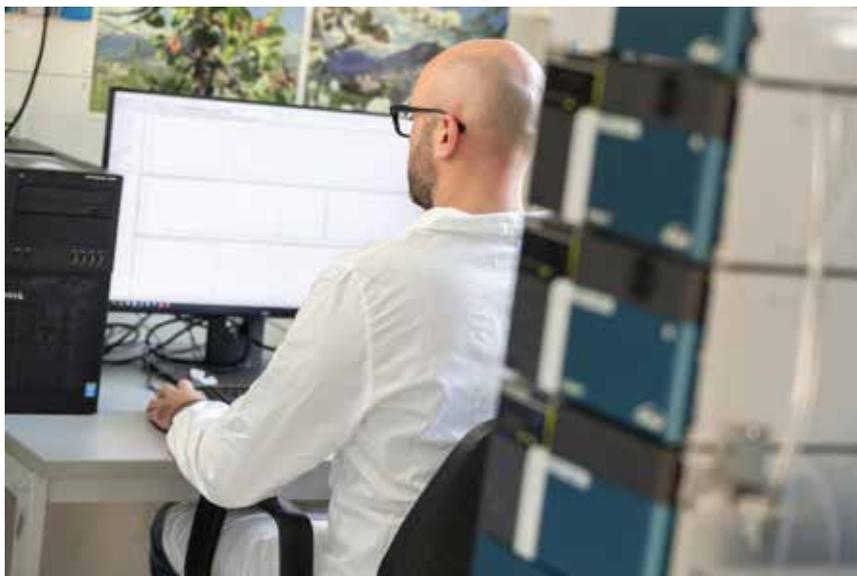
I sintomi depressivi sono spesso riscontrati in pazienti affetti da obesità e studi scientifici hanno evidenziato il coinvolgimento di uno stato infiammatorio cronico in questo effetto. Un meccanismo che potrebbe essere coinvolto in questo effetto risiederebbe nell'alterazione della via metabolica del triptofano, un aminoacido essenziale precursore del neurotrasmettitore serotonina, coinvolto nella regolazione dell'umore. Mentre dati recenti hanno evidenziato alterazioni nel metabolismo del triptofano nell'obesità, la rilevanza di tale meccanismo sui sintomi depressivi nell'obesità non è stata ancora investigata.

In uno studio preliminare condotto in collaborazione con l'Università di Bordeaux e la Clinique Jean Villar di Bruges (Francia), l'Unità Metabolomica si è occupata di determinare l'associazione dei livelli plasmatici di triptofano e dei suoi metaboliti indolici con i sintomi depressivi in 44 pazienti affetti da obesità moderata o severa ma non affetti da disturbi neuropsichiatrici evidenti. I campioni di plasma sono stati estratti ed analizzati

mediante spettrometria di massa LC-MS/MS usando un protocollo validato presso il laboratorio di metabolomica per la quantificazione specifica del metabolismo degli aminoacidi essenziali e dei loro cataboliti prodotti dal metabolismo umano e da quello del microbiota intestinale. È stata altresì studiata l'interazione tra l'effetto dell'infiammazione, riflessa come livelli di proteina C-reattiva nel siero dei pazienti, e i metaboliti indolici del triptofano sui sintomi depressivi.

Alti livelli sierici di proteina C-reattiva e basse concentrazioni dei metaboliti del triptofano, in particolare di quelli indolici prodotti dal microbiota intestinale come indole-3-carbossialdeide, correlano con i sintomi depressivi più severi. Dallo studio è emerso come la capacità di predire i sintomi depressivi più gravi mediante gli alti livelli di proteina C-reattiva sia potenziata dalle basse concentrazioni di indole-3-carbossialdeide. I risultati di questo studio pilota rafforzano l'ipotesi dell'associazione tra infiammazione, alterazioni nel metabolismo del triptofano e sintomi depressivi collegati all'obesità.





Anche se i meccanismi che sono alla base di tale associazione non possono essere determinati in questo studio, si può ipotizzare che il malfunzionamento della comunicazione

tra intestino e cervello, mediata dai metaboliti del triptofano, sia coinvolto nei disordini dell'umore mediati dall'infiammazione collegato allo stato patologico dell'obesità.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *International Journal of Obesity* (2022) 46: 885-888.
<https://doi.org/10.1038/s41366-021-01049-0>



PAROLE CHIAVE: nutrizione, metabolismo del triptofano, microbiota intestinale, obesità, infiammazione

Quantificazione di gamma-fenilvalerolattoni e acidi valerici correlati nelle urine umane dopo il consumo di mele

Nel contesto di uno stile di vita sano e della prevenzione delle malattie, i flavan-3-oli sono considerati molecole bioattive assunte con la dieta, costituenti del cibo ingerito che non sono essenziali per l'uomo ma che però sono in grado di ridurre il rischio di varie patologie e di promuovere un invecchiamento sano.

I flavan-3-oli monomerici, come catechina ed epicatechina, sono rapidamente assorbiti nel piccolo intestino e subito rilasciati nell'apparato circolatorio come coniugati di fase II.

Invece, i flavan-3-oli polimerici vengono metabolizzati dalla microflora intestinale in gamma-fenilvalerolattoni e nei loro rispettivi acidi fenilvalerici. Queste molecole sono i prodotti metabolici che si ritrovano nell'uomo dopo l'ingestione di alimenti ricchi in flavan-3-oli, eppure sono stati scarsamente studiati e il loro ruolo non è ancora del tutto chiaro.

Sono stati quantificati 8 gamma-fenilvalerolattoni e 3 acidi fenilvalerici nelle urine di 11 soggetti sani dopo il consumo di mele usando LC-MS/MS

ANDREA ANESI

PEDRO MENA*

ACHIM BUB**

MARYNKA ULASZEWSKA

DANIELE DEL RIO**

SABINE E. KULLING**

FULVIO MATTIVI***

* Dipartimento di Scienze degli Alimenti e del Farmaco, università di Parma

** Max Rubner-Institut, Germania

*** Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento



e standard analitici puri. I gamma-fenilvalerolattoni nelle forme coniugate con solfato e acido glucuronico raggiungono la massima escrezione nelle urine tra le 6 e le 12 ore dopo il consumo di mele, per poi diminuire nel tempo ma rimanendo comunque presenti nelle urine fino a 24 ore. Differenze significative tra i soggetti sono state evidenziate per quanto riguarda l'escrezione cumulativa totale e per il rapporto tra i gamma-diidrossifenilvalerolattoni coniugati con solfato rispetto a quelli coniugati con acido glucuronico. È stata osservata per la prima volta la presenza di due distinti metaboliti per quanto riguarda l'escrezione dei gamma-fenilvalerolattoni coniugati di fase II. Questi metaboliti potrebbero essere i veri determinanti degli effetti be-

nefici associati al consumo di mele; i nostri risultati dimostrano infatti che questi metaboliti, chimicamente equivalenti a quelli prodotti dal microbiota intestinale dopo l'ingestione di cacao, uva e tè verde, sono persistenti in concentrazioni elevate fino a 24 ore dopo il consumo di mele.

Nel 2012 è stato autorizzato da parte della comunità Europea un claim riguardo gli effetti benefici legati al consumo giornaliero di 200 mg di flavan-3-oli di cacao (regolamento 1924/2006).

Da un punto di vista di bioequivalenza, si stima che il consumo di due mele al giorno provveda la stessa quantità di flavonoidi e quindi si possano ottenere gli stessi effetti benefici riportati nel claim.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Metabolites* (2019) 9 (11): 254.

<https://doi.org/10.3390/metabo9110254>

PAROLE CHIAVE: nutrizione, mela, microbiota intestinale

SPECIE: *Malus domestica*



Il vino è “nudo”: le bottiglie di vetro incolore degradano l'identità aromatica del vino

Le bottiglie di vetro hanno svolto un ruolo chiave nell'industria del vino ed hanno permesso di consegnare ai consumatori vino con un'identità aromatica riconoscibile. Tradizionalmente, il colore della bottiglia di vino era verde o ambra. Negli ultimi anni però si è assistito ad un massiccio utilizzo, soprattutto per alcuni vini e in alcuni mercati, di bottiglie di vetro incolore. Questo tipo di confezionamento viene spesso utilizzato per i vini bianchi e rosati perché il consumatore ama scegliere il prodotto prima di tutto con gli occhi. Ma che prezzo deve pagare per questo la qualità del vino?

Per gli scienziati è ormai un fatto asodato che l'esposizione alla luce può danneggiare la qualità degli alimenti, accorciare la shelf life, e in alcuni casi alterare anche il valore nutritivo. Già negli anni '70 è stato dimostrato che la comparsa del gusto di luce, con note di cavolo cotto, è causata da reazioni chimiche indotte dalla luce che attraversa il vetro delle bottiglie.

Un ampio studio, utilizzando quattro varietà di vini bianchi e con l'utilizzo di più di 1000 bottiglie, ha dimostrato

che la comparsa di odori indesiderati non è l'unico rischio possibile. Si è visto che diversi aromi primari del vino, finora considerati stabili, si degradano rapidamente già dopo una o due settimane di permanenza sullo scaffale se il vino è nelle bottiglie di vetro incolore. Dozzine di composti volatili, quelli che portano uno o più doppi legami nella loro struttura chimica, sono soggetti a fotodegradazione. Tra questi composti troviamo diversi terpeni e norisoprenoidi, molecole chiave che modulano l'aroma floreale e fruttato dei vini bianchi. Pertanto, perdendo composti aromatici così importanti, il vino perde la sua identità e la sua capacità di mascherare i difetti del vino.

La nostra conclusione è che nelle bottiglie in vetro incolore il vino sia “nudo” e privo di ogni difesa. I vini, alcuni più di altri, soffrono l'effetto di questo packaging e questo, per effetto della luce, avviene in tempi più o meno lunghi ma avviene sempre e vanifica il lavoro fatto in campagna e in cantina per offrire vini di alta qualità e con un'identità riconoscibile.



Il lavoro è stato pubblicato su PNAS (2022) 119 (29), e2121940119.

<https://doi.org/10.1073/pnas.2121940119>

PAROLE CHIAVE: vino, *shelf life*, composti varietali, gusto di luce



SILVIA CARLIN
PANAGIOTIS ARAPITSAS
URSKA VRHOVSEK
FULVIO MATTIVI*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento



La spettrometria di massa a iniezione diretta come strumento green ad alta capacità per il monitoraggio di fermentazioni e bioprocessi

.....
IULIA KHOMENKO
EMANUELA BETTA
ANTONIA CORVINO
ANDREA DELL'OLIO*
REBECCA ROBERTS
PATRICK SILCOCK**
VINCENZO FOGLIANO*
VITTORIO CAPOZZI***
FRANCO BIASIOLI

* Wageningen University & Research, Olanda

** Dipartimento di Scienze dell'Alimentazione, università di Otago, Nuova Zelanda

*** Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari - Consiglio Nazionale delle Ricerche (ISPA - CNR)

L'unità Qualità Sensoriale della Fondazione Edmund Mach è riconosciuta a livello internazionale come un laboratorio leader nelle applicazioni agroindustriali della spettrometria di massa a iniezione diretta (DIMS), un approccio analitico 'green' che consente il monitoraggio online o offline veloce e ad alta sensibilità dei composti organici volatili.

Presso FEM è ora disponibile un'infrastruttura completa per il monitoraggio dei composti organici volatili basata su DIMS, dal campionamento all'analisi dei dati, con esperimenti recenti che hanno dimostrato la sua utilità nel monitoraggio di fermentazioni e bioprocessi. Da millenni, la fermentazione viene utilizzata per pro-

durre quasi un terzo di tutti i prodotti alimentari, contribuendo alla varietà del patrimonio enogastronomico mondiale, rivestendo una considerevole importanza economica, sociale ed ambientale.

La fermentazione viene attualmente riproposta come strategia sostenibile per migliorare la qualità e la sicurezza degli alimenti. Durante la fermentazione, i microrganismi producono composti organici volatili (COV) che influenzano la qualità sensoriale. Pertanto, il monitoraggio dei COV in queste matrici consente una migliore comprensione e controllo i) dei bioprocessi di interesse scientifico e industriale, ii) della qualità/sicurezza di alimenti e bevande fermentate, e iii)

del gusto dei prodotti finali. Questo tipo di approccio analitico integrato può anche supportare lo sviluppo di nuovi prodotti e l'ideazione di analoghi della carne e dei prodotti lattiero-caseari, promuovendo l'innovazione in questo settore particolarmente dinamico.

Attualmente le ricerche in corso, anche nell'ambito delle iniziative finanziate dal PNRR, sono orientate a migliorare la comprensione dei processi di fermentazione e i *pathways* di generazione dei COV, per studiare fenomeni come i) l'impatto di diverse colture *starter* e diverse combinazioni di microrganismi/matrici alimentari, ii) il potenziale aromatizzante di nuovi ceppi microbici, iii) il volatiloma di batteri, lieviti e funghi filamentosi, anche in riferimento a interazioni microbiche. I risultati includono ad esempio a) la possibilità di monitorare in tempo reale mediante DIMS la biotrasformazione dei terpeni da parte dei lieviti durante la fermentazione della birra, b) l'*high-throughput detection* della produzione di COV da diverse combinazioni di ceppi di *Saccharomyces* e non-*Saccharomyces*, e c) lo studio del *management* di risorse microbiche

nella produzione di bevande *kefir-like* di origine vegetale.

Piú recentemente, in collaborazione con la WUR (Wageningen University and Research), abbiamo dimostrato il potenziale di tecniche di DIMS per il monitoraggio della fermentazione microbica intestinale, aprendo la strada a uno screening efficiente *ex vivo* in tempo reale delle comunità microbiche anaerobiche intestinali. Studiando il rilascio di volatili quando i batteri sono esposti a varie fibre alimentari, siamo stati in grado di comprendere meglio il comportamento dei consorzi microbici interessati.

I processi *microbial-based* sono tecnologie chiave per una produzione alimentare sostenibile nel futuro. Gli approcci di DIMS, offrendo un approccio analitico rapido e a basso impatto, possono promuovere l'innovazione in questo campo delle biotecnologie alimentari, supportando la transizione green dei sistemi agroalimentari. In questo senso, la piattaforma di DIMS presso la FEM può supportare efficacemente sia le indagini su aspetti fondamentali che lo sfruttamento industriale di nuovi bioprocessi.

PAROLE CHIAVE: fermentazione, comunità microbiche, biotecnologie alimentari

Innovazioni sistematiche per una riduzione sostenibile degli sprechi alimentari europei

Le perdite e gli sprechi alimentari sono uno dei grandi paradossi del XXI secolo: nel 2019 sono state generate circa 931 milioni di tonnellate di sprechi alimentari, pari a circa il 17% della produzione alimentare globale. Se aggiungiamo le perdite di cibo (circa il 14% del cibo prodotto) durante le fasi di post-raccolta fino alla vendita al dettaglio (esclusa) otteniamo un risultato spaventoso: un terzo del cibo prodotto viene perso

e/o sprecato. Questo cibo sarebbe sufficiente per sfamare il doppio del numero di persone denutrite in tutto il mondo. Peggio ancora, le perdite e gli sprechi alimentari medi pro capite sono quasi raddoppiati dal 1960. Nell'Unione europea ogni anno vengono generati quasi 57 milioni di tonnellate di sprechi alimentari e i consumatori sono i principali responsabili, con una media di 73 kg pro capite annuale. Questo spreco

.....

MICHELE PEDROTTI
ISABELLA ENDRIZZI
EMANUELA BETTA
JESSICA ZAMBANINI
DANNY CLICERI*
EUGENIO APREA*
IULIA KHOMENKO
FLAVIA GASPERI*
FRANCO BIASIOLI

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento



L'approccio del progetto SISTERS è quello di creare un piano di azione sistematico per la riduzione degli sprechi e delle perdite alimentari, applicando delle innovazioni in ciascuna fase critica della filiera agro-alimentare. Uno dei progetti mira a ridurre le perdite e gli sprechi alimentari durante la fase logistica, creando dei contenitori intelligenti per migliorare la preservazione degli alimenti durante il trasporto.



CONTENITORI SMART



SISTERS progetterà dei contenitori smart per il trasporto di prodotti freschi con dei sensori all'avanguardia tramite degli studi di respirazione del prodotto e la creazione di un'atmosfera modificata passiva che sia adatta a questi prodotti.

L'innovazione sarà disponibile sia per il trasporto di prodotti sfusi dalla fase di produzione (BULKBOX) sia per prodotti confezionati dopo la lavorazione (STOREBOX).

BENEFICI



Riduzione di perdite alimentari durante il trasporto.



Risparmio energetico (maggiore efficienza di trasporto, minore necessità di trasporto di rifiuti alimentari).



Elevata replicabilità ad altri segmenti alimentari avrà un enorme impatto sul sistema alimentare europeo.

Le diverse fasi di sviluppo dell'innovazione e i partner coinvolti:



Specifiche compilate



Produzione dei sensori



Implementazione di sensori per la costruzione di contenitori intelligenti



Test su scala di laboratorio dei contenitori intelligenti



Validazione dei contenitori intelligenti



18 PARTNER E 3 TERZE PARTI IN 8 PAESI



COORDINATORE DI PROGETTO
carolina.pensavai@gaitip.com
COORDINATORE DI D&C
andrea.leoni@innovatum.es

WWW.SISTERSPROJECT.EU

Questo progetto ha ricevuto un finanziamento dal programma di Ricerca e Innovazione Horizon 2020 dell'Unione Europea nel Grant Agreement No. 101037794

ha un enorme impatto economico, sociale e ambientale.

SISTERS ("Systematic Innovations for a Sustainable reduction of the European food waste") è un progetto europeo dalla durata di 5 anni che coinvolge 18 partner provenienti da 8 diversi paesi e mira a ridurre le perdite e gli sprechi alimentari lungo la filiera europea dei prodotti freschi. Il progetto propone nuovi strumenti per gli agricoltori per promuovere la vendita diretta e la filiera corta, nuove innovazioni tecnologiche negli imballaggi e campagne di sensibilizzazione per rivenditori e consumatori. La Fondazione Edmund Mach, in collaborazione con l'università di Trento, ha messo in gioco tutte le competenze dell'unità Qualità Sensoriale, dall'analisi sensoriale a quella strumentale, per validare nuove soluzioni logistiche che combinano imballaggi innovativi (il "BulkBox" e lo "Storebox") con sensori all'avanguardia, per produrre e controllare l'atmosfera modificata passiva. Queste innovazioni aiuteranno a ri-

duurre gli sprechi alimentari prolungando la durata di conservazione di prodotti deperibili come frutta e verdura. FEM sta inoltre valutando la performance di un nuovo imballaggio alimentare a base biologica, trasparente, flessibile e compostabile in casa che manterrà meglio la freschezza, la qualità sensoriale e la sicurezza dei prodotti deperibili rispetto agli imballaggi convenzionali. Infine, un sondaggio online con oltre 1200 partecipanti provenienti da Belgio, Francia, Germania, Italia, Spagna e Svezia, identificherà i fattori che guidano l'adozione di imballaggi alimentari ecologici nei consumatori europei. La riduzione delle perdite e sprechi alimentari è fondamentale per ottenere sistemi alimentari più sostenibili e per raggiungere diversi obiettivi di sviluppo sostenibile, incluso il Target 12.3 (dimezzare gli sprechi di cibo). Il progetto SISTERS è un progetto chiave in questa direzione, puntando a ridurre sprechi e perdite del 27.4% e le emissioni di CO₂ di circa il 20% nei casi studio.

PAROLE CHIAVE: perdite e sprechi alimentari, qualità alimentare, sostenibilità

Preferenza alimentare e il suo legame con fattori fisiologici e psicologici: studi sul consumatore italiano

Fare luce sui fattori determinanti delle scelte alimentari è fondamentale per promuovere diete più sane e contrastare la diffusione globale di malattie legate a una cattiva alimentazione. Negli ultimi anni l'unità Qualità Sensoriale della Fondazione Edmund Mach ha contribuito a diversi studi su larga scala volti a chiarire le basi fisiologiche e psicologiche delle ampie differenze interindividuali che esistono nella percezione e nell'accettabilità di odori e sapori.

Nell'ambito del progetto Italian Taste, si è esplorata la relazione tra gradimento e percezione sensoriale in 4 alimenti modello ognuno dei quali proposto a 4 livelli di intensità per una sensazione target. Lo studio ha coinvolto più di 2.000 partecipanti (59% donne, 18-60 anni). I dati hanno indicato come il gradimento vari all'aumento dell'intensità percepita con andamenti diversi in funzione del prodotto e la sensazione target considerata. È stato possibile, inoltre, identificare per ogni prodotto gruppi di consumatori che presentano diversi *pattern* sensoriali-edonici i quali si sono dimostrati efficaci nel predire il livello di gradimento per una varietà di prodotti alimentari.

L'attività di ricerca si è focalizzata anche su comportamenti da alimentazione selettiva associati a effetti indesiderati per la salute che portano gli individui a essere riluttanti nell'assaggiare sia cibi non familiari (neofobia alimentare; NA) che familiari (*picky eating*; PE). Per colmare la scarsità di dati sull'incidenza del PE in Italia, è stato validato il relativo questionario per l'utilizzo nel contesto italiano somministrandolo a più di 1.000 adulti italiani (69,9% donne, 18-75 anni). Oltre a confermare noti correlati psicosociali del PE, in questo lavoro abbiamo anche fornito la prima evidenza empirica di un legame positivo tra PE e l'aderenza alla dieta mediterranea.

In un altro studio si sono esplorate le associazioni tra NA, ansia di tratto, funzioni olfattive e il rilascio di aromi per via retronasale da un alimento di riferimento in 83 volontari adulti (57,8% donne, 22-68 anni) con diverso grado di NA (basso, medio, alto). I risultati hanno evidenziato che la NA si associava positivamente a risposte fisiologiche legate all'ansia, ma negativamente alle *performance* olfattive globali e all'entità del rilascio di aromi per via retronasale, sostenendo

ISABELLA ENDRIZZI

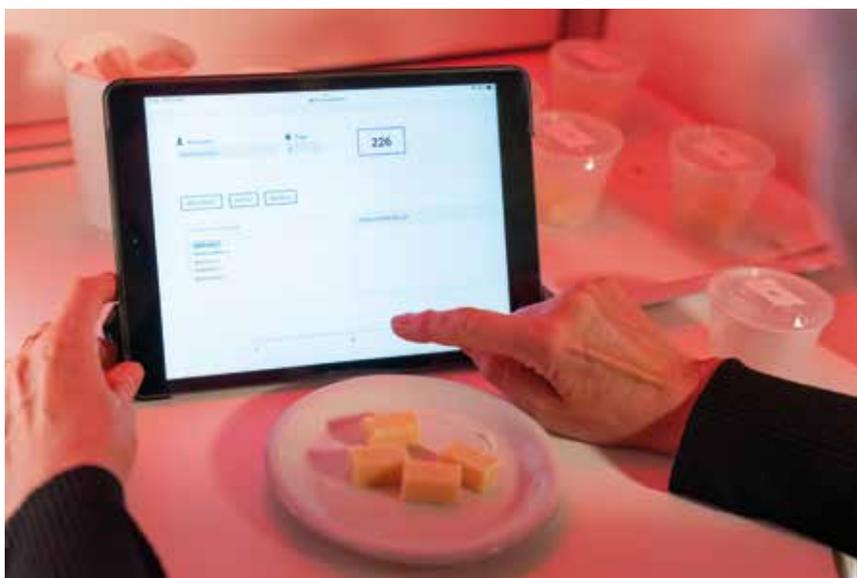
LEONARDO MENGHI*

DANNY CLICERI*

EUGENIO APREA*

FLAVIA GASPERI*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento



l'ipotesi che il rapporto conflittuale dei neofobici con il cibo sia guidato dall'attivazione emotiva negativa elicitata dalle qualità sensoriali del cibo piuttosto che da diverse abilità chemosensoriali.

Nel complesso, questi risultati rappresentano un importante contributo scientifico alla comprensione dei fattori determinanti delle scelte alimentari al fine di promuovere comportamenti alimentari più sani.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Foods* (2022) 11(15), 2174. <https://doi.org/10.3390/foods11152174>

PAROLE CHIAVE: abitudini alimentari, gradimento, neofobia alimentare



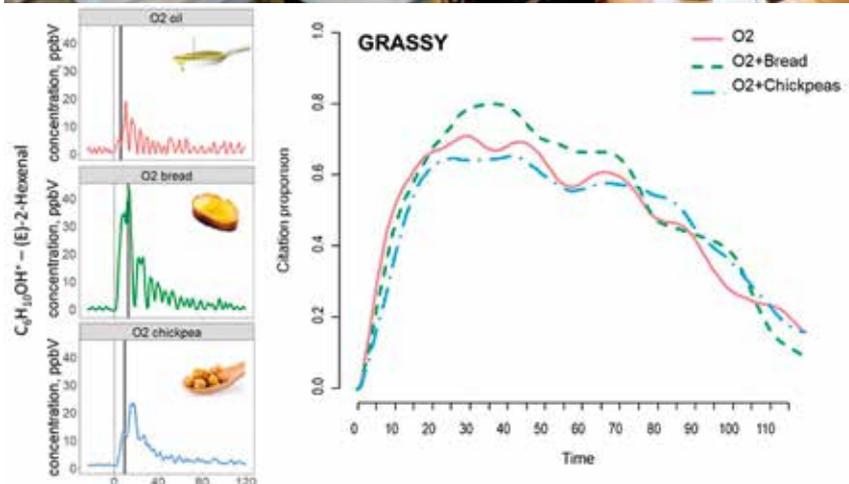
Metodi dinamici per studiare l'evoluzione della percezione sensoriale durante l'assaggio di un olio extravergine oliva in abbinamento con altri alimenti

EUGENIO APREA*
DANNY CLICERI*
IULIA KHOMENKO
ISABELLA ENDRIZZI
FRANCO BIASIOLI
FLAVIA GASPERI*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

Un olio extravergine di oliva di alta qualità è distinguibile dal caratteristico intenso aroma fruttato (che ricorda l'oliva) ed erbaceo, risultato della composizione in composti organici volatili e dalle sensazioni di amaro e pungente, conferite dall'alto contenuto in polifenoli. L'olio di oliva è comunemente consumato come condimento o in abbinamento ad

altri prodotti alimentari, pertanto è importante, per poterne apprezzare appieno le sue potenzialità culinarie, descrivere le sue caratteristiche sensoriali in abbinamento ad altre matrici alimentari. Inoltre, bisogna considerare che l'assaggio, così come l'esperienza di consumo di un alimento, è un processo dinamico che per essere correttamente descritto ha



In alto le fasi di assaggio e valutazione da parte di un panelista che indossa le cannule per il prelievo dell'aria espirata dal naso. In basso i 3 spettri della trans-2-esenale registrati per l'olio tal quale e in combinazione con pane o ceci e il profilo sensoriale medio per l'aroma erbaceo delle 3 matrici alimentari

bisogno di metodi che colgono l'evoluzione temporale delle sensazioni. L'approccio proposto all'interno del progetto Ager2 VIOLIN è stato di abbinare la valutazione sensoriale con un metodo descrittivo dinamico e l'analisi dei composti volatili rilasciati durante l'assaggio di 2 oli, precedentemente caratterizzati e selezionati per essere differenti da punto di vista sensoriale. Le valutazioni sono state condotte sia con gli oli tal quali sia in combinazione con dei ceci o del pane. Un panel di giudici addestrati ha valutato ogni campione utilizzando il metodo "Temporal Check-All-That-Apply" (TCATA) fornendo una descrizione temporale delle sensazioni che si alternano durante l'assaggio. Contemporaneamente, attraverso una cannula all'interno della cavità nasale dei panelisti, sono state monitorate le concentrazioni di composti volatili presenti nell'aria espirata (*nose-space*) tramite uno spettrometro di massa ad iniezione diretta, nello specifico un PTR-ToF-MS. Quest'approccio ha permesso di capi-

re come le differenti matrici alimentari possano influenzare la descrizione sensoriale degli oli. Ad esempio, è stato osservato che il pane esalta la piccantezza dell'olio mentre i ceci la smorzano, invece per amaro ed astringenza non si sono visti degli effetti evidenti.

L'abbinamento con l'analisi del *nose space* ha inoltre permesso di capire il ruolo di alcuni composti volatili nella percezione di alcuni descrittori. Abbiamo, per esempio, osservato che l'aroma erbaceo degli oli, che aumenta in presenza di pane e diminuisce in abbinamento con i ceci, si evidenzia parallelamente all'evoluzione dell'intensità del segnale riconducibile alla *trans-2-e-senale* nella cavità nasale dei panelisti. L'approccio combinato di tecniche dinamiche sensoriali e strumentali permette di investigare il complesso processo alla base della percezione e di studiare il meccanismo responsabile delle caratteristiche sensoriali degli oli in situazioni vicine a quelle del normale consumo.

Per approfondire, visitare il sito ufficiale del progetto al seguente indirizzo: <https://olivoelio.progettoager.it/index.php/i-progetti-olio-e-olivo/violin-valorization-of-italian-olive-products-through-innovative-analytical-tools/violin-il-progetto>

PAROLE CHIAVE: olio di oliva, analisi sensoriale, composti volatili



La nicchia isotopica di uccelli passeriformi rispecchia le strategie migratorie

Il rapporto tra isotopi naturali nei tessuti animali fornisce informazioni importanti sulla loro ecologia e nicchia trofica. In animali che compiono lunghe migrazioni, come gli uccelli, gli isotopi possono portare con sé informazioni a scala continentale. In uno studio condotto nei laboratori dell'unità Tracciabilità della Fondazione Edmund Mach si sono misurati i rapporti isotopici di idrogeno ($\delta^2\text{H}$), ossigeno ($\delta^{18}\text{O}$), carbonio ($\delta^{13}\text{C}$) ed azoto

($\delta^{15}\text{N}$) nei tessuti di diverse specie di uccelli passeriformi catturate durante il passaggio migratorio sopra un passo alpino. Lo scopo era capire se andamenti temporali negli isotopi riflettessero le diverse strategie migratorie, e se la nicchia trofica ($\delta^{13}\text{C}$ - $\delta^{15}\text{N}$) e geografica ($\delta^2\text{H}$ - $\delta^{18}\text{O}$) fosse diversa tra specie a lunga (trans-sahariana) e corta (intra-paleartiche) migrazione. È stato osservato che, per entrambe le strategie migratorie, i valori di $\delta^2\text{H}$

ALESSANDRO FRANZOI

STEFANO LARSEN

PIETRO FRANCESCHI

KEITH A HOBSON*

PAOLO PEDRINI**

FEDERICA CAMIN***

LUANA BONTEMPO

* Environment and Climate Change Canada, Innovation Blvd., Canada

** MUSE - Museo della Scienza, Trento

*** Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento



diminuiscono durante la stagione di cattura, indicando che le popolazioni più settentrionali raggiungono il passo alpino più tardi rispetto a quelle meridionali (migrazione di Tipo-I). Inoltre, valori di $\delta^2\text{H}$ mostrano come l'area di nidificazione delle specie trans-sahariane si estenda più a nord rispetto ai migratori intra-palearctici.

L'ampiezza della nicchia trofica non mostra differenze tra i due gruppi migratori, sebbene le specie trans-sahariane siano caratterizzate da una più ampia nicchia geografica. Non si è osservata una relazione diretta tra i trend temporali delle popolazioni in Europa ed i parametri di nicchia ecologica stimati dai valori isotopici; questo suggerisce che le condizioni dell'habitat nelle aree di nidificazione non siano l'unico fattore ad influenzare l'abbondanza delle specie migratrici sul lungo termine.

Lo studio rappresenta un valido esempio di come le attività di cattura ed innellamento di uccelli migratori possano essere combinate con misure di isotopi naturali per fornire informazioni chiave per la conservazione delle specie.

Ulteriori informazioni sono disponibili nell'articolo pubblicato su Scientific Reports (2021) 11, 20800.

<https://doi.org/10.1038/s41598-021-00373-9>

PAROLE CHIAVE: uccelli passeriformi, migrazione autunnale, isotopi



Caciotte e *superfood*: arricchimento di prodotti caseari con corniola e ribes nero per ottenere formaggi arricchiti in polifenoli

ELENA FRANCIOSI
TIZIANA NARDIN*
ROBERTO LARCHER*
JONAS ANDERSEN
ANDREA MANCINI
PAVEL SOLOVYEV
LUANA BONTEMPO

* Centro Trasferimento Tecnologico,
Fondazione Edmund Mach

Lo sviluppo di prodotti lattiero-caseari addizionati con supplementi di origine vegetale ha raggiunto particolare *appeal* tra i consumatori. Questi tipi di ingredienti/integratori, oltre ad essere generalmente riconosciuti come sicuri, devono preferibilmente conferire sapore e/o colore ed essere *superfood* ovvero in grado di arrecare benefici per la salute umana. Il ribes nero (*Ribes nigrum*) e la bacca di corniola (*Cornus mas*) hanno un sapore caratteristico, sono dotati di un colore blu e rosso intenso e hanno un alto contenuto di polifenoli bioattivi, quindi sono ottimi candidati per l'arricchimento dei prodotti caseari. I

polifenoli in particolare sono uno dei pochi composti nutrizionali di cui i prodotti caseari scarseggiano. La nostra idea è stata quella di aggiungere a delle caciotte, al momento della messa in forma della cagliata, diverse quantità di ribes nero o bacche di corniola (0,3 e 0,6% peso secco / peso latte usato in partenza) in modo da avere un prodotto nuovo, più "attraente", e che faccia bene.

Cambiare però la ricetta di un prodotto tradizionale e ormai consolidato come può essere una caciotta comporta sempre dei rischi perché non si sa nulla sull'impatto che queste bacche possano avere sul pro-

dotto finito. Per questo, dopo una stagionatura di poco meno di un mese, ne abbiamo valutato non solo la composizione in polifenoli, ma anche la composizione microbica, per capire se il ribes nero e la bacca di corniolo possano interferire con la corretta fermentazione della caciotta, e gli aspetti organolettici per valutare eventuali influenze su gusto e odore. I polifenoli sono stati determinati utilizzando il metodo spettrometrico di Folin-Ciocalteu; la comunità microbica è stata determinata per conta su piastra e la composizione è stata determinata mediante spettroscopia di risonanza magnetica nucleare (RMN). Le caciotte sono anche state assaggiate da un panel non addestrato. Le caciotte arricchite con ribes nero e bacche di corniolo hanno mostrato un aumentato contenuto di polifenoli e inoltre, con nostra sorpresa, il ribes nero all'interno della caciotta



sapeva promuovere la crescita e lo sviluppo dei batteri lattici e di tutti i prodotti derivanti dal metabolismo batterico (acidi organici, aminoacidi, acido gamma-aminobutirrico). Gli arricchimenti non hanno inoltre influito su gusto e odore delle caciottes e non ne hanno impedito una corretta stagionatura. In futuro prevediamo di testare quantità più alte di bacche e testare altre bacche locali come ingredienti per le caciottes.

Caciottes addizionate con diversi quantitativi di bacche di corniolo

Per approfondire: *Frontiers in Nutrition* (2022), 9.
<https://doi.org/10.3389/fnut.2022.1023490>

PAROLE CHIAVE: caciotta, polifenoli, batteri lattici
SPECIE: *Ribes nigrum*, *Cornus mas*



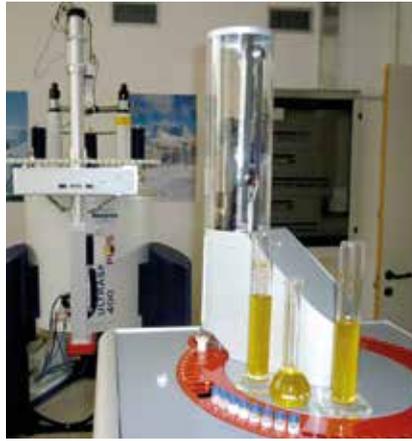
L'impronta digitale isotopica dell'olio d'oliva

L'olio extravergine di oliva riveste un ruolo fondamentale nel mercato dell'Unione europea (UE), che ne è il principale esportatore e consumatore mondiale. Circa il 98% degli ulivi al mondo è concentrato nel bacino del Mediterraneo. Questo prodotto gode di un riconoscimento globale per il suo valore nutrizionale e gli effetti benefici sulla salute; tuttavia, a causa dei numerosi casi di frode, i consumatori hanno perso fiducia nell'autenticità dell'olio d'oliva. Per proteggere produttori e consumatori, la normativa europea stabilisce che l'origine degli oli extra vergini

e vergini di oliva debba essere dichiarata in etichetta. Deve essere indicato almeno se l'olio proviene da uno specifico stato membro europeo o da un paese extra UE e se si tratta di una miscela di oli di oliva comunitari e/o extra UE. I metodi ufficiali di controllo della qualità dell'olio d'oliva si basano sull'analisi quantitativa di specifici composti chimici, ma questi parametri non consentono di verificarne la loro origine geografica. Al momento nessun metodo analitico ufficiale è in grado di verificare se un olio è stato prodotto dentro o fuori UE.

LUANA BONTEMPO
 MAURO PAOLINI
 PIETRO FRANCESCHI
 LUCA ZILLER
 FEDERICA CAMIN*

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento



L'analisi dei rapporti di isotopi stabili dei bioelementi leggeri (idrogeno, carbonio e ossigeno) mediante spettrometria di massa isotopica (IRMS) consente di rintracciare prodotti alimentari di diversa origine geografica. Questa potenzialità deriva dal fatto che i rapporti isotopici nei composti presenti in natura hanno valori diversi a seconda dell'origine (latitudine, altitudine, distanza dal mare), del clima (temperatura, umidità, piovosità) e delle caratteristiche geologiche della zona di origine, nonché delle pra-

tiche di concimazione adottate (concimazione organica/minerale). Una delle tendenze più recenti nei test di autenticità degli alimenti basati sull'analisi isotopica è l'analisi isotopica di composti specifici, che possono fornire ulteriori informazioni rispetto all'analisi isotopica dei prodotti tal quali. In uno studio condotto da FEM si sono analizzati i rapporti isotopici di carbonio, idrogeno e ossigeno negli oli di oliva tal quali, ma anche i rapporti isotopici di carbonio e, per la prima volta, anche di idrogeno nei quattro principali acidi grassi (acidi linoleico, oleico, palmitico e stearico). La composizione isotopica degli oli di oliva è stata utilizzata con successo per distinguere i campioni originari dell'UE e al di fuori dell'UE. Nello specifico, quando i dati isotopici degli acidi grassi sono stati combinati con quelli dell'olio tal quale, il potere di differenziazione del metodo è migliorato nettamente. Questa separazione è dovuta all'impronta isotopica specifica dei singoli paesi UE ed extra UE dove sono stati prodotti gli oli.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato da *Food Chemistry* (2019) 276, 782-789.

<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.10.077>

PAROLE CHIAVE: olio d'oliva, origine geografica, isotopi



PROMEDLIFE: nuovi snack per la PROMozione dello stile di vita MEDiterraneo e della sana alimentazione

LUANA BONTEMPO
ALBERTO RONCONE
LARA FONTANA
FLAVIA GASPERI*
ISABELLA ENDRIZZI

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente, università di Trento

La dieta mediterranea è da tempo considerata una pietra miliare nell'ambito di uno stile di vita sano, ma la popolazione più giovane ha perso il legame con i cibi tradizionali, mentre le persone anziane subiscono cambiamenti durante la loro vita che si traducono in significative modifiche della loro dieta.

Entrambe queste fasce di popolazione possono beneficiare di una dieta ricca di antiossidanti, che aiutano a prevenire molte malattie. PROMEDLIFE mira a invertire, attraverso un approccio multi-attore, il declino nell'adesione al modello mediterraneo considerando le specificità culturali e applicando approcci convalidati in



diversi ambienti culturali. Il consorzio PROMEDLIFE è coordinato dal Centro Ricerca e Innovazione della Fondazione Edmund Mach e comprende 12 partner provenienti da cinque paesi del Mediterraneo: Italia, Slovenia, Marocco, Tunisia e Grecia. Saranno adottati quattro approcci: 1) Il progetto analizzerà i fattori socio-economici, culturali e personali che spingono i consumatori ad adottare uno stile di vita sano. 2) PROMEDLIFE promuoverà azioni su misura e specifiche per ognuno dei paesi coinvolti utilizzando approcci di apprendimento attraverso il gioco e attività laboratoriali rivolti agli studenti delle scuole primarie e superiori e alle loro famiglie. 3) Una parte del lavoro sarà dedicata alla creazione di nuovi snack sani rivolti a grandi e piccini, a base di ingredienti tradizionali caratteristici dei paesi mediterranei coinvolti nel progetto (zafferano, datteri, olio di argan, verdure). I prodotti saranno testati in ognuno dei cinque paesi coinvolti in termini di accettabilità e capacità di promuovere scelte alimentari sane e verranno caratterizzati in base a composizione e bioattività. Saranno applicate e testate nuove tecniche di coltivazione e pratiche agronomiche

(ad es. approcci di coltura idroponiche e selezione di varietà locali) e tecnologie innovative di trasformazione alimentare. 4) PROMEDLIFE codificherà e valorizzerà i prodotti mediterranei locali attraverso lo sviluppo di un'etichettatura *ad hoc* degli alimenti considerati utilizzando strumenti innovativi per rafforzare il legame delle persone con il loro patrimonio culturale e locale e migliorare la consapevolezza verso scelte alimentari sane. Rivisitare la dieta mediterranea in chiave più moderna e accattivante attraverso un approccio trasversale garantirà il legame tra l'innovatività di PROMEDLIFE e il settore produttivo. PROMEDLIFE aspira a comprendere i fattori che influenzano le scelte sane dei consumatori e utilizzerà l'educazione per promuovere l'adesione allo stile di vita mediterraneo nelle giovani generazioni e nelle loro famiglie. Si lavorerà inoltre per conservare la biodiversità locale e sfruttare la sua unicità per lo sviluppo economico e culturale, migliorando al contempo la competitività sul mercato del cibo mediterraneo sostenibile prodotto localmente. Questo progetto fa parte del programma PRIMA sostenuto dall'Unione Europea.

Maggiori informazioni all'indirizzo <https://promedlifeproject.eu>

PAROLE CHIAVE: dieta mediterranea, educazione, abitudini alimentari







BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE





Il ghiaccio non è solo ghiaccio - cambiamenti qualitativi a causa dell'evoluzione climatica

ULRIKE OBERTEGGER

Con il cambiamento climatico diminuisce lo spessore del ghiaccio e si accorcia il periodo invernale, quando laghi e fiumi sono ghiacciati. Non cambia solo la quantità del ghiaccio, ma anche la sua qualità. Il progetto IceBlitz, promosso dalla comunità scientifica GLEON (Global Lake Ecological Observatory Network), ha analizzato i cambiamenti nella qualità del ghiaccio di 31 laghi situati nell'emisfero nord (incluso il lago di Tovel - un sito di ricerca a lungo termine) durante l'inverno 2020/2021, considerato uno degli inverni più caldi dal 1880. Si è notato che con l'avanzare della stagione invernale diminuisce il ghiaccio cosiddetto "nero", risultato del congelamento dell'acqua, mentre aumenta il ghiaccio "bianco", risultato dei processi di congelamento e

scioglimento delle precipitazioni. Questo aumento dello spessore del ghiaccio bianco è attribuito alla temperatura dell'aria che spesso è intorno al punto di congelamento durante inverni caldi.

Mentre il ghiaccio nero è stabile, il ghiaccio bianco è instabile e supporta meno peso. Di qui la necessità di controllare e monitorare il rapporto fra ghiaccio nero e bianco nei laghi. Con l'aumento del ghiaccio bianco aumenta il rischio di annegamento per persone e animali, che inconsapevolmente attraversano queste superfici ghiacciate meno stabili di una volta. Inoltre, mentre il ghiaccio nero è molto trasparente alla luce, il ghiaccio bianco non lascia passare la luce. La diminuzione della luce sotto il ghiaccio è un fattore molto im-

Inverno 2017, Lago di Tovel con ghiaccio nero e crepe superficiali create dai pattinatori

portante per i produttori primari. Le formule per calcolare quanto peso il ghiaccio può supportare e quanta luce passa attraverso il ghiaccio non considerano la qualità del ghiaccio.

Grazie allo studio IceBlitz è stato possibile proporre delle modifiche alle formule, considerando l'importanza di questi due diversi tipi di ghiaccio.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da Nature Communications (2022) 13(1), 4974.

<https://doi.org/10.1038/s41467-022-32633-1>

PAROLE CHIAVE: cambiamento climatico, ghiaccio, sito LTER lago di Tovel



La gestione del gambero di fiume in Trentino: un approccio ecologico integrato

Il gambero di fiume *Austropotamobius pallipes* complex è il più grande invertebrato nativo presente nelle acque dolci italiane, classificato nella Lista Rossa della IUCN quale specie in pericolo (EN) poiché in un solo decennio la specie ha subito una riduzione superiore al 50% della sua distribuzione globale. Per ridurre il rischio di estinzione nel medio-breve termine, la Direttiva Habitat richiede l'attuazione di misure di gestione e la designazione di zone speciali di conservazione per questa specie.

Il primo triennio di applicazione del "Piano di gestione del gambero di fiume in Trentino" realizzato nell'ambito del Progetto Europeo Life+T.E.N. è stato implementato da FEM nell'estate-autunno del periodo 2019-2021, con il monitoraggio di *A. pallipes* e dei suoi habitat, al fine di definire lo stato di conservazione delle popolazioni presenti, rilevare le minacce e definire azioni attive di tutela della specie. Seguendo le procedure indicate dal Piano, sono state rilevate la presenza/assenza della specie e le caratteri-

MARIA CRISTINA BRUNO
ANDREA GANDOLFI
MATTEO GIRARDI
IRENE LO PRESTI
LUCIA ZANOVELLO
STEFANO CASARI
HEIDI C. HAUFFE

Esemplare maschio di *Austropotamobius pallipes* (foto di Marco Omodei Salè)



stiche ambientali degli habitat in 145 corpi idrici potenzialmente idonei alla presenza del gambero. In seguito, per 38 delle 42 popolazioni rinvenute, è stata misurata l'abbondanza delle popolazioni con una o due ripetizioni annuali e sono stati raccolti dati biometrici. Inoltre, sono stati prelevati campioni di tessuto, analizzati per la caratterizzazione genetica delle popolazioni, essenziale per programmare le attività di ripopolamento e reintroduzione previste per il triennio 2023-2025, che saranno basate sulla congruenza genetica tra popolazioni sorgente e ricevente.

Nell'ambito dell'identificazione della presenza e intensità dei fattori di minaccia per le popolazioni note di *A. pallipes* è particolarmente importante rilevare la diffusione e trasmissione di patogeni, e in particolar modo dell'oomicete *Aphanomyces astaci*, agente eziologico della peste del

gambero, la più importante malattia infettiva dei crostacei d'acqua dolce, che può provocare gravi morie tra le popolazioni di gambero indigene europee. Tale patogeno è veicolato dall'introduzione di specie alloctone di origine nordamericana (*Procambarus clarkii* e *Faxonius limosus*), entrambe presenti in Trentino ma confinate a pochi laghi; l'individuazione precoce della presenza di *A. astaci* è fondamentale per il controllo e la gestione degli impatti causati da tale patogeno. È stato quindi predisposto un protocollo sperimentale di rilevazione della presenza di *A. astaci* basata su tecniche di barcoding di DNA ambientale (che richiedono la raccolta e il filtraggio in campo di campioni di acqua potenzialmente contenenti le spore di *A. astaci*), che ha dato risultati preliminari positivi e che verrà ulteriormente messa a punto nel corso del secondo triennio di monitoraggio.

PAROLE CHIAVE: Direttiva Habitat, specie invasive, conservazione *in situ*, gambero di fiume

SPECIE: *Austropotamobius pallipes*; *Procambarus clarkii*; *Faxonius limosus*

Un nuovo alieno nelle acque del Lago di Garda: prima segnalazione di *Dreissena bugensis* in Italia

ADRIANO BOSCAINI
MASSIMO PINDO
NICO SALMASO

Negli ecosistemi acquatici la comparsa di nuovi organismi provenienti da aree geografiche spesso lontane è uno dei fattori che può contribuire alla perdita di biodiversità.

Una nuova specie di mollusco bivalve ha raggiunto recentemente il Lago di Garda. Nel 2022, i ricercatori della Fondazione Edmund Mach hanno

individuato per la prima volta il suo DNA nelle acque e pochi mesi dopo hanno trovato numerosi individui sul fondale lacustre. Si tratta di *Dreissena bugensis* Andrusov, 1897 (quagga mussel). Questa è stata la prima segnalazione della sua presenza a sud delle Alpi. Gli esemplari raccolti sono stati classificati sia mediante l'analisi



Esemplari di *Dreissena*



Benna di Ponar per il campionamento

.....

si delle caratteristiche morfologiche della conchiglia, sia attraverso analisi genetiche e filogenetiche, utilizzando il gene mitocondriale COI.

Questa specie ha seguito, a quarant'anni di distanza, il congenere *Dreissena polymorpha* Phallas, 1771 (zebra mussel), osservata per la prima volta nel Lago di Garda negli anni '70. Le due specie, originarie dell'areale ponto-caspiano, prediligono habitat simili e quagga mussel ha sostituito in breve tempo zebra mussel nella maggior parte degli areali colonizzati, come accaduto nel Lago di Costanza. Questa maggiore competitività è stata attribuita a differenze nella fisiologia, che permettono a quagga mussel di riprodursi anche nella stagione invernale e di raggiungere profondità maggiori.

I dreissenidi vengono definiti "ingegneri" dell'ecosistema acquatico per il loro forte impatto sugli habitat dei fondali e sulla disponibilità di risorse per le altre specie, arrecando inoltre danni alle infrastrutture antropiche, per esempio otturando le tubature. Le principali caratteristiche distintive

della nuova specie sono i bordi della conchiglia arrotondati, la cui superficie è ornata da un'alternanza di bande chiare e scure. La conchiglia di zebra mussel presenta, invece, bordi più spigolosi, mentre l'alternanza di bande chiare e scure forma un disegno a zig-zag. La riproduzione di entrambe le specie prevede il rilascio delle uova, dalle quali si sviluppano le larve (veliger) che vivono liberamente sospese nell'acqua, fino a quando si depositano al fondo, fissandosi ai substrati mediante un bisso secreto da apposite ghiandole. I veliger possono essere trasportati accidentalmente all'interno degli scafi delle barche, mentre gli esemplari adulti si possono attaccare all'esterno, favorendone la dispersione in altri bacini idrografici non ancora colonizzati durante il trasferimento delle imbarcazioni da un lago all'altro. Per questo motivo sono urgenti misure specifiche, come le campagne di informazione per i proprietari di barche e la pulizia obbligatoria delle imbarcazioni.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *BioInvasions Records* (2022) 11(4): 1031-1044.

<https://doi.org/10.3391/bir.2022.11.4.21>

PAROLE CHIAVE: specie invasive, COI mitocondriale, Lago di Garda

SPECIE: *Dreissena bugensis*, *Dreissena polymorpha*



Potenzialità e criticità delle risorse idriche alpine dipendenti dal permafrost

MONICA TOLOTTI
DAVIDE ALBANESE
LUANA BONTEMPO
LEONARDO CERASINO
CLAUDIO DONATI
ALFREDO MAULE
MASSIMO PINDO
MARIA CRISTINA BRUNO

Le Alpi rappresentano uno *hot-spot* del cambiamento climatico, di cui la progressiva fusione dei ghiacciai rappresenta l'effetto più eclatante, aggravato negli ultimi anni dalla diminuzione delle precipitazioni atmosferiche. Se al momento i ghiacciai rappresentano il principale *driver* idrologico a livello alpino, è previsto che dopo il 2050 la loro fusione sarà così avanzata che il volume equivalente di acqua contenuto nel permafrost (suolo che rimane congelato per almeno due anni consecutivi) sorpasserà quello dei ghiacciai. Nei prossimi decenni, quindi, l'acqua contenuta sotto forma di ghiaccio nella tipologia di permafrost alpino dominante, ovvero i "ghiacciai di roccia", o *rock glacier*, costituirà una riserva non trascurabile grazie al minore tasso di fusione di questo ghiaccio sub-superficiale rispetto a quello dei ghiacciai. Tuttavia, i processi legati alla degradazione del permafrost influenzano la qualità fisica, chimica e biologica dell'acqua di fusione.

Recenti ricerche, condotte anche dalla Fondazione Edmund Mach, hanno mostrato che le acque di fusione dei *rock glacier* presentano elevate concentrazioni di soluti, ioni e numerosi elementi in traccia, che sono in grado

di influenzare la biodiversità acquatica (per es. di batteri e microalghe) e, talvolta, di precludere l'utilizzo a scopo potabile della risorsa idrica a livello locale.

Lo studio delle dinamiche stagionali delle quantità di soluti ed elementi in traccia e dei loro effetti sulla biodiversità e funzionalità delle comunità delle acque di alta quota influenzate da permafrost, costituisce l'obiettivo del progetto Euregio "ROCK-ME" (<https://rock-glaciers-euregio.fmach.it>), ideato e coordinato dall'Università di Bolzano e dall'Unità Idrobiologia di FEM, con la partecipazione dell'Accademia austriaca delle Scienze di Innsbruck. Il progetto, iniziato nell'aprile 2022, è basato su un approccio di sostituzione spazio-tempo in cui i tre bacini idrografici alpini oggetto di studio (Jamtal in Nord Tirolo, Schnalstal/Val Senales e Martelltal/Val Martello in Sud Tirolo), caratterizzati da un gradiente decrescente di presenza di ghiacciai e dalla presenza di *rock glacier* intatti e relitti, rappresentano un *proxy* delle future condizioni di deglaciazione alpina. Il progetto affianca indagini idrologiche e chimiche ad alta frequenza ad indagini biologiche classiche e con approccio metagenomico per lo studio dei meccanismi



Immagine del rock glacier attivo di Lazaun, Schnalstal/Val Senales (foto di M.C. Bruno)

molecolari di resistenze ai metalli pesanti delle comunità microbiche acquatiche.

I risultati del primo anno di studio confermano le peculiarità chimiche e biologiche delle acque di fusione dei

rock glacier nei tre bacini e indicano un effetto negativo delle eccezionali condizioni meteorologiche del 2022 (temperature elevate e siccità) sull'abbondanza e sulla diversità dei microrganismi acquatici alpini.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Science of the Total Environment* (2020) 717, 137101.

<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.137101>

PAROLE CHIAVE: permafrost, rock glaciers, risorse idriche



Il monitoraggio aerobiologico nel rilevamento di specie invasive: il caso studio dell'artemisia

La composizione in specie vegetali, o biodiversità vegetale, di un'area è soggetta a variazioni indotte da modificazioni di uso del suolo o habitat spesso causati, direttamente o indirettamente, dall'uomo. Un utile mezzo per stimare la biodiversità vegetale e le sue variazioni è costituito dall'analisi dei pollini aerodispersi e dei loro quantitativi, che permettono di risalire alle piante che li hanno prodotti, e che crescono nell'area di afferenza.

Un efficace esempio dell'utilizzo dei dati aeropollinici per valutare i cambiamenti di biodiversità e monitora-

re la presenza di specie invasive è lo studio svolto dall'Unità di Botanica Ambientale focalizzato sul polline di artemisia. L'artemisia, o assenzio, è una pianta erbacea, spesso aromatica, appartenente alla famiglia delle Compositae, o Asteraceae. Produce polline allergenico che può causare rinite nei soggetti sensibili. Nel territorio trentino si trovano dieci diverse specie di artemisia, alcune native, altre provenienti da altri paesi, che colonizzano soprattutto gli incolti e le zone antropizzate. Le specie di artemisia più rilevanti per diffusione e produzione di polline sono l'arte-

ANTONELLA CRISTOFORI
FABIANA CRISTOFOLINI
MARIA CRISTINA VIOLA
ELENA GOTTARDINI



misia selvatica (*Artemisia vulgaris*) e due specie esotiche di origine asiatica, l'artemisia annuale (*Artemisia annua*) e l'artemisia dei fratelli Verlot (*Artemisia verlotiorum*). In Trentino, l'artemisia volgare è la prima delle tre specie a fiorire, durante il mese di agosto, mentre l'artemisia annuale e l'artemisia dei fratelli Verlot fioriscono nei mesi di settembre e ottobre.

I quantitativi di polline di queste piante misurati in atmosfera hanno mostrato un andamento stagionale caratterizzato da due picchi di concentrazione in aria, che sono molto cambiati negli anni come proporzione reciproca, passando da una forte prevalenza di polline di artemisia nel mese di agosto, negli anni '90, fino ad arrivare ad un capovolgimento della situazione negli anni più recenti. Come si evince infatti dalle analisi aerobiologiche, mentre nel

1993 il picco di concentrazione pollinica di artemisia era ad agosto, nel 2019 la situazione era decisamente cambiata, con una quantità di pollini di artemisia più elevata durante i mesi di settembre e ottobre. Il grosso cambiamento nella presenza in atmosfera dei pollini di artemisia può essere dovuto a diversi fattori: è possibile ipotizzare che la diffusione delle due specie invasive di origine asiatica (artemisia annuale e dei fratelli Verlot) sia andata via via aumentando, o che le condizioni climatiche ne abbiano favorito la fioritura, con conseguente maggiore produzione di polline. Quanto osservato può avere ripercussioni sulla sintomatologia allergica, sia per la diversa composizione specifica sia perché il perdurare nel tempo di quantitativi significativi di polline potrebbe protrarre i fastidiosi sintomi anche nella stagione autunnale.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Aerobiologia* (2020) 36, 669-682.

<https://doi.org/10.1007/s10453-020-09663-7>

PAROLE CHIAVE: assenzio, polline, allergia

SPECIE: *Artemisia vulgaris*, *Artemisia annua*, *Artemisia verlotiorum*



Pollini in alta quota

.....
ELENA GOTTARDINI
ANTONELLA CRISTOFORI
FABIANA CRISTOFOLINI

Lo studio del particolato biologico aerodisperso è spesso limitato a zone antropizzate e di bassa quota, mentre poche informazioni sono disponibili per aree remote e montane. Conoscere quanti e quali pollini sono presenti in aria in un determinato momento dell'anno consente di studiare indirettamente la biodiversità della vegetazione e le sue variazioni nel tempo, inclusa la presenza di specie aliene e invasive. I dati aerobiologici sono importanti anche per chi soffre di allergie, perché consentono di adottare le misure più appropriate mirate a limitare l'esposizione agli allergeni e contenere la sintomatologia.

Al fine di ottenere dati riferiti ad ambienti di alta quota e cercare così di iniziare a colmare questa lacuna di conoscenze, la Fondazione Edmund Mach ha avviato uno studio volto a caratterizzare la qualità biologica dell'aria in ambiente alpino. A tale scopo sono stati intrapresi degli studi aerobiologici in Val di Rabbi - in accordo e con il supporto del settore trentino del Parco Nazionale dello Stelvio e la collaborazione di Agenzia Provinciale per la Protezione Ambientale (APPA) - e presso quattro rifugi alpini - in collaborazione con la Società Alpinisti Tridentini (SAT) e la Commissione Tutela Ambiente Montano (TAM). I dieci siti di studio si trovano ad una



quota compresa tra 1200 e 2600 m s.l.m., e i campionamenti sono svolti a cadenza settimanale, da giugno a settembre, utilizzando dei campionatori passivi Sigma-2, che risultano particolarmente adatti per studi in aree remote. Le analisi dei campioni avvengono sia tramite microscopia ottica, che consente l'identificazione tassonomica e la quantificazione dei granuli pollinici, sia adottando tecniche di eDNA metabarcoding al fine di migliorare il livello di precisione nell'identificazione dei pollini.

I primi risultati ottenuti con la microscopia ottica evidenziano complessivamente la presenza di 65 tipi di polline diversi; i granuli dei pollini prevalenti risultano appartenere alle famiglie delle Poaceae e Urticaceae, note per la loro allergenicità. Si è inoltre osservato come il periodo di

presenza di pollini in aria in alta quota sia decisamente più breve rispetto al fondovalle; i pollini risultano essere concentrati prevalentemente nel mese di luglio e via via in diminuzione già nella prima metà di agosto.

L'integrazione di questi dati con i risultati della biologia molecolare consentirà di caratterizzare in maniera più precisa la biodiversità atmosferica e di fornire indicazioni ancora più dettagliate sui livelli di esposizione ai pollini in alta quota per una migliore gestione delle pollinosi.

Questo studio è realizzato nell'ambito del Centro Nazionale per la Biodiversità (National Biodiversity Future Centre, NBFC) finanziato dal Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza (PNRR; MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.4 – D.D. 1034 17/06/2022, CN00000033).

PAROLE CHIAVE: polline, biodiversità, ambiente alpino

Foresta 4.0

.....
LUCA BELELLI MARCHESINI
LORIS VESCOVO
MAURO CAVAGNA
ISAAC CHINI
ROBERTO ZAMPEDRI
DAMIANO GIANELLE

Gli alberi svolgono molteplici funzioni ambientali fondamentali che comprendono la regolazione dei cicli biogeochimici e del clima, la conservazione del suolo e della biodiversità, la prevenzione della desertificazione, a cui si aggiungono le funzioni produttive e culturali, da sempre le più note, quali ad esempio la produzione di legno o la valorizzazione estetica del paesaggio. Gli alberi infatti contrastano attivamente l'aumento dell'effetto serra, causa del riscaldamento globale, sequestrando CO₂ atmosferica, ed ostacolano fenomeni di degrado ambientale quali l'erosione del suolo, rappresentando dunque una soluzione naturale a questi problemi (*nature based solution*).

Al contempo, la loro funzionalità è impattata negativamente dalla rapidità dei cambiamenti in corso ed in particolare dai fenomeni climatici estremi a cui è associato un crescente tasso di mortalità degli alberi, come osservato diffusamente in varie regioni del mondo.

Monitorare lo stato degli alberi significa poterne quantificare i servizi ambientali forniti e comprenderne la risposta rispetto ai fattori climatici ed ambientali, cogliendo in anticipo fenomeni di deperimento incipiente. Oggigiorno questa operazione è pos-

sibile grazie all'impiego di sensori IoT (*Internet of Things*) applicati ai singoli alberi che permettono di raccogliere dati in continuo sui parametri funzionali delle piante e sulle condizioni microclimatiche cui sono esposti.

La rete di osservazione delle foreste in Trentino della Fondazione Edmund Mach si basa sull'impiego di dispositivi TreeTalker e consta attualmente di circa 150 alberi tra faggi, abeti rossi e abeti bianchi nella fascia vegetazionale montana distribuiti in 6 siti tra il Parco Naturale Adamello Brenta, il Parco Naturale di Paneveggio Pale di San Martino, l'altopiano di Lavarone e la Val di Cembra.

I TreeTalker sono installati a 1.3 m da terra ed inviano a cadenza oraria dati relativi al fusto degli alberi (flusso di linfa, variazioni diametriche, temperatura e contenuto idrico, oscillazioni), allo spettro della radiazione solare trasmessa sotto chioma (12 bande), ed alla temperatura ed umidità relativa dell'aria, con la possibilità di monitorare opzionalmente anche il microclima del suolo.

L'Unità di Ecologia Forestale è attivamente impegnata nella verifica della qualità dei dati e nel loro miglioramento anche attraverso lo studio di sistemi sensoristici innovativi che consentano maggiore accuratezza e affidabilità in campo. In proiezione, l'uso di questi dispositivi di monitoraggio in foresta può essere ampliato anche alla rilevazione di immagini e suoni (*Imaging e soundscaping*).

I dati forniti dai TreeTalker si inseriscono nell'ambito di un approccio di ricerca a molteplici scala spaziale, dove la scala di albero complementa e completa le informazioni ritraibili delle immagini satellitari fino alla genomica forestale nel determinare la funzionalità e la biodiversità delle foreste e prevederne la futura evoluzione.



PAROLE CHIAVE: Internet of Things, biomonitoraggio, foreste alpine

SPECIE: *Abies alba*, *Fagus sylvatica*, *Picea abies*



Il progetto HIGHLANDER

Highlander è un progetto finanziato dall'UE avviato nel 2019, che sfrutta l'elaborazione di dati tramite High Performance Computing (HPC) per fornire supporto decisionale e di pianificazione per una gestione intelligente e sostenibile delle risorse ambientali. Attraverso l'uso dell'HPC, Highlander ha generato previsioni climatiche a breve e medio termine, inclusa la probabilità di eventi estremi e i relativi rischi per le risorse naturali. I dati climatici, le osservazioni satellitari e i dati raccolti in campo in modo automatizzato sono stati integrati e analizzati utilizzando strumenti come modelli numerici e algoritmi di apprendimento automatico, creando un insieme di dati e indicatori altamente dettagliati e armonizzati che supportano la gestione ambientale. L'Unità di Ecologia Forestale di FEM ha contribuito al progetto Highlander sviluppando e implementando stru-

menti basati sul telerilevamento per il monitoraggio delle foreste e praterie del Trentino. Inoltre, è stato implementato un monitoraggio ecofisiologico degli alberi nel Parco Naturale di Paneveggio mediante sensori IoT e una piattaforma digitale per la visualizzazione dei dati in tempo reale. Riguardo all'utilizzo del telerilevamento per il monitoraggio forestale, in primo luogo, è stato condotto uno studio relativo alla tempesta Vaia (ottobre 2018). In particolare, sono stati utilizzati sia sensori ottici (Planet e Sentinel-2) che radar ad apertura sintetica (SAR) (COSMO-SkyMed e Sentinel-1) per identificare vantaggi e svantaggi relativi all'utilizzo di questi dati per l'identificazione degli schianti. L'analisi ha mostrato che i dati di telerilevamento sono efficaci nel rilevare gli schianti ma ci sono anche limitazioni legate alla stagione e alle condizioni di acquisizione.

.....

DAMIANO GIANELLE
LORIS VESCOVO
MICHELE DALPONTE
LUCA BELELLI MARCHESINI
DANIELE MARINELLI
DAVIDE ANDREATTA
LORENZO FRIZZERA

Dopo Vaia, il bostrico (*Ips typographus*) si è diffuso fino a colpire 8000 ettari (fine 2022). È stato sviluppato un sistema automatico che sfrutta i dati satellitari per la rilevazione del bostrico. Lo strumento analizza le serie temporali di immagini cercando cambiamenti che possono essere associati allo stress della vegetazione e in particolare a un'infestazione di bostrico. Il risultato di questa analisi è una mappa che identifica non solo le infestazioni passate ma anche gli attacchi in atto.

Per quanto riguarda il monitoraggio delle praterie, la frequenza dei tagli è un fattore chiave nella composizione floristica dei prati e può essere utilizzata come indicatore del valore floristico-faunistico, del rischio di abbandono e dell'inquinamento da nitrati. Nell'ambito del progetto, è stato sviluppato e validato un nuovo algoritmo per la rilevazione degli eventi di falciatura utilizzando le serie temporali Sentinel-2. Il sistema sviluppato offre nuove opportunità per la definizione di politiche e sussidi per i prati.

Maggiori informazioni sul sito web del progetto

<https://highlanderproject.eu>

PAROLE CHIAVE: High Performance Computing, ambiente alpino, telerilevamento, bostrico

SPECIE: *Ips typographus*

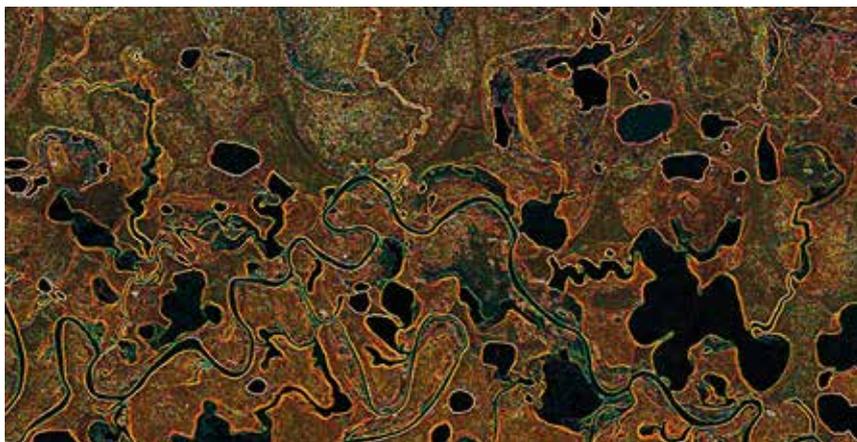


Il carbonio antico e le emissioni di gas serra dal permafrost della tundra siberiana

.....
LUCA BELELLI MARCHESINI

I cambiamenti climatici attuali sono particolarmente intensi nella regione artica dove il riscaldamento atmosferico procede ad un tasso circa doppio rispetto alla media globale (in proiezione $+5.3 \pm 1.7$ °C nel 2100 secondo lo scenario RCP4.5), costituendo una minaccia per la stabilità del permafrost, una delle più grandi riserve di carbonio organico negli ambienti terrestri. Il permafrost consiste in suolo congelato da almeno due anni consecutivi e, nella tundra artica, la vegetazione può crescere durante le brevi estati solo grazie allo scioglimento di uno strato superficiale di suolo, detto stato attivo, dove i residui vegetali si accumulano per poi decomporsi parzialmente. Secondo stime attuali, il carbonio stoccato nel permafrost è circa pari al doppio di quanto si trovi in forma gassosa nell'atmosfera della Terra e può derivare da materiale vegetale risalente fino a 50 mila anni fa, come nel caso degli Yedoma,

i depositi più antichi e al contempo vulnerabili, che conservano circa il 25% della riserva di carbonio presente nelle aree di permafrost. Il rapido riscaldamento del clima artico favorisce tuttavia lo scioglimento del permafrost, esponendo il carbonio in esso contenuto all'attività dei microrganismi e conseguentemente alla sua emissione in atmosfera sotto forma di gas ad effetto serra, principalmente anidride carbonica (CO₂) e metano (CH₄), aggravando ulteriormente il fenomeno del riscaldamento climatico. Il rischio del rilascio di grandi quantità di CH₄, potente gas serra, associato alla crescente disponibilità di carbonio "antico", ha pertanto catalizzato un crescente interesse scientifico e nuovi sforzi di ricerca. L'artico siberiano contiene la maggior parte del permafrost Yedoma ed è coperto fino al 50% da corpi idrici; proprio i suoi sistemi acquatici superficiali (laghi, stagni e fiumi) sono



Interpretazione creativa della tundra siberiana vista dallo spazio (immagine originale: Landast/Copernicus)

.....

ritenuti elementi di forte emissione di gas serra, specie di CH_4 , ma ad oggi la conoscenza del loro ruolo nel bilancio del carbonio della regione artica rimane estremamente limitata, così come lo è il grado in cui tali emissioni derivino dal carbonio stoccato nel permafrost da centinaia o migliaia di anni. Uno studio condotto nell'artico siberiano nord-orientale, a cui ha partecipato FEM, ha rivelato l'età del carbonio presente sotto forma di CO_2 , CH_4 e materia organica nelle acque interne di varia tipologia, determinando il contributo del permafrost

antico rispetto al carbonio emesso in atmosfera. In zone di intensa degradazione del permafrost si sono osservate emissioni associate a carbonio di origine antica (4.800 e 6.000 anni rispettivamente per CH_4 e CO_2), tuttavia più dell'80% del carbonio emesso è risultato di età contemporanea, indicandone una provenienza dalla decomposizione di biomassa di formazione relativamente recente. Il risultato si rivela utile per migliorare la comprensione dei meccanismi di reazione degli ambienti artici terrestri al riscaldamento climatico.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su Nature Communications (2020)11: 1627.

<https://doi.org/10.1038/s41467-020-15511-6>

PAROLE CHIAVE: cambiamento climatico, permafrost, gas serra



G-BiKE e la COP-15

All'interno delle attività della COST Action G-BiKE, la Fondazione Edmund Mach ha preso parte alla COP-15 - Conference of Parties, Convention on Biological Diversity (United Nations Environment Program), Montreal (Canada), 6-19 dicembre 2022. Centinaia di persone hanno visitato lo stand di G-Bike per informarsi sulla conservazione della diversità genetica. C'è stata quindi l'occasione di interfacciarsi con diversi decisori politici, rappresentanti di ONG, di gruppi indigeni

e ricercatori di vari paesi. L'obiettivo principale era assicurarsi che i rappresentanti dei vari paesi adottassero un testo forte e preciso relativamente ai Goal ed ai Target sulla diversità genetica nella versione finale del Global Biodiversity Framework. È stato poi organizzato un "side-event" il 10 dicembre 2022, che ha visto la partecipazione di circa 115 persone sul luogo e di oltre 100 persone collegate da tutto il mondo, in virtù anche della traduzione simultanea in francese,

.....

CRISTIANO VERNESI

arabo, spagnolo e cinese. Le presentazioni del side-event hanno fornito indicazioni su come il testo sulla diversità genetica possa essere scientificamente accurato e misurabile ed incontrare al tempo stesso le richieste della CBD, grazie anche ad una serie di indicatori semplici e di facile applicazione sviluppati di recente dal gruppo internazionale di G-Bike. Tali indicatori sono stati pensati per misurare i cambiamenti della diversità genetica; una delle loro caratteristiche salienti è quella di poter essere calcolati persino in assenza di dati basati sull'analisi del DNA, utilizzando i cosiddetti "proxy", come ad esempio la dimensione di censo della popolazione.

Abbiamo fornito supporto ai rappresentanti dei Paesi durante i negoziati, aiutando così i delegati ad adottare Goal, Target ed Indicatori ambiziosi.

I risultati di questi sforzi si sono tradotti in modo stupefacente nell'inclusione dei seguenti elementi nel testo finale ufficialmente ratificato e noto come il Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework:

Goal A [...] La diversità genetica all'interno delle popolazioni delle specie selvatiche e domestiche è mantenuta, salvaguardando il loro potenziale adattativo.

Target 4: [...] per mantenere e ripristinare la diversità genetica entro e tra le popolazioni delle specie selvatiche, native e domestiche, per preservare il loro potenziale adattativo, anche mediante pratiche di conservazione ex-situ ed in-situ [...].

Headline indicator A.5 for Goal A and Target 4: La proporzione di popolazioni entro una specie con una dimensione effettiva > 500.



È da sottolineare come prima non fosse presente alcun esplicito riferimento alla diversità genetica delle specie selvatiche e nessun indicatore per misurare i cambiamenti della diversità genetica. Nell'anno finale di attività, il network G-BiKE conti-

nuerà a lavorare mediante webinar, attività di formazione e pubblicazioni per sviluppare l'headline indicatore ed altri semplici indicatori e metriche per la conservazione delle popolazioni e del loro potenziale adattativo.

Per maggiori informazioni <https://www.g-bikegenetics.eu>

PAROLE CHIAVE: biodiversità, Convenzione sulla Diversità Biologica, COP-15, diversità genetica



DNA ambientale: un metodo di monitoraggio innovativo per la conservazione degli anfibi

I corpi idrici sono un'inestimabile ricchezza in termini di biodiversità, e grazie ai recenti sviluppi tecnologici nell'ambito della genetica per la conservazione, queste zone umide sono in grado di fornire informazioni indispensabili per la gestione delle specie che li frequentano. A partire da un semplice campione di acqua, infatti, è possibile estrarre il DNA e apprendere quali specie vi abitino o vi si siano anche solo soffermate brevemente. Gli studi di conservazione ed ecologia, infatti, sono attualmente supportati dal recente sviluppo di tecniche di campionamento "non invasivo", ovvero l'analisi di materiale genetico estratto da resti organici anziché prelevato da interi organismi. Questo DNA viene rilasciato naturalmente dagli animali nell'ambiente in cui vivono e si spostano attraverso le cellule disperse nelle feci, urina, peli, frammenti di pelle, fluidi corporei, gameti e così via.

Così è nato il progetto "ACQUA E VITA - monitoraggio innovativo della biodiversità degli ambienti acquatici", frutto di una collaborazione tra la Fondazione Edmund Mach, il Museo delle Scienze di Trento - MUSE, e la Riserva di Biosfera UNESCO Alpi Ledrensi e

Judicaria, che ne era il principale finanziatore.

Le zone interessate comprendevano laghi alpini, torbiere e pozze d'alpeggio. Nel corso della primavera e dell'estate del 2019 sono stati raccolti campioni di acqua da circa venti siti in Trentino. Ogni campione è stato filtrato attraverso appositi filtri (0,22 µm il diametro dei pori) per permettere la cattura del DNA disciolto in acqua. I campioni sono poi stati trasferiti ai laboratori della Fondazione Edmund Mach, dove il materiale genetico è stato estratto dai filtri e sequenziato. Le sequenze di DNA così ricavate sono state poi confrontate con quelle nel database del gruppo di ricerca. Questo processo ha permesso quindi di riconoscere le specie di anfibi presenti in ogni lago, zona umida e pozza d'acqua campionati all'interno della Riserva.

Un altro obiettivo dello studio era testare se lo stesso tipo di approccio fosse anche in grado di fornire dati sulla diversità genetica degli anfibi. Per questa parte del progetto è stata scelta come caso studio la rana di montagna, *Rana temporaria*. Anche in questo caso il protocollo ha dato risultati eccezionali: il numero di va-

.....
LUCIA ZANOVELLO
MATTEO GIRARDI
GIULIO GALLA
STEFANO CASARI
DIEGO MICHELETTI
HEIDI C. HAUFFE

Alla ricerca degli anfibi, Lago delle Buse (Passo Manghen, Provincia di Trento); l'insero mostra come i campioni di acqua vengono filtrati per catturare il DNA ambientale

.....



rianti genetiche ottenuto dal nuovo approccio presenta una forte correlazione con quello noto per le aree studiate. Lo studio ha pertanto dimostrato per la prima volta, a livello mondiale, che anche nel caso degli anfibi dal DNA ambientale è possibile ottenere informazioni sulla variabilità

genetica. Il progetto apre dunque la strada alla possibilità di ottenere informazioni fondamentali sullo stato di "salute" genetica di rane, salamandre e tritoni, attualmente specie minacciate dai cambiamenti climatici e dall'impatto antropico, grazie al semplice prelievo di campioni di acqua.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su Scientific Reports (2023), 13: 4346. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-31410-4>

PAROLE CHIAVE: eDNA, biodiversità, rana di montagna
SPECIE: *Rana temporaria*



MarmoGen: un progetto scientifico collaborativo a sostegno della conservazione e della gestione della trota marmorata

.....

ANDREA GANDOLFI
STEFANO CASARI
MATTEO GIRARDI
BARBARA CRESTANELLO
BARBARA SOFIA ILARDO
DIEGO MICHELETTI
HEIDI C. HAUFFE

La trota marmorata, *Salmo marmoratus*, è una specie endemica della regione alpina, di rilevante - e spesso conflittuale - interesse conservazionistico e socioeconomico. La specie è in pericolo critico di estinzione secondo la Lista Rossa dei Vertebrati Italiani ma è, al contempo, tra le prede più ambite per la pesca sportiva. Le popolazioni naturali della specie

hanno subito un marcato declino a seguito del degrado ambientale, aggravato da ulteriori impatti antropici. Tra questi, la pratica consolidata di introdurre in natura linee esotiche di trota - a sostegno delle attività alieutiche - ha ulteriormente impattato le popolazioni residue, originando il problema dell'ibridazione genetica. Se il ripristino degli habitat assume



Un raro esemplare di trota marmorata geneticamente non introgressa con la trota fario esotica

.....

indubbiamente il ruolo principale per il recupero delle popolazioni naturali, le misure di ripopolamento mediante *supplemental breeding* – con l'indispensabile supporto degli strumenti genetici – rimangono almeno temporaneamente necessarie per la conservazione della trota marmorata.

Il progetto MarmoGen (2017-2020) ha accompagnato l'avvio di un cambiamento radicale nelle modalità di gestione della trota marmorata in Alto Adige, passando dalla produzione quantitativamente orientata di materiale da semina a un nuovo paradigma, incentrato su qualità (definita su base genetica) e naturalità. Per garantire la continuità nel processo di ripristino di questa specie carismatica, che necessariamente richiederà un impegno a lungo termine, è stato avviato per il successivo triennio un nuovo progetto, MarmoGen2 (2021-2024). Il progetto ha permesso di valutare lo stato delle popolazioni residue di trota nel reticolo idrografico altoatesino, raccogliendo e integrando i dati quantitativi di popolazione e i dati fenotipici e genetici individuali.

Sono stati valutati quantitativamente i popolamenti residui di trota marmorata e il successo delle attività di ripopolamento. Durante le attività di *supplemental breeding*, i riproduttori selvatici sono stati analizzati e selezionati su base genetica, limitando così la propagazione degli ibridi.

Complessivamente, sono stati campionati e analizzati oltre 5.000 esemplari, di ogni classe d'età, da 75 siti in Alto Adige e sono stati selezionati oltre 550 riproduttori tra oltre 2.300 candidati.

Sono stati inoltre definiti e condivisi con gli stakeholder opportuni protocolli per la programmazione degli schemi di incrocio e per le fasi della fecondazione, finalizzati al mantenimento della diversità genetica, e per la gestione degli stock riproduttivi in cattività, volti ad evitare la domesticazione. La gestione degli individui in cattività è stata orientata verso modelli più naturaliformi, relativamente a morfologia delle vasche, densità di mantenimento e alimentazione e, in parallelo, sono state istituite aree di protezione integrale in natura.

PAROLE CHIAVE: introgressione genetica, *supplemental breeding*, specie a rischio

SPECIE: *Salmo marmoratus*



MICROVALU, studio della microbiodiversità dei pascoli alpini

.....
GIULIO GALLA
HEIDI C. HAUFFE

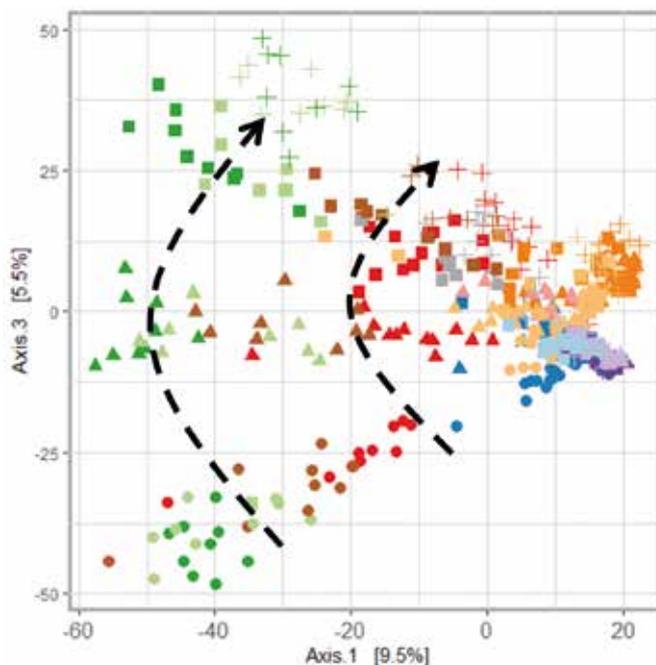
L'ecosistema dei pascoli alpini rappresenta un complesso habitat multidimensionale nel quale una moltitudine di specie animali e vegetali interagiscono tra loro e con un grande varietà di specie di batteri, funghi e virus (sia commensali che patogeni), formando una complessa rete relazionale che si estende sia sopra che all'interno del suolo.

Sebbene il ruolo delle comunità microbiche (microbiota) di suolo, piante e animali nel mantenimento di servizi ecosistemici essenziali per i loro ospiti e per l'intero ecosistema sia riconosciuto, la biodiversità microbica (microbiodiversità) dei pascoli alpini è ancora largamente inesplorata, sia a livello di singole specie dominanti, sia a livello di ecosistema. Lo studio della variazione della microbiodiversità in re-

lazione alle caratteristiche del suolo e ai principali parametri climatici è fondamentale per predire l'effetto dei cambiamenti climatici in questo ecosistema.

Il progetto MICROVALU, finanziato da GECT "Euregio Tirolo-Alto Adige-Trentino" (2019-2023) nell'ambito di una collaborazione con EURAC Bolzano e con l'Università di Innsbruck, si propone di predire l'impatto dei cambiamenti climatici sugli agro-ecosistemi alpini mediante lo studio delle variazioni nella microbiodiversità associata al suolo e alla rizosfera di due specie vegetali dominanti (*Carex* and *Festuca* spp.), artropodi (nematodi, collemboli, lombrichi, carabidi) e animali vertebrati (feci di specie selvatiche e da reddito) collezionati presso un sito di ricerca LTSER (Long-Term Socio-Ecological

Attività di campo presso l'area di campionamento locata a 2500 slm del sito ricerca socio-ecologica a lungo termine (LTSER) nella Val di Mazia
.....



Research) lungo un gradiente altitudinale (1000 m – 2500 m slm).

Lo studio fornisce una visione olistica della biodiversità associata a questo ecosistema, mettendo in luce la variabilità esistente nella diversità e nella composizione del microbiota dei principali gruppi funzionali che lo compongono, allo stesso tempo evidenziandone le similitudini. Le nostre stime di diversità dimostrano che suolo, gruppi funzionali di invertebrati e feci di animali selvatici e da reddito possiedono comunità batteriche e fungine distinte, il cui grado di dissimilarità varia al variare del gradiente altitudinale. In aggiunta a questo, il confronto delle comunità batteriche e fungine collezionate alle diverse altitudini mette in luce

differenze significative nell'abbondanza di molteplici taxa batterici e fungini sia nel suolo che, in misura minore, negli altri campioni. Poiché le diverse altitudini possono essere considerate informative in relazione a diversi scenari climatici, i nostri dati suggeriscono che i cambiamenti climatici possono influenzare la composizione delle comunità microbiche dei gruppi funzionali associati all'ecosistema dei pascoli alpini. Attualmente stiamo analizzando gli effetti di vari fattori biotici e abiotici sulla biodiversità osservata per capire come e perché queste comunità sono interconnesse, e fornire risultati innovativi utili a migliorare la gestione futura di questo importante agroecosistema.

Immagine a sinistra: Il sito di ricerca socio-ecologica a lungo termine (LTSER) nella Val di Mazia. Immagine a destra: PCoA generata dalle stime preliminari di diversità osservate nelle comunità fungine del sito LTSER, che mette in evidenza la differenziazione delle comunità microbiche di suolo (marrone), rizosfera (verde) e campioni fecali bovini (rosso) al variare del gradiente altitudinale rappresentato con diverse forme

.....

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su Scientific Reports (2023) 13: 4056. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-30916-1>

PAROLE CHIAVE: metatassonomia, ecologia microbica, fauna selvatica



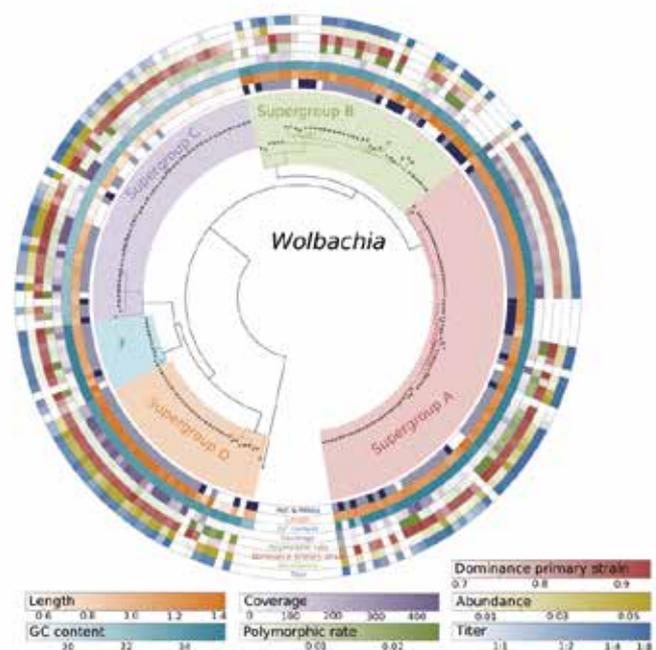
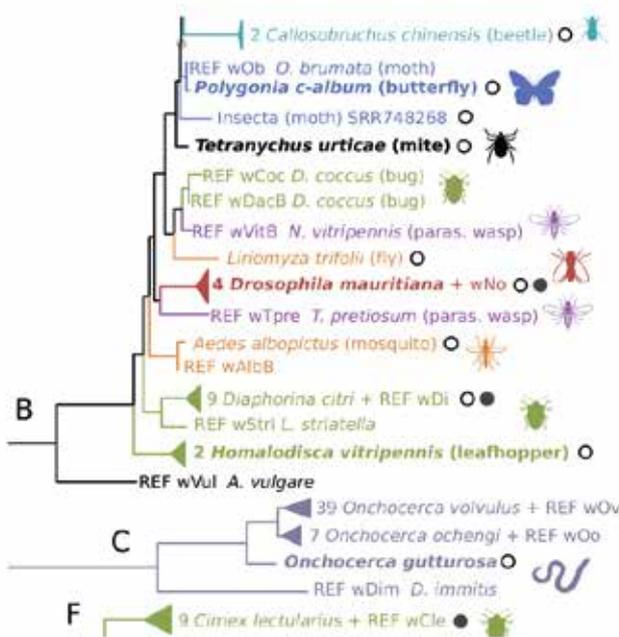
Evoluzione di *Wolbachia*: esplorare l'infezione batterica più diffusa nel mondo degli insetti

MATTHIAS SCHOLZ

Il batterio *Wolbachia* è uno dei più abbondanti simbionti intracellulari di nematodi, insetti e altri artropodi. Si stima che circa il 40-60% delle specie di insetti sia già infetto da *Wolbachia*. Tuttavia, le interazioni con i suoi insetti ospiti sono per lo più mutualistiche piuttosto che parassitarie. Anche se il batterio ha un forte impatto sulla biologia, l'ecologia e l'evoluzione dell'ospite, compresa la manipolazione della riproduzione dell'ospite al fine di aumentare la propria diffusione, alcune specie ospiti non possono più riprodursi, o addirittura sopravvivere, senza l'infestazione di *Wolbachia*. Per molti insetti, *Wolbachia* è un simbionte batterico essenziale che agisce come un mutualista nutrizionale, fornendo vitamine e sostanze nutritive importanti per la sopravvivenza dell'ospite e rafforzando il sistema immunitario dell'ospite. Ampliando il numero di genomi di *Wolbachia* disponibili, vogliamo creare un quadro dettagliato della diversità dei ceppi di *Wolbachia*, dell'evoluzione e del modo in cui *Wolbachia* si sta diffondendo tra i diversi insetti ospiti. Insieme agli scienziati dell'Univer-

sità di Trento, abbiamo ampliato il numero di genomi noti di *Wolbachia* esaminando oltre 30.000 dati di sequenziamento shotgun pubblicamente disponibili di più di 500 specie di ospiti, con un focus principale sugli insetti ospiti. Assemblando oltre 1.000 genomi di alta qualità, abbiamo fornito una raccolta su larga scala di genomi di *Wolbachia* che aumenta sostanzialmente la rappresentazione dell'ospite. Abbiamo assemblato molti genomi di batteri per specie non rappresentate, tra cui farfalle, api, vespe parassitoidi e acari. Sulla base della nostra vasta raccolta di genomi, abbiamo creato un enorme albero filogenetico che in ultima analisi chiarisce alcune questioni aperte riguardanti la diversità dei ceppi di *Wolbachia* e la coevoluzione batteri-ospiti. Possiamo dimostrare che ogni specie di insetto è rappresentata dal proprio ramo di ceppi batterici nell'albero *Wolbachia*, confermando un forte adattamento funzionale del batterio a un nuovo ospite. Ogni specie ospite porta il proprio ceppo specifico di *Wolbachia*, ben adattato all'insetto ospite. Il nostro confronto

Albero filogenetico della nostra vasta collezione di genomi di batteri *Wolbachia* originati da diverse specie di insetti ospiti



dei genomi ha rivelato diverse funzioni dei geni batterici necessarie per infettare determinati insetti ospiti e per indurre fenotipi specifici. Comprendere la diversità di *Wolbachia*, il cambio di ospite e l'adattamento funzionale a nuovi ospiti di insetti non è solo interessante dal punto di vista

evolutivo, ma ha anche una forte rilevanza pratica. Infettare permanentemente le zanzare *Anopheles* con un ceppo *Wolbachia* ben adattato è una strategia promettente per bloccare la trasmissione di malattie trasmesse dalle zanzare, tra cui la malaria e la febbre dengue.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su: Nature Communications (2020) 11(1):5235.

<http://dx.doi.org/10.1038/s41467-020-19016-0>

PAROLE CHIAVE: evoluzione batterica, interazione ospite-microbo, cambio di ospite batterico

SPECIE: *Wolbachia* spp., *Anopheles* spp.



La fenotipizzazione ad alto rendimento in *Arundo* rivela variazione inter- e intra- specifica nelle strategie di tolleranza ai deficit idrici

L'adattamento ai deficit idrici è uno dei temi più importanti negli studi di interazione pianta-ambiente. Il genere *Arundo* comprende numerose specie erbacee largamente distribuite in Europa. *Arundo donax* - ampiamente utilizzata come coltura da biomassa - è una specie sterile originaria dell'Asia e diffusa come specie aliena in molteplici areali europei. Al contrario, *Arundo donaciformis* ed *Arundo plinii* sono specie fertili ed autoctone, ma con una distribuzione nell'ecosistema d'origine significativamente inferiore rispetto all'alloctona *Arundo donax*. L'obiettivo dello studio è stato capire se la differente distribuzione delle specie negli areali europei è dovuta all'adattamento allo stress idrico e valutare il tasso di variazione intra-specifica dei caratteri fenotipici di interesse.

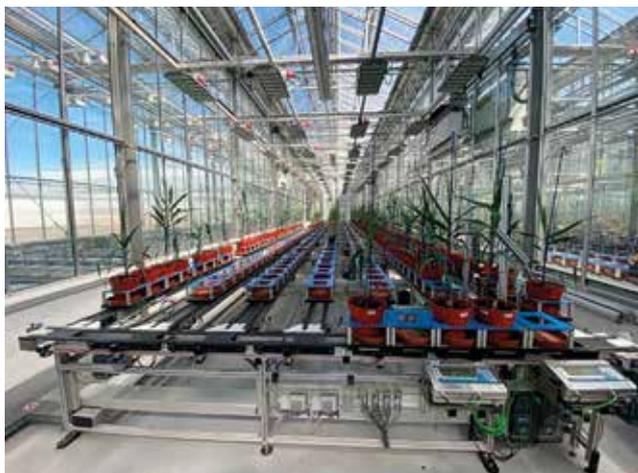
Popolazioni selvatiche sono state campionate in ambiente naturale, successivamente cresciute in ambiente controllato e sottoposte ad una serie di stress abiotici (tra i quali il deficit idrico). L'utilizzo della piattaforma

di fenotipizzazione del National Plant Phenomics Centre (UK) ha permesso in maniera continuativa lo studio automatizzato e non distruttivo di caratteri indotti dalla limitazione di risorsa idrica: la sensibilità della traspirazione allo stress idrico, l'accumulo di biomassa e la stima di induzione di senescenza fogliare.

I dati hanno mostrato che *Arundo donax* e *Arundo donaciformis* hanno una risposta conservativa alla limitazione idrica, sviluppando una spiccata sensibilità stomatica, una precoce riduzione nell'accumulo della biomassa e una limitata induzione di senescenza fogliare. Al contrario, in *Arundo plinii* sono state osservate risposte non conservative. Significative variazioni intraspecifiche sono comunque state osservate in *Arundo donax* con alcuni ecotipi che hanno manifestato superiori caratteri di tolleranza allo stress idrico.

Il lavoro ha mostrato come la veloce induzione di strategie di difesa allo stress idrico in *Arundo donax* potrebbe aver indotto un vantaggio in

.....
MICHELE FARALLI
MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO



Piante di *Arundo* nel fenotipizzatore del National Plant Phenomics Centre (UK)

.....

ambiente naturale, dove periodi irregolari di ridotte precipitazioni ed alte temperature richiedono un attento utilizzo della risorsa idrica accumulata nel terreno. Ciononostante, la variazione fenotipica ed intraspecifica presente in *Arundo donax* suggerisce la possibilità di selezionare ecotipi di interesse agronomico con diverse

combinazioni di caratteri di tolleranza, e quindi con superiore adattamento in areali svantaggiosi. Il lavoro mostra inoltre come l'utilizzo e l'ottimizzazione di tecniche automatizzate e non invasive di fenotipizzazione abbiano un ruolo cruciale nello studio delle interazioni pianta-ambiente.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Global Change Biology Bioenergy* (2021) 13: 753-769.

<https://doi.org/10.1111/gcbb.12810>

PAROLE CHIAVE: deficit idrico; canna comune; fenotipizzazione

SPECIE: *Arundo donaxiformis*, *Arundo plinii*, *Arundo donax*



Un possibile meccanismo per la riduzione dell'accumulo di metalli pesanti nelle piante agrarie scoperto grazie ad un lontanissimo parente selvatico

.....

MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

Le fitochelatina sintasi (PCS) sono enzimi che svolgono un ruolo essenziale nella detossificazione di un'ampia gamma di metalli pesanti nelle piante. Nonostante l'enzima sia stato caratterizzato in dettaglio nelle angiosperme, il suo ruolo funzionale e la sua rilevanza nella detossificazione da metalli pesanti nelle piante terrestri non vascolari che ancora popolano il nostro pianeta (briofite) non sono stati chiariti. Poiché le briofite

si sono separate dalla linea evolutiva che ha originato le piante vascolari circa 450 milioni di anni fa, le informazioni ottenute dalla caratterizzazione delle PCS di briofite forniscono importanti indizi su come l'antenato di tutte le piante terrestri sia stato in grado di affrontare la tossicità da metalli pesanti tipica degli ambienti terrestri e su come questo tratto si sia evoluto. Sebbene degli enzimi simili a PCS esistano anche nei cianobatteri,



L'epatica *Marchantia polymorpha* usata per lo studio dei meccanismi di detossificazione dei metalli pesanti

.....

in questi ultimi sono molto più corti delle PCS delle piante terrestri, che presentano un lungo dominio C-terminale probabilmente coinvolto nella regolazione dell'attività enzimatica. I dettagli di tale regolazione sono tuttavia ancora in gran parte sconosciuti. Nel tentativo di ottenere informazioni più approfondite sulla funzione del dominio C-Terminale della PCS abbiamo isolato e caratterizzato il gene *PCS* da *Marchantia polymorpha*, una specie di briofita modello ampiamente utilizzata per studi funzionali. Il gene di *M. polymorpha* è risultato complementare mediante trasformazione genetica alla mutazione del gene *PCS1* di *Arabidopsis thaliana*, dimostrando che il ruolo di PCS come attore principale nella detossificazione da metalli pesanti risale alle prime fasi della colonizzazione degli ambienti terrestri da parte delle piante. La caratterizzazione funzionale delle mutazioni sito-dirette nei motivi più conservati dell'enzima PCS di *M. poly-*

morpha ha ulteriormente scoperto due motivi di doppie cisteine che reprimono l'attivazione dell'enzima mediante esposizione a metalli pesanti. Questo meccanismo limita l'eccessiva attivazione dell'enzima a seguito di esposizione a metalli pesanti, che potrebbe altrimenti causare una produzione incontrollata di fitochelatine con conseguente deplezione del glutathione, un agente riducente fondamentale per mantenere l'omeostasi redox nelle cellule vegetali. Questi risultati sono interessanti in quanto evidenziano una funzione ancestrale dell'elusivo dominio C-terminale della PCS nella regolazione dell'attività enzimatica. Potrebbero quindi essere rilevanti per ottenere tramite *editing* genomico delle specie di interesse agricolo con ridotta mobilità radice-germoglio del cadmio, prevenendo così l'accumulo di questo pericoloso metallo pesante nella catena alimentare e negli alimenti destinati al consumo umano.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Journal of experimental Botany* (2020) 71(20): 6655-6669.
<https://doi.org/10.1093/jxb/eraa386>

PAROLE CHIAVE: metalli pesanti, fitochelatina sintasi, briofite
SPECIE: *Marchantia polymorpha*, *Arabidopsis thaliana*

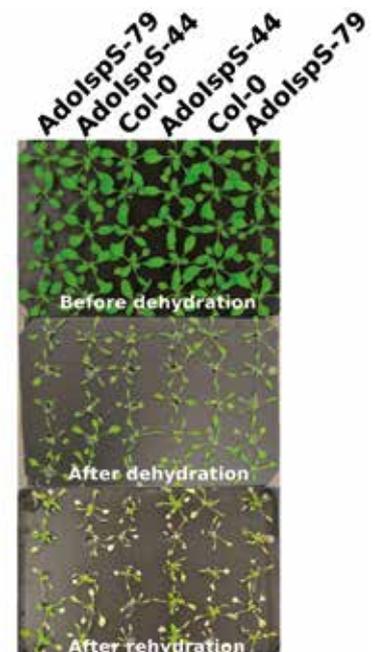
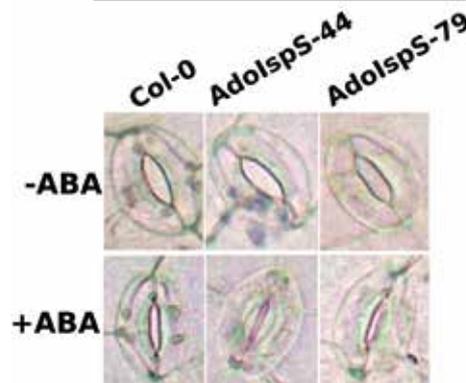
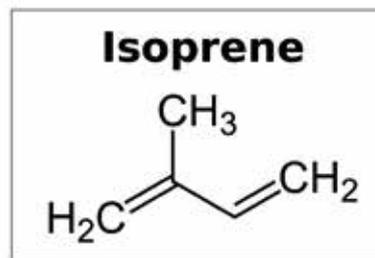


Nuovi elementi verso la comprensione del ruolo dell'emissione di isoprene nella tolleranza delle piante agli stress ambientali

.....
 MINGAI LI
 ENRICO BARBARO
 CLAUDIO VAROTTO

L'isoprene è il singolo composto biogenico organico volatile (BVOC) più abbondante emesso dalle piante. Nonostante la rilevanza di questa molecola per la tolleranza delle piante agli stress abiotici e il suo impatto sulla chimica atmosferica globale, si sa ancora relativamente poco su come l'isoprene renda le piante più tolleranti al calore, allo stress ossidativo e alla siccità. L'Unità di Ecogenomica si è concentrata sulla dissezione dei meccanismi molecolari che consentono all'isoprene di conferire tolleranza alla siccità utilizzando la specie modello *Arabidopsis thaliana*, che non emette isoprene, come sistema eterologo per la sovraespressione dell'*isoprene sintasi (IspS)*. *IspS* è l'unico gene responsabile della biosintesi dell'isoprene in tutte le specie di piante che emettono naturalmente isoprene, per cui abbiamo studiato la variazione naturale nell'attività enzimatica di *IspS* da diverse specie monocotiledoni delle famiglie delle Poaceae e delle Arecaceae. Lo sviluppo di un metodo di screening ad alto rendimento per

l'emissione di isoprene basato su PTR-ToF-MS in collaborazione con la Piattaforma Composti Volatili in FEM è stato determinante per l'identificazione di piante di *Arabidopsis thaliana* altamente emittenti a seguito di trasformazione con *IspS* da diverse specie vegetali. Questo a sua volta ci ha permesso di identificare in modo affidabile le differenze di sviluppo e tolleranza allo stress indotte dall'emissione di isoprene rispetto alle piante non trasformate. I risultati di questo sforzo comparativo su larga scala indicano che l'isoprene influisce sulla cascata di segnalazione dell'acido abscissico (ABA) a diverse scale, migliorando la sensibilità stomatica all'ABA attraverso la sovraespressione del gene regolatore delle risposte alla siccità *RD29B*. Al contrario, nei semi in germinazione e nelle radici l'isoprene diminuisce la sensibilità all'ABA, suggerendo l'esistenza di meccanismi d'azione tessuto-specifici ancora ignoti. Nelle foglie, l'isoprene causa una maggiore tolleranza allo



Piante di *Arabidopsis* che sovraesprimono il gene *IspS* di *Arundo donax* sono più tolleranti allo stress idrico ed hanno una migliore risposta di chiusura stomatica all'ABA

.....

stress da carenza idrica attraverso la sottoespressione dei geni *COR15A* e *P5CS*, migliorando così l'integrità della membrana cellulare e la tolleranza allo stress osmotico.

Confrontando le linee di *Arabidopsis* trasformate con il gene *IspS* nativo di *Arundo donax* (che emettono isoprene) con quelle trasformate con una versione mutata del gene che causa l'emissione di ocimene, è stato possibile dimostrare che gli emettitori di isoprene in stress idrico hanno un comportamento idrico conservativo e chiudono gli stomi prima degli

emettitori di ocimene, che mostrano quindi un comportamento idrico non conservativo.

Questi risultati suggeriscono che i meccanismi d'azione dell'isoprene differiscono da quelli di altri BVOC in termini di conservazione idrica e adattamento allo stress e che lo sviluppo tramite *editing* genomico di colture come pioppo, eucalipto, palme da olio e datteri prive di emissioni di isoprene e quindi con meno impatti potenziali sulla qualità dell'aria potrebbero essere meno produttive e resistenti agli stress ambientali.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su International Journal of Molecular Sciences 2020, 21(12), 4276.

<https://doi.org/10.3390/ijms21124276>

PAROLE CHIAVE: isoprene biologico, composti volatili, stress idrico, stress abiotici

SPECIE: *Arundo donax*, *Arabidopsis thaliana*

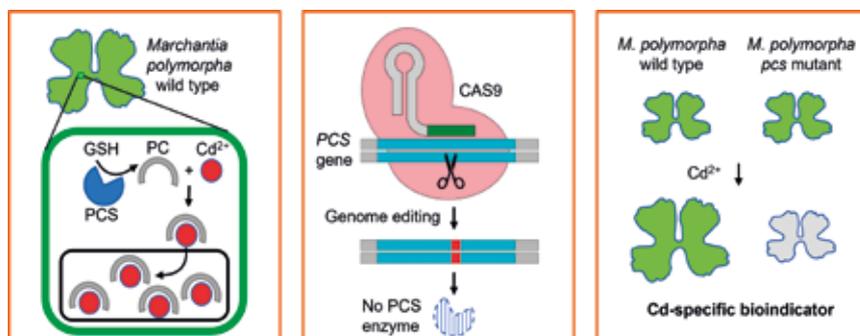


Le briofite come modelli emergenti dei meccanismi di accumulo, tolleranza e detossificazione di metalli pesanti nelle piante

I metalli e i metalloidi sono componenti naturali della crosta terrestre, per cui la capacità delle piante di detossificare metalli e metalloidi derivanti dai processi naturali di alterazione delle rocce è una caratteristica antica e diffusa. Diverse specie di piante terrestri hanno sviluppato vari gradi di capacità nel tollerare elementi potenzialmente tossici per

sopravvivere e crescere in aree contaminate. Gli studi finora condotti in questo campo di ricerca si sono concentrati principalmente sulle angiosperme, mentre altri cladi vegetali sono stati in qualche modo trascurati. Studi recenti hanno invece rivelato il potenziale di briofite, pteridofite e gimnosperme nelle scienze ambientali, sia come utili indicatori della

MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO



Il mutante *knockout* della fitochelatina sintasi in *M. polymorpha* può essere applicabile come bioindicatore dell'inquinamento da Cd²⁺



salute dell'habitat e dell'inquinamento da parte di diverse sostanze tossiche, sia come efficaci strumenti per la bonifica di suoli e acque contaminati. Tuttavia si sa molto poco sui geni delle briofite responsabili della detossificazione da metalli/metalloidi, una conoscenza, quest'ultima, che potrebbe fornire nuovi strumenti per applicazioni di monitoraggio ambientale.

L'enzima fitochelatina sintasi (PCS) è responsabile in piante della biosintesi delle fitochelatine (PCn), dei potenti chelanti di metalli e metalloidi che svolgono ruoli essenziali nella detossificazione dei metalli pesanti e dell'arsenico nel regno vegetale. Mediante trasformazione genetica e *editing* del genoma con CRISPR/Cas9 (acronimo inglese di ripetizioni palindromiche corte (CRISPR)/proteine associate a CRISPR 9), abbiamo ottenuto linee della briofita modello *Marchantia polymorpha* con attività

de-regolata del gene *MpPCS*, Inoltre *MpPCS* è stato anche sovraespresso in *M. polymorpha* per studiarne la funzione ancora più in dettaglio. La caratterizzazione genetica, biochimica e fisiologica di entrambe le linee con perdita e aumento di funzione dell'enzima hanno fornito la prova che *MpPCS* svolge un ruolo essenziale nella detossificazione del cadmio (Cd^{2+}), ma non dell'arsenico (As^{3+}) o di altri cationi metallici bivalenti in *M. polymorpha*. Ciò indica che la capacità di detossificare il Cd^{2+} è una funzione plesiomorfica (cioè ancestrale) e importante della PCS in tutte le piante terrestri. L'ipersensibilità al cadmio suggerisce inoltre che i mutanti *Mp-pcs* potrebbero essere potenzialmente utilizzati come bioindicatori altamente specifici e a basso costo dell'inquinamento da Cd^{2+} nell'ambiente attraverso la valutazione visiva diretta della crescita e della pigmentazione delle piante.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su Journal of Hazardous Materials (2022) 440: 129844.

<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.129844>

PAROLE CHIAVE: fitochelatina sintasi, miglioramento genetico, bioindicatore

SPECIE: *Marchantia polymorpha*





La memoria guida la base della ricerca del foraggiamento nei grandi mammiferi selvatici

I ricercatori hanno scoperto che le decisioni legate alla ricerca di foraggiamento dei caprioli sono guidate principalmente dall'esperienza e non dalla sola percezione sensoriale. I processi cognitivi alla base di tali decisioni in natura non sono ben compresi, in parte perché è difficile distinguere gli effetti della percezione sensoriale da quelli della memoria sui movimenti degli animali. Si è cercata una risposta a questa domanda ponendo collari GPS su 18 caprioli e seguendo i loro movimenti durante la manipolazione del cibo, attraverso un esperimento sul campo unico nel suo genere. Più di 50 siti di alimentazione, tipicamente costituiti da vassoi riempiti di mais, sono tradizionalmente utilizzati dai cacciatori in tutta l'area di studio. Gli autori hanno posiziona-

to delle tavole di legno sopra questi vassoi, limitando l'accesso al mais per due settimane, mentre il cibo e i segnali sensoriali associati, come l'odore, erano ancora presenti. I caprioli hanno trascorso solo il 5% del tempo presso questi siti manipolati durante il periodo di chiusura, rispetto al 31% del tempo durante le due settimane precedenti. I risultati supportano un modello matematico del comportamento di ricerca del cibo basato sulla memoria, ma non un modello basato sulla percezione, che non prevedeva una diminuzione della frequentazione dei siti. Le decisioni da parte dei caprioli si basavano sull'esperienza recente in merito alla posizione e accessibilità del cibo, consentendo loro di adattarsi a cambiamenti improvvisi nella disponibilità delle risorse, com-

FRANCESCA CAGNACCI
NATHAN RANC
FEDERICO OSSI
PAUL MOORCROFT*

* Università di Harvard, Cambridge,
Stati Uniti d'America

binando efficacemente la memoria spaziale a lungo e a breve termine. Un altro studio basato sullo stesso quadro teorico ha utilizzato i dati di 17 caprioli reintrodotti nell'Italia meridionale (Parco Nazionale dell'Aspromonte), dove i caprioli erano localmente estinti da oltre un secolo. I caprioli hanno stabilito gli *home range*, uno degli schemi di utilizzo dello spazio più comuni osservati nel regno animale, combinando la preferenza per le risorse e la memoria spazia-

le, adattandosi alle previsioni di un modello matematico sviluppato dai ricercatori.

Capire come gli animali rispondono alle mutevoli condizioni ambientali, quali la disponibilità di risorse, e come e perché scelgono lo spazio in cui vivere è fondamentale per progettare strategie efficaci di conservazione e gestione della fauna selvatica. Gli studi sono il risultato di una collaborazione tra la Fondazione Edmund Mach e l'Università di Harvard.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato in *Proceedings of the National Academy of Sciences* (2021) 118(15), e2014856118.
<https://doi.org/10.1073/pnas.2014856118>



PAROLE CHIAVE: memoria spaziale, cognizione animale, siti di foraggiamento artificiale
SPECIE: *Capreolus capreolus*

Connettività ecologica nella matrice antropica alpina. Riserve naturali e corridoi per la conservazione dell'orso bruno nelle Alpi

ANDREA CORRADINI
LUCA PEDROTTI*
CLARA TATTONI**
MARCO CIOLLI***
FRANCESCA CAGNACCI

* Parco Nazionale dello Stelvio, Bormio e Servizio Foreste e Fauna, Provincia Autonoma di Trento
** Dipartimento di Scienze Teoriche e Applicate, università dell'Insubria, Varese
*** Dipartimento di Ingegneria Civile, Ambientale e Meccanica, università di Trento

Le Alpi sono una delle aree montane con la più alta presenza umana al mondo. Se da una parte alcune zone hanno registrato un declino demografico a causa dello spopolamento, negli ultimi anni c'è stata una crescita dei visitatori, in particolare per le attività ricreative all'aperto (ad esempio attività sportive ed escursionismo), in tutto il territorio alpino. Grazie a una rete infrastrutturale sempre più ricca e diffusa, in parallelo è anche aumentata l'accessibilità alle aree naturali extraurbane. Come conseguenza di questa maggiore frequentazione della montagna, diverse specie animali, fra cui l'orso, si stanno adattando per convivere con l'uomo.

Il progetto AlpBearConnect, sviluppato in collaborazione scientifica con l'Università di Trento e con il Parco Nazionale dello Stelvio, con il supporto del MUSE ed il Settore Grandi

Carnivori della Provincia Autonoma di Trento, ha dimostrato che gli orsi selezionano, all'interno dei loro *home range*, le zone dove le attività ricreative all'aperto sono meno intense. Per quanto gli orsi abbiano una chiara mappa cognitiva del territorio in cui vivono e generalmente evitano, quando possibile, l'uomo, ci sono momenti in cui gli individui sono particolarmente vulnerabili al disturbo antropico, in particolare durante il riposo o l'alimentazione. Quantificare la risposta comportamentale degli orsi in questi momenti è importante sia per minimizzare gli incontri uomo-orso che per garantire il benessere animale.

Grazie alla telemetria satellitare di 12 orsi è stato possibile individuare oltre 500 siti di riposo giornalieri sparsi nel territorio provinciale. Per ogni sito sono state misurate l'inten-



sità locale delle attività ricreative e le caratteristiche ambientali. È stato osservato che la maggior parte dei siti di riposo è stata utilizzata durante le ore del giorno, cioè quando il disturbo è maggiore. Inoltre gli orsi hanno selezionato i siti di riposo in aree con minore disturbo umano, maggiore copertura forestale e minore accessibilità. La selezione dello spazio degli orsi è stata esaminata anche in relazione alle aree con alta ricchezza di frutti carnosi (aree di foraggiamento naturali) e all'uso della rete sentieristica da parte delle persone. È stato osservato che l'accesso

a queste aree è modulato dalla presenza umana, dato che gli orsi evitano aree con alta ricchezza di frutti se queste si trovano in zone con alta frequentazione umana. Sebbene questo comportamento si manifesti durante tutto l'anno, è particolarmente evidente nel periodo autunnale, quando gli animali necessitano il maggior quantitativo di calorie (fase dell'iperfagia autunnale).

Questi risultati dimostrano come la distribuzione spazio-temporale e l'intensità del disturbo umano influenzano il comportamento e l'uso dello spazio degli orsi alpini.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Biological Conservation* (2021) 253, 108818.

<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108818>

PAROLE CHIAVE: cumulative outdoor activity Index, mobilità umana, evitamento spazio-temporale del rischio

SPECIE: *Ursus arctos*



Il progetto UNGULALPS - Analisi delle relazioni trofiche in un ecosistema alpino

CHARLOTTE VANDERLOCHT

FEDERICO OSSI

ANDREA CORRADINI

SIMONE DAL FARRA

LAURA LIMONCIELLO

NOEMI SQUILLACI

BENJAMIN ROBIRA

LUCA PEDROTTI*

LUANA BONTEMPO

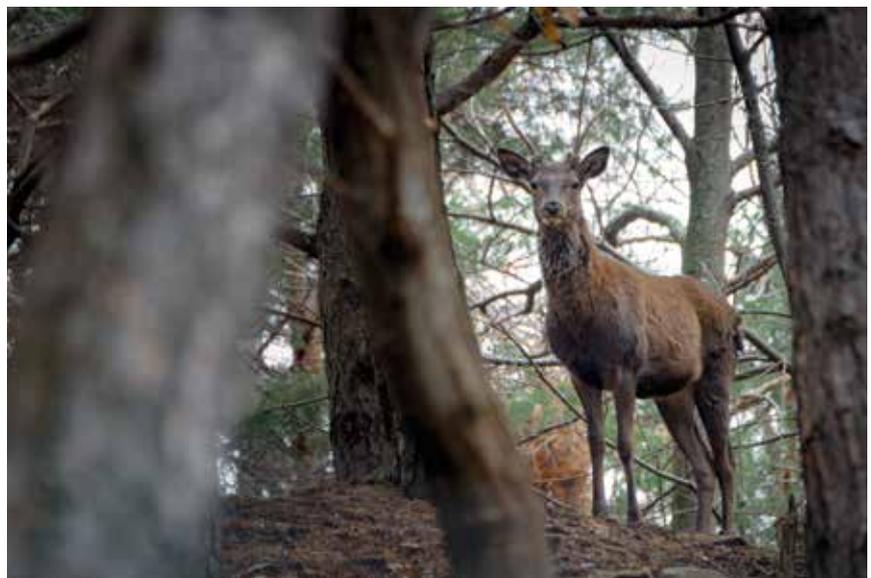
HEIDI C. HAUFFE

FRANCESCA CAGNACCI

* Parco Nazionale dello Stelvio, Bormio e Servizio Foreste e Fauna, Provincia Autonoma di Trento

Negli ultimi decenni, le modifiche antropiche e i cambiamenti climatici hanno profondamente rimodellato il paesaggio alpino. Il turismo di massa e l'aumento dei trasporti minacciano la connettività degli habitat, sono state attuate diverse leggi di protezione della natura, e le praterie aperte e i pascoli per le pratiche di allevamento classiche sono stati in gran parte sostituiti dalla copertura forestale. Di conseguenza, anche le comunità di mammiferi che abitano questo paesaggio in trasformazione ne hanno risentito. In particolare, le popolazioni di cervo rosso (*Cervus elaphus*) si sono espanse in modo sostanziale, influenzando potenzialmente la comunità vegetale e le relazioni interspecifiche con altri ungulati come il capriolo (*Capreolus capreolus*) o il camoscio (*Rupicapra rupicapra*). Inoltre, la concomitante ricolonizzazione delle Alpi da parte del lupo (*Canis lupus*) ha il potenziale di innescare effetti top-down nell'intero ecosistema. In questo contesto dinamico, le interazioni tra i grandi erbivori alpini e tra gli erbivori e altri livelli trofici, ad esempio carnivori, piante o microbiota, sono ancora in gran parte inesplorate. Il progetto

UNGULALPS mira a comprendere le relazioni orizzontali e verticali degli ungulati di montagna e a distinguere le loro cause in diversi contesti biotici, climatici e gestionali. Applicando un approccio multidisciplinare, vengono studiate le relazioni funzionali a livello di ecosistema e di paesaggio (ad esempio, cascate trofiche, microbiota, connettività), di comunità (ad esempio, predazione o erbivoria), di gruppo (ad esempio, competizione, suddivisione della nicchia) e di popolazione (ad esempio, demografia, movimento). Ciò avviene attraverso l'acquisizione di dati da fototrappole, campionamenti sul campo della vegetazione, raccolta di campioni di suolo, vegetazione, feci di mammiferi e peli. I dati delle fototrappole permettono di valutare la composizione della comunità, l'attività spazio-temporale e la demografia spaziale della popolazione. I campioni fecali sono utilizzati per l'identificazione genetica degli individui, la caratterizzazione della dieta (metabarcoding) e la composizione del microbiota intestinale (metatassonomia); i campioni di suolo, vegetazione e peli sono utilizzati per tracciare il flusso di energia nell'ecosistema mediante analisi de-



gli isotopi stabili. Inoltre, i cervi marcati con radiocollari GPS forniscono dati sul movimento e sulla connettività. Questo progetto ambisce a fornire progressi fondamentali nell'eco-

logia di comunità e di movimento dei grandi mammiferi alpini ponendosi come quadro metodologico di riferimento per lo studio di altri sistemi a rischio sull'arco alpino e non solo.

PAROLE CHIAVE: cascate trofiche, comunità di mammiferi, ambiente alpino

SPECIE: *Cervus elaphus*, *Capreolus capreolus*, *Rupicapra rupicapra*, *Canis lupus*

Zanzara tigre in Trentino: il clima non è più un ostacolo!

Negli ultimi decenni diverse specie di zanzare provenienti dall'Asia hanno colonizzato con successo nuove aree molto distanti dalla loro zona d'origine. È il caso ad esempio di *Aedes albopictus* (la zanzara tigre) presente dai primi anni 2000 nella nostra provincia, in cui ha colonizzato stabilmente i centri urbani di tutte le valli al di sotto dei 600 m s.l.m. La diffusione della zanzara tigre, favorita dai cambiamenti climatici in atto, è causa di seri problemi dovuti all'attività ectoparassitaria. L'intensità delle punture da parte di questa specie è talvolta tale da costringere le vittime ad abbandonare le attività condotte all'aperto per rifugiarsi al chiuso. Inoltre rappresenta un potenziale grave problema dal punto di vista della salute pubblica poiché in grado di trasmettere diversi

agenti patogeni quando punge gli esseri umani; attività svolta dalle femmine per nutrirsi di sangue necessario per la produzione delle uova.

È noto che la temperatura è un fattore cruciale che influenza la biologia delle zanzare. Abbiamo quindi condotto degli esperimenti per capire se la zanzara tigre si sia ormai adattata alle condizioni climatiche del nostro territorio, più freddo rispetto a quello di origine, e confrontato i risultati ottenuti con dati noti per le zanzare presenti in zone sub-tropicali.

Gli esperimenti sono stati condotti negli armadi climatici di cui è dotato il nuovo insettario della Fondazione Edmund Mach usando esemplari allevati nella colonia stabilita nel 2018 da uova raccolte in Trentino. Abbiamo scoperto che gli stadi immaturi

.....

GIOVANNI MARINI

DANIELE ARNOLDI

ENRICO INAMA

FRANCESCA DAGOSTIN

FAUSTA ROSSO

VALENTINA TAGLIAPIETRA

MATTIA MANICA

ROBERTO ROSÀ*

ANNAPAOLA RIZZOLI

* Centro Agricoltura Alimenti Ambiente,
università di Trento



Aedes albopictus

.....

quali uova e larve si sono ben adattati a condizioni fredde, simili a quelle che tipicamente si registrano in primavera. Ad esempio, abbiamo visto che a 10°C le larve trentine riescono a sopravvivere, a differenza di quelle sub-tropicali. A 15°C il 73% delle larve della popolazione locale raggiunge lo stadio adulto contro il 50% della popolazione sub-tropicale. La longevità

e la fecondità degli adulti sono sostanzialmente maggiori in condizioni miti, che rispecchiano le tipiche estati trentine. Questo adattamento termico potrebbe quindi aumentare la durata della stagione riproduttiva e consentire la colonizzazione di aree a quote più elevate, con un conseguente aumento del rischio complessivo di potenziale trasmissione di patogeni.

Maggiori informazioni si possono trovare nell'articolo pubblicato su *Insects* (2020) 11(11), 808. <https://doi.org/10.3390/insects11110808>

PAROLE CHIAVE: zanzare, specie invasive, cambiamento climatico

SPECIE: *Aedes albopictus*



Studiare il microbiota intestinale delle specie aliene per comprendere le loro capacità di invasione e identificare nuovi metodi di controllo biologico

.....
FAUSTA ROSSO
VALENTINA TAGLIAPIETRA
NICCOLÒ ALFANO
DAVIDE ALBANESE
DANIELE ARNOLDI
CLAUDIO DONATI
MASSIMO PINDO
ANNAPAOLA RIZZOLI

Una ricerca innovativa correlata alla presenza di specie aliene si è focalizzata sull'analisi del microbiota intestinale delle zanzare invasive *Aedes albopictus* e *Aedes koreicus*. Il microbiota, ossia la comunità di batteri che abita l'intestino, è particolarmente studiato anche negli insetti per la comprovata influenza nei meccanismi fisiologici di metabolismo, riproduzione e digestio-

ne. Nel caso singolare degli artropodi vettori ematofagi, qualsiasi agente patogeno (es. virus), una volta assunto con il pasto di sangue, deve interfacciarsi con la parete intestinale e di conseguenza con i batteri presenti nell'intestino che possono modularne (ostacolare o favorire) la replicazione e la successiva trasmissione.

Conoscere questi simbionti, l'area di colonizzazione nell'insetto e il tipo di azione che esercitano può dare indicazioni per modalità di contenimento dei patogeni trasmessi o di controllo del vettore. Non ultimo, la ricchezza del microbiota intestinale si può considerare indice della fitness dell'insetto e del suo adattamento ad un nuovo ambiente.

Nel primo studio pilota effettuato abbiamo preso in considerazione un numero limitato di campioni di zanzare prelevate in vari siti del Trentino sia di *Aedes albopictus* e sia di *Aedes koreicus*. Utilizzando il DNA estratto dall'intestino medio delle zanzare per



Intestino di *Ae. koreicus* (24x) -
foto di Daniele Arnoldi

eseguire analisi di sequenziamento di ultima generazione (NGS) è stata possibile l'identificazione dei principali generi di batteri presenti. Per almeno il 60% la comunità batterica è risultata costituita da *Pseudomonas* (batteri gram negativi e ubiquitari) seguita poi da famiglie di batteri più scarsamente rappresentate (tipo *Rickettsiacee* e *Enterobacteraceae*). In *Aedes albopictus* il microbioma è risultato comunque più ricco di generi rispetto a quello della

zanzara coreana dimostrando una maggiore difficoltà di adattamento di quest'ultima al nostro habitat. L'indagine successiva e più approfondita su campioni di *Aedes koreicus* a vari stadi di sviluppo (larve, pupe e adulti) ha evidenziato invece la predominanza di un batterio (*Asaia*) indicato in letteratura come un promettente candidato allo sviluppo di nuovi metodi di controllo biologico delle popolazioni di zanzara.

Maggiori informazioni su Scientific reports (2018), 8(1), 16091.

<https://doi.org/10.1038/s41598-018-34640-z>

PAROLE CHIAVE: zanzare, microbiota

SPECIE: *Aedes albopictus*, *Aedes koreicus*



I piccoli mammiferi in un ambiente che cambia

La demografia e la comunità delle specie sono governate da fattori intrinseci ed estrinseci, oltre che da interazioni interspecifiche, ma questi processi sono stati raramente studiati in sistemi selvatici in un quadro eco-epidemiologico nel loro complesso.

Attraverso un approccio multifattoriale, abbiamo valutato le risposte dei piccoli mammiferi a fattori ambientali, climatici e antropici e le implicazio-

ni a cascata sul carico parassitario e sulla circolazione di patogeni comuni ed emergenti. A tal fine, sono state effettuate catture di piccoli mammiferi (roditori e insettivori) lungo un ampio gradiente latitudinale (Norvegia e Italia) e altitudinale (500-2500 m s.l.m.), mediante la manipolazione sperimentale del cibo (in siti di alimentazione artificiale per il capriolo) e mediante transetti longitudinali in habitat eterogenei. Abbiamo scoper-



.....

GIULIA FERRARI
OLIVIER DEVINEAU*
FAUSTA ROSSO
MATTEO GIRARDI
DANIELE ARNOLDI
ENRICO INAMA
FEDERICO OSSI
ANNAPAOLA RIZZOLI
FRANCESCA CAGNACCI
VALENTINA TAGLIAPIETRA

* Inland Norway University of Applied Sciences, Norvegia

Esemplare di *C. nivalis*, Val Calamento, foto di Simone Dal Farra

.....

to che la sopravvivenza dei piccoli mammiferi dipende da cicli stagionali intrinseci ed è favorita dalla disponibilità di cibo solo in caso di condizioni climatiche avverse, mentre l'abbondanza è limitata principalmente dal clima e dalla disponibilità di cibo. Quando i topi selvatici e le arvicole sono simpatrici, mostrano tendenze demografiche opposte in presenza di cibo, con le arvicole subordinate che riducono sia la sopravvivenza che l'abbondanza. Inoltre, se si considerano esplicitamente le componenti spaziali di questi sistemi, abbiamo riscontrato che alle mangiatoie, che vengono selezionate dai caprioli più di altre zone, i roditori restringono l'uso dello spazio, mentre la densità locale dei topi, ma non quella delle arvicole, aumenta.

Sebbene il carico di zecche non sia influenzato dalle mangiatoie, l'andamento spaziale di patogeni trasmessi da roditori e da vettori varia presso questi siti. Oltre che da queste risorse antropiche concentrate, la composi-

zione della comunità e la distribuzione altitudinale di ospiti e vettori possono essere influenzate anche dal clima. Al riguardo, abbiamo rilevato la presenza della generalista arvicola rossastra anche ad alta quota in simpatia con la specialista arvicola delle nevi. Questo spostamento altitudinale delle specie generaliste potrebbe avere conseguenze sulla diffusione di zecche e patogeni. Abbiamo infatti riscontrato una segregazione altitudinale delle specie di zecche, che è riflessa anche nei patogeni trasmessi da roditori e vettori. Tra questi, abbiamo anche registrato per la prima volta nei roditori alpini alcuni protozoi che potrebbero avere un ruolo epidemiologico importante lungo la catena trofica.

In conclusione, in questo studio abbiamo evidenziato gli impatti del clima e delle perturbazioni antropiche sulle popolazioni e comunità di ospiti, sul carico e distribuzione di parassiti, evidenziando le conseguenze sulla salute umana e degli ecosistemi.

Maggiori informazioni: <https://hdl.handle.net/11250/3013610>

PAROLE CHIAVE: piccoli mammiferi, dinamica ospite-vettore-patogeno, One Health

SPECIE: *Chionomys nivalis*, *Myodes glareolus*, *Apodemus* spp., *Ixodes ricinus*, *Ixodes trianguliceps*, *Capreolus capreolus*



Cambiamenti climatici e malattie emergenti: il caso dell'encefalite virale da zecche (TBE) in Europa

.....
VALENTINA TAGLIAPIETRA
FRANCESCA DAGOSTIN
GIULIA FERRARI
DANIELE ARNOLDI
ENRICO INAMA
FAUSTA ROSSO
GIOVANNI MARINI
ANTONELLA CRISTOFORI
FABIANA CRISTOFOLINI
ELENA GOTTARDINI
ANNAPAOLA RIZZOLI

Gli attuali cambiamenti di origine antropica, come il cambiamento climatico, svolgono un ruolo chiave nel favorire l'emergenza di malattie trasmesse dalle zecche. In Europa, una delle specie di zecche di maggiore importanza medica e veterinaria è *Ixodes ricinus*, vettore competente di molteplici agenti zoonotici tra cui protozoi, batteri e virus. Il virus più rilevante è l'agente dell'encefalite da zecca (TBE), trasmessa all'uomo at-

traverso la puntura di zecche infette o attraverso il latte non pastorizzato da animali infetti, e può causare gravi sintomi neurologici con conseguenze a lungo termine, inclusa la morte.

L'incidenza della TBE in Europa è in aumento, e costituisce una crescente minaccia per la salute pubblica. In Trentino il numero dei casi è aumentato nonostante le vaccinazioni, come pure i nuovi focolai di circola-



Esemplari di zecche (*Ixodes ricinus*)
che si alimentano su arvicole selvatiche
(*Myodes glareolus*)

.....

zione virale. La precisa localizzazione delle aree ad alto rischio è una sfida, poiché i fattori ecologici coinvolti nel ciclo di trasmissione del virus interagiscono in modo complesso. La nostra ricerca è stata pertanto finalizzata ad analizzare questi aspetti al fine di sviluppare modelli di previsione e di allerta precoce.

I nostri risultati hanno evidenziato un forte impatto dei fattori climatici, come le precipitazioni dei mesi più aridi e la temperatura media invernale, sull'incidenza di TBE in Europa. Dal punto di vista ecologico, le regioni con bassi livelli di biodiversità sono state associate a un più alto rischio di TBE. Questi risultati sono stati confermati anche attraverso studi empirici. In particolare, una ricerca incentrata su un sito di studio a lungo termine in Trentino ha rilevato che la presenza di TBEv era correlata al numero di zecche presenti sui roditori, a sua volta correlato negativamente con il tasso di calo delle temperature au-

tunnali e positivamente con il numero di roditori e ungulati presenti. Una specifica combinazione di condizioni climatiche e densità di roditori e cervi influenza pertanto l'aumento della circolazione del virus.

Uno studio recente ha evidenziato la relazione tra i casi di TBE in provincia di Trento e l'abbondanza di pollini in atmosfera misurata presso la FEM. Ciò è dovuto alla correlazione tra la quantità di polline e di semi prodotti dalle piante, che a sua volta influenza la densità di roditori.

Nel complesso, i nostri studi hanno permesso di identificare i fattori ecologici legati alla circolazione del TBEv. Questi risultati saranno utilizzati per sviluppare un modello predittivo ad alta risoluzione volto a valutare il rischio di infezioni da TBEv in tutta Europa, attualmente in fase di sviluppo, che verrà utilizzato dai decisori sanitari per implementare campagne di sorveglianza e prevenzione nelle aree a rischio, Trentino incluso.

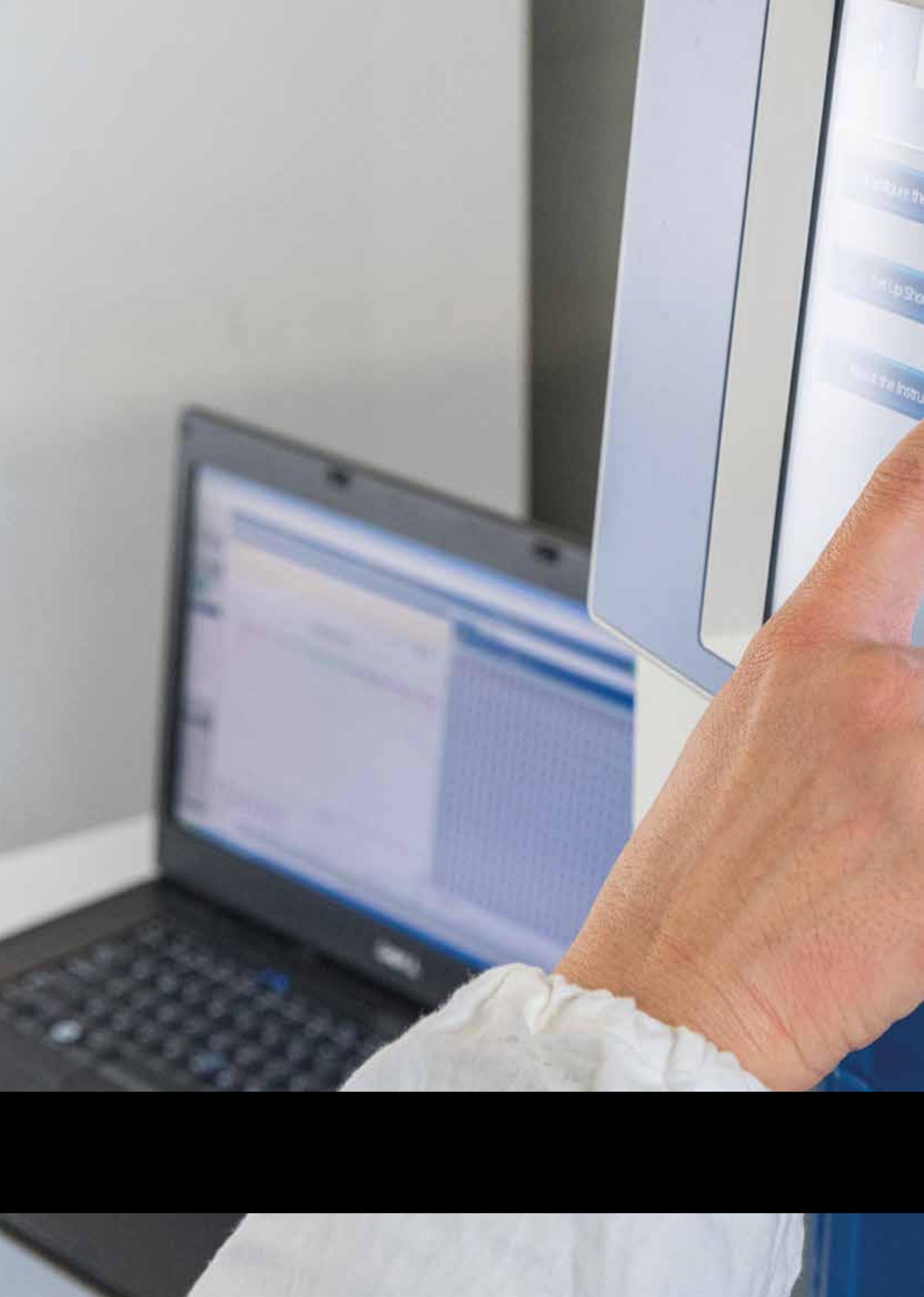
Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da International Journal for Parasitology (2019) 49 (10), 779-787.

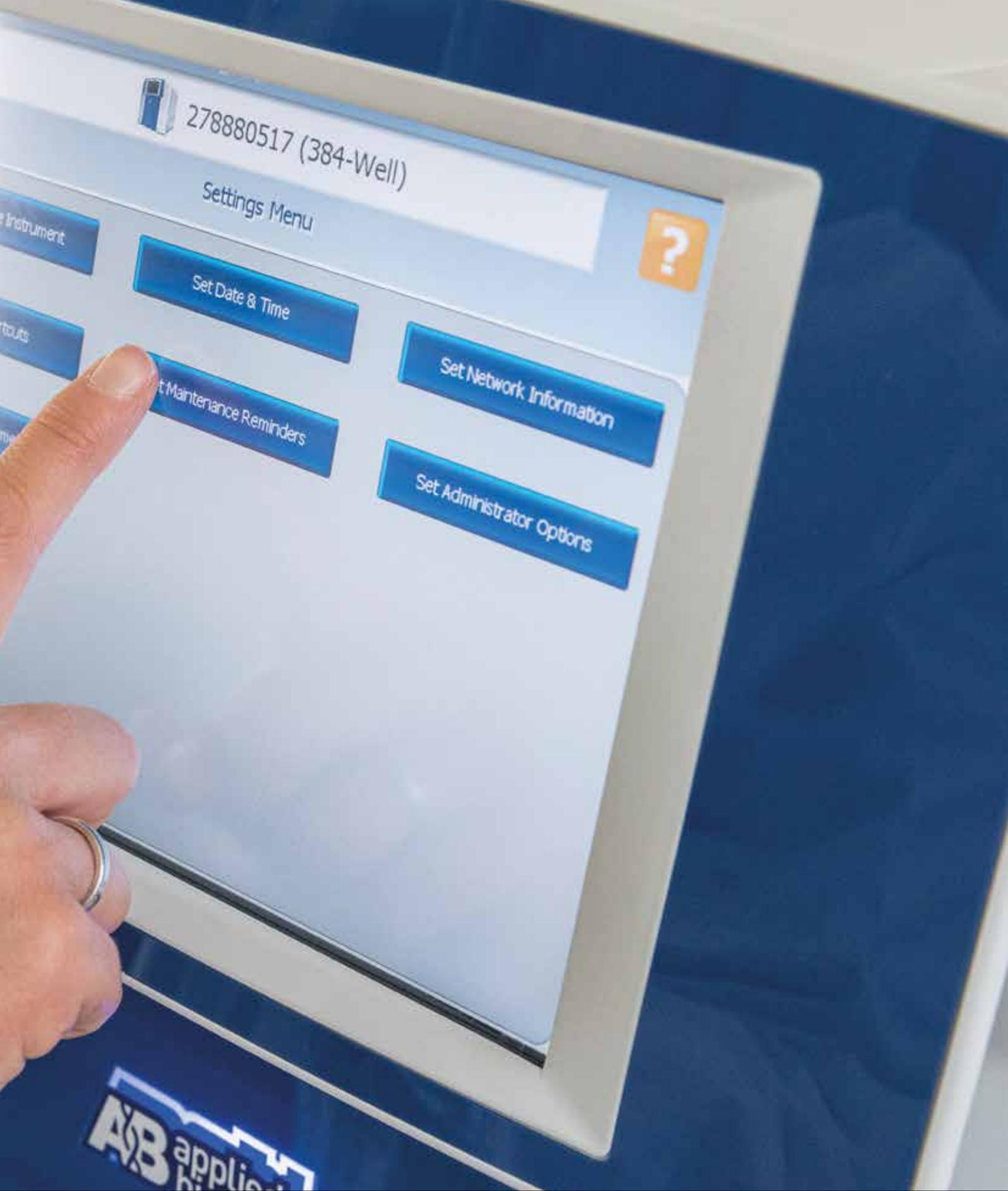
<https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.05.006>

PAROLE CHIAVE: encefalite da zecca, One Health, cambiamento climatico

SPECIE: *Ixodes ricinus*







BIOLOGIA COMPUTAZIONALE

Serviced





Identificazione di lineage batterici antichi e finora sconosciuti mediante sequenziamento metagenomico

.....
DAVIDE ALBANESE
CLAUDIO DONATI

Ogni ambiente sulla Terra, anche quello che presenta le condizioni più difficili, è colonizzato da comunità microbiche complesse. Grazie alle nuove tecniche di sequenziamento è possibile caratterizzare la composizione di comunità microbiche e ricostruire i genomi direttamente dal sequenziamento del microbiota.

Abbiamo utilizzato il sequenziamento metagenomico per caratterizzare le specie batteriche che formano comunità criptoendolitiche, ecosistemi microbici che vivono all'interno di rocce porose in grado di persistere al limite del potenziale biologico per la vita nelle aree prive di ghiaccio del deserto antartico. Queste regioni includono le Valli Secche di McMurdo, spesso considerate la controparte terrestre più vicina dell'ambiente marziano e

ritenute prive di vita fino alla scoperta di queste criptiche forme di vita. Abbiamo generato i primi metagenomi da rocce raccolte nell'Antartide continentale su una distanza di circa 350 km lungo un transetto altitudinale da 834 fino a 3100 m sopra il livello del mare. Sono stati quindi ricostruiti 497 genomi batterici, raggruppati in 269 nuove specie. La maggior parte di esse appartiene a cladi batterici monofiletici che si sono discostati dai taxa correlati in un intervallo compreso tra 1,2 miliardi e 410 milioni di anni fa e hanno caratteristiche distinte rispetto ai taxa correlati noti.

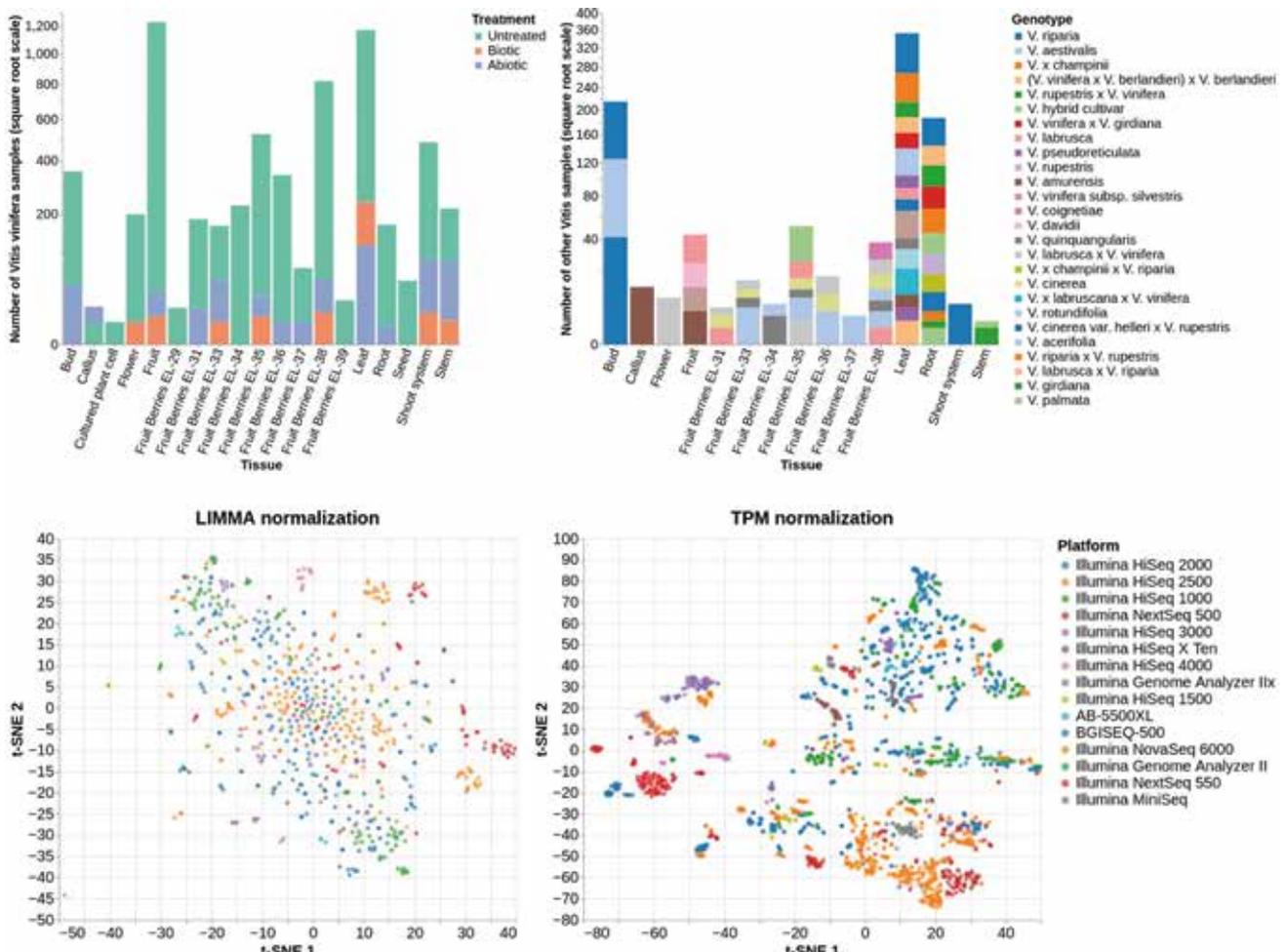
I nostri risultati aumentano significativamente il repertorio di dati genomici per diversi taxa e, ad oggi, rappresentano il primo esempio di genomi batterici recuperati da co-

VESPUCCI: una risorsa per la trascrittoma in vite in continua espansione

MARCO MORETTO
 PAOLO SONEGO
 STEFANIA PILATI
 LAURA COSTANTINI
 GIULIA MALACARNE

Il problema dell'integrazione dati riguarda la fusione di diverse fonti di informazione in modo da fornire agli utenti un singolo strumento di accesso per il loro utilizzo ed analisi. Grazie all'avvento delle tecnologie *high-throughput* c'è stata una considerevole espansione nella produzione di *dataset* di espressione genica da diversi organismi di interesse. La vite non fa eccezione, grazie al continuo aumento di esperimenti condotti soprattutto nell'ultimo decennio. Tale ricchezza di informazione pone diverse sfide per quanto riguarda l'integrazione dei dati poiché lo scopo finale è analizzare l'espressione genica nel contesto di tutte le misurazioni disponibili tramite un unico strumento di accesso.

Nella sua seconda versione, VESPUCCI, il *database* integrato di dati di espressione genica di vite, è stato aggiornato in modo da essere conforme alle linee guida FAIR, utilizzando formati standard e tecnologie *open-source*. Include tutti i *dataset* di espressione genica pubblici di vite, sia da piattaforme microarray sia RNA-seq. I valori di espressione sono normalizzati utilizzando diverse metodologie in modo da soddisfare le numerose necessità relative all'analisi. L'annotazione dei campioni è stata curata manualmente ed utilizza ontologie e formati standard. L'aggiornamento di VESPUCCI fornisce inoltre una nuova interfaccia programmatica per l'accesso e l'analisi dei dati chiamata COMPASS, che permette l'interrogazione



attraverso il linguaggio GraphQL. Inoltre, sono state sviluppate diverse applicazioni e pacchetti software per permettere un'integrazione semplificata dei dati all'interno di qualsiasi *pipeline* di analisi o applicazione. VESPUCCI dà la possibilità di esplorare in modo completo l'intero panorama della trascrittoma in vite mostrando le principali cultivar e specie

di interesse del genere *Vitis*, nonché le condizioni di crescita e gli stress biotici ed abiotici studiati nel corso degli anni e disponibili in letteratura. L'analisi dei dati in VESPUCCI ha inoltre permesso di evidenziare le peculiarità ed i limiti dei diversi metodi di normalizzazione fornendo delle chiare indicazioni sulle condizioni migliori in cui utilizzarne una piuttosto che altre.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato su *Frontiers in Plant Science* (2022) 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.815443>

PAROLE CHIAVE: espressione genica, vite, trascrittoma, FAIR
SPECIE: *Vitis vinifera*



Il microbioma batterico e fungino nei suoli agricoli è regolato da processi ecologici distinti, ed appare stabile nel tempo

In ambienti agricoli, come i vigneti, il microbioma del suolo non solo promuove la crescita delle piante, ma contribuisce alla qualità del vino stesso. Approfondire i processi ecologici che regolano le comunità microbiche è fondamentale per una gestione

efficace dei suoli agricoli. Attraverso tecniche di sequenziamento (16S, ITS) e modellazione statistica, in questo studio abbiamo quantificato come la biodiversità batterica e fungina sia il frutto di specifiche differenze nella nicchia ecologica dei taxa, oppure



STEFANO LARSEN
DAVIDE ALBANESE
JAMES STEGEN*
PIETRO FRANCESCHI
EMANUELA COLLER**
ROBERTO ZANZOTTI**
CLAUDIO IORIATTI**
ERIKA STEFANI
MASSIMO PINDO
ALESSANDRO CESTARO
CLAUDIO DONATI

* Pacific Northwest National Laboratory,
Stati Uniti d'America

** Centro Trasferimento Tecnologico,
Fondazione Edmund Mach

di processi più stocastici legati alla dispersione dei propaguli microbici nello spazio.

I risultati mostrano come meccanismi ecologici distinti, ma stabili nel tempo, siano alla base della distribuzione di batteri e funghi nei suoli investigati. In particolare, la composizione batterica appare prevalentemente legata alla selezione ambientale dettata dalla nicchia ecologica delle specie; le comunità fungine, invece, risultano maggiormente influenzate da processi stocastici legati alla scarsa abilità delle cellule

fungine di disperdersi nello spazio. Le analisi stimano infatti che la probabilità di dispersione di cellule fungine sia di due ordini di grandezza inferiore rispetto alla controparte batterica.

Nell'insieme, questi risultati hanno implicazioni di carattere applicativo per la gestione dei suoli agricoli, mostrando come le caratteristiche ambientali siano rilevanti soprattutto per la componente batterica, mentre la conformazione spaziale e l'eventuale uso di inoculi siano importanti per il microbioma fungino.

Maggiori informazioni nell'articolo pubblicato da *Microbial Ecology* (2022). <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02065-x>

PAROLE CHIAVE: microbioma, beta-diversità, scala spaziale



Nanopori alla piattaforma di sequenziamento

ALESSANDRO CESTARO

La dotazione tecnologica della piattaforma di Sequenziamento della Fondazione Edmund Mach si è arricchita di un nuovo strumento per il sequenziamento del DNA: il sequen-

ziatore a nanoporo della Oxford Nanopore Technology (ONT).

Il principio di funzionamento di questo strumento è concettualmente molto semplice. Ci sono due soluzio-





ni a diversa concentrazione di ioni salini separate da una membrana; gli ioni per effetto della diversa concentrazione attraversano la membrana in corrispondenza di speciali proteine canale chiamate appunto 'nanopori'. Quando è il DNA ad attraversare i pori il flusso di ioni si interrompe, con velocità ed intensità diverse a seconda della sequenza nucleotidica che attraversa il poro. Misurando come varia la corrente di ioni è possibile risalire a quale sequenza di DNA sta attraversando il nanoporo.

La fase di deduzione della sequenza a partire dalla differenza di potenziale in funzione del tempo è chiamata *basecalling*, letteralmente 'chiamata delle basi', ed è un'operazione che ri-

chiede un hardware particolare, dello stesso tipo utilizzato nella pratica del *mining* delle criptovalute.

Fisicamente i sequenziatori ONT sono molto piccoli, tanto da poter essere utilizzati direttamente in campo e rappresentano una vera e propria rivoluzione nell'ambito della biologia molecolare.

I ricercatori della FEM hanno già utilizzato con profitto questi strumenti partecipando al progetto internazionale di sequenziamento del genoma di limone, al progetto tutto italiano del sequenziamento del genoma di castagno e contribuendo anche ad un progetto di esobiologia condotto nella Stazione Spaziale Internazionale (ISS) sui batteri fotosintetici *Chroococcidiopsis*.

PAROLE CHIAVE: nanoporo, sequenziamento, genomica

INDICE ANALITICO DELLE PAROLE CHIAVE

abitudini alimentari	69, 74	diidrocalconi	58
agricoltura digitale	46, 48	dinamica ospite-vettore	109
agroalimentare	54	Direttiva Habitat	79
allergia	83	diversità genetica	89
ambiente alpino	84, 87, 106	dormienza	38
analisi sensoriale	70	ecologia microbica	94
apirenia	29	eDNA	91
App	48	educazione	74
Arduino	47	encefalite da zecca	110
array del castagno	24	energia	54
assenzio	83	espressione genica	116
batteri lattici	72	evitamento spazio-temporale del rischio ...	104
batteriofago	59	evoluzione batterica	96
beta-diversità	117	FAIR	116
biodiversità	84, 89, 91	fauna selvatica	94
bioeconomia	54	fecondazione	28
biofungicidi	43	fenologia	47
bioindicatore	101	fenotipizzazione	97
biomonitoraggio	86	fermentazione	66
biosintesi	58	fertilità del suolo	51
biotecnologie alimentari	66	fertilizzanti organici	51
bostrico	87	fitochelatina sintasi	98, 101
briofite	98	foreste alpine	86
caciotta	72	gambero di fiume	79
cambiamento climatico	78, 88, 107, 110	gas serra	88
cambio di ospite batterico	96	gene editing	17
canna comune	97	geni di difesa	16
cascate trofiche	106	geni di resistenza	27, 31
cialina della vite	41	geni di suscettibilità	30
cimice asiatica	41, 42	genoma	24, 25
co-compostaggio	52	genomica	118
cognizione animale	103	ghiaccio	78
COI mitocondriale	80	gradimento	69
colpo di fuoco	20	gusto di luce	65
coltura in vitro	34	<i>High Performance Computing</i>	87
composti varietali	65	<i>hydrochar</i>	52
composti volatili	70, 100	identificazione varietale	25, 28
comunità di mammiferi	106	immagini termiche	49
comunità microbiche	66	indice di stress idrico della vegetazione	49
confronto di cloni	29	induzione di resistenza	45
conservazione <i>in situ</i>	79	infiammazione	62
Convenzione sulla Diversità Biologica	89	interazione ospite-microbo	96
COP-15	89	Internet of Things	46, 49, 86
<i>cumulative outdoor activity Index</i>	104	introgressione genetica	92
dati	48	isoprene biologico	100
deficit idrico	97	isotopi	71, 73
dieta mediterranea	74	Lago di Garda	80
difesa delle piante	41, 43	lampone	37

MADS-box gene	38	reti di regolazione genica	19
malattie fungine	16	riscaldamento superficiale	23
manipolazione comportamentale	41	risorse idriche	82
marciume nero	31, 33	rock glaciers	82
mela (frutto)	63	scala spaziale	117
melo	20, 38, 58	segnali vibrazionali	41
memoria spaziale	103	sequenziamento	24, 114, 118
metabolismo del triptofano	62	<i>shelf life</i>	65
metabolomica	60	siero naturale	59
metalli pesanti	98	silenzamento	40
metatassonomia	94	siti di foraggiamento artificiale	103
microbioma delle piante	45	sito LTER lago di Tovel	78
microbioma	114, 117	sostanza organica del suolo	51
microbiota intestinale	62, 63, 108	sostenibilità	67
microfluidica	17	specie a rischio	92
miglioramento genetico	31, 33, 37, 101	specie invasive	79, 80, 107
migrazione autunnale	71	stress abiotici	21, 100
mirtillo	34, 35, 37	stress idrico	100
mitigazione degli stress	45	<i>supplemental breeding</i>	92
mobilità umana	104	sviluppo del frutto	29
moltiplicazione	34	<i>system biology</i>	19
mosca bianca	41	TEA	20, 21
moscerino piccoli frutti	42	telerilevamento	87
mutazioni naturali	30	ticchiolatura	27
nanoporo	118	trascrittomica	19, 116
neofobia alimentare	69	trasformazione genetica	27
noce	25	Trentingrana	59
nutrizione	62, 63	uccelli passeriformi	71
obesità	62	varietà resistenti	33
oidio	33	vespa samurai	42
olio di oliva	70, 73	vigneto intelligente	46
olivo	28	vino	60, 65
One Health	109, 110	vite	21, 33, 40, 116
origine geografica	73	zanzare	107, 108
patogeno	109		
perdite e sprechi alimentari	67		
permafrost	82, 88		
peronospera	30, 33, 40, 43		
piccoli mammiferi	109		
polifenoli	72		
polline	83, 84		
post-raccolta	23, 35		
proprietà agro-ambientali	52		
protezione sostenibile delle colture	43		
qualità alimentare	67		
qualità	35		
rana di montagna	91		
Raspberry Pi	47		

INDICE ANALITICO DELLE SPECIE

<i>Abies alba</i>	86	<i>Rupicapra rupicapra</i>	106
<i>Aedes albopictus</i>	107, 108	<i>Salmo marmoratus</i>	92
<i>Aedes koreicus</i>	108	<i>Scaphoideus titanus</i>	41
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	20	<i>Trialeurodes vaporariorum</i>	41
<i>Anopheles</i> spp.	96	<i>Trissolcus japonicus</i>	42
<i>Apodemus</i> spp.	109	<i>Trissolcus mitsukurii</i>	42
<i>Arabidopsis thaliana</i>	98, 100	<i>Ursus arctos</i>	104
<i>Artemisia annua</i>	83	<i>Vaccinium corymbosum</i>	37
<i>Artemisia verlotiorum</i>	83	<i>Vaccinium</i> spp.	34, 35, 37
<i>Artemisia vulgaris</i>	83	<i>Venturia inaequalis</i>	27
<i>Arundo donaciformis</i>	97	<i>Vitis</i> spp.	21, 30, 31
<i>Arundo donax</i>	97, 100	<i>Vitis vinifera</i>	16, 29, 33, 40, 43, 116
<i>Arundo plinii</i>	97	<i>Wolbachia</i> spp.	96
<i>Austropotamobius pallipes</i>	79		
<i>Canis lupus</i>	106		
<i>Capreolus capreolus</i>	103, 106, 109		
<i>Castanea sativa</i>	24		
<i>Cervus elaphus</i>	106		
<i>Chionomys nivalis</i>	109		
<i>Cornus mas</i>	72		
<i>Dreissena bugensis</i>	80		
<i>Dreissena polymorpha</i>	80		
<i>Drosophila suzukii</i>	42		
<i>Erwinia amylovora</i>	20		
<i>Erysiphe necator</i>	33		
<i>Fagus sylvatica</i>	86		
<i>Faxonius limosus</i>	79		
<i>Ganaspis brasiliensis</i>	42		
<i>Guignardia bidwellii</i>	31, 33		
<i>Halyomorpha halys</i>	41, 42		
<i>Ips typographus</i>	87		
<i>Ixodes ricinus</i>	109, 110		
<i>Ixodes trianguliceps</i>	109		
<i>Juglans regia</i>	25		
<i>Lactobacillus brevis</i>	59		
<i>Lactobacillus helveticus</i>	59		
<i>Leptopilina japonica</i>	42		
<i>Malus domestica</i>	23, 27, 38, 45, 63		
<i>Malus</i> spp.	58		
<i>Marchantia polymorpha</i>	98, 101		
<i>Myodes glareolus</i>	109		
<i>Olea europaea</i>	28		
<i>Picea abies</i>	86		
<i>Plasmopara viticola</i>	30, 33, 40, 43		
<i>Procambarus clarkii</i>	79		
<i>Rana temporaria</i>	91		
<i>Ribes nigrum</i>	72		
<i>Rubus idaeus</i>	37		

