

AperTO - Archivio Istituzionale Open Access dell'Università di Torino

SOS cedri e frassini

This is the author's manuscript

Original Citation:

Availability:

This version is available <http://hdl.handle.net/2318/1638574> since 2017-05-25T17:13:50Z

Terms of use:

Open Access

Anyone can freely access the full text of works made available as "Open Access". Works made available under a Creative Commons license can be used according to the terms and conditions of said license. Use of all other works requires consent of the right holder (author or publisher) if not exempted from copyright protection by the applicable law.

(Article begins on next page)



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI TORINO

This is an author version of the contribution published on:

Questa è la versione dell'autore dell'opera:

[Acer, 32(6), 2016]

ovvero [Gonthier et al., pagg. 49-53]

The definitive version is available at:

La versione definitiva è disponibile alla URL:

[http://www.ilverdeeditoriale.com/acer_pres.aspx]

Il fungo patogeno invasivo *Hymenoscyphus fraxineus* diagnosticato in frassineti parchivi a ovest di Torino

Paolo Gonthier e Fabiano Sillo, DISAFA-Università di Torino

Luana Giordano, DISAFA e AGROINNOVA-Università di Torino

Roberto Martinis e Andrea A. Rettori, Studio Associato Planta, Rosta (TO)

Introduzione

Il disseccamento del frassino causato dal fungo patogeno *Hymenoscyphus fraxineus* costituisce attualmente la principale emergenza fitosanitaria a carico delle piante forestali in Europa ⁽¹⁾. I primi sintomi di un diffuso disseccamento del frassino Europeo (*Fraxinus excelsior*) comparirono agli inizi degli anni '90 in Polonia, ma solamente nel 2001 ne fu descritto l'agente causale, con il binomio di *Chalara fraxinea*. Il fungo, la cui origine è asiatica, si è poi diffuso epidemicamente con grande rapidità tanto alle piantagioni di frassino utilizzate per la produzione di legname di pregio dell'Europa centrosettentrionale quanto ai frassineti misti e spontanei dell'Europa centromeridionale ⁽¹⁾. In Europa centrale e Gran Bretagna, gravi danni hanno interessato anche i vivai e le piante utilizzate in ambiente urbano a scopo ornamentale. Le conseguenze della malattia sono talmente rilevanti che si è addirittura ipotizzato che la sopravvivenza del frassino in Europa possa essere seriamente minacciata qualora all'effetto di *H. fraxineus* si aggiungesse quello del fitofago esotico *Agrilus planipennis* ⁽⁸⁾. Oltre al frassino europeo, il patogeno colpisce anche il frassino ossifillo (*F. angustifolia*), mentre è più tollerante l'orniello (*F. ornus*) ⁽³⁾.

Sugli individui colpiti si osservano appassimenti e necrosi fogliari, disseccamenti dei getti apicali, caduta prematura delle foglie, emissioni di rami epicormici, scoloramenti della corteccia e necrosi a forma di diamante all'intersezione tra i rami e il fusto ⁽²⁾. Tali sintomi si manifestano sia su piante giovani che mature, anche se solo le prime vengono portate a morte con rapidità. Nei casi più gravi i danni possono estendersi sui rami sotto forma di cancri. Le piante muoiono in seguito ai progressivi disseccamenti della chioma. Riguardo alla biologia ed epidemiologia si rimanda ad una rassegna precedentemente pubblicata su Acer ⁽⁷⁾.

Il patogeno è stato rinvenuto per la prima volta in Italia nel 2009 nei pressi del confine italo-sloveno ⁽⁶⁾. Successivamente è stato segnalato in altre zone del Friuli Venezia Giulia, in Veneto, Trentino e alcune zone della Lombardia orientale (Maresi G., comunicazione personale). L'ultima segnalazione in ordine cronologico riguarda l'Appennino toscano ⁽⁵⁾, mentre fino ad ora erano del tutto assenti segnalazioni riguardanti il settore occidentale del nostro Paese.

La diagnosi della malattia in Piemonte

Un quadro sintomatologico del tutto coerente con quello descritto in precedenza è stato osservato nel mese di giugno 2016 su esemplari di frassino europeo presso il Parco Naturale La Mandria, ad ovest della Città di Torino (Figure 1 e 2). Alla fine del mese di settembre 2016, nella stessa zona (coordinate 45°12'12.90"N, 7°32'46.73"E), corpi fruttiferi somiglianti a quelli del fungo (Figura 3) sono stati osservati su piccioli e rachidi di foglie dell'anno precedente a terra. Necrosi fogliari erano inoltre presenti su foglie dell'anno in chioma. Oltre all'isolamento del fungo da corpi fruttiferi e dai tessuti necrosati, si è proceduto all'estrazione diretta del DNA del fungo da matrice e ad una doppia amplificazione mediante PCR della regione ITS, prima del sequenziamento della regione stessa e del confronto delle sequenze ottenute con quelle presenti nelle banche dati genomiche riguardanti funghi affini. Per tre dei campioni esaminati (2 corpi fruttiferi e 1 tessuto necrosato), le sequenze ottenute

hanno mostrato una similarità nucleotidica del 99% con sequenze di *H. fraxineus*. L'analisi filogenetica (Figura 4) non solo conferma l'identificazione, ma consente di escludere che le sequenze ottenute siano riferibili a *H. albidus*, un fungo simile ad *H. fraxineus*, ma nativo e saprofita anziché patogeno ⁽¹⁾.

Implicazioni del ritrovamento

La presente segnalazione fitopatologica assume un'importanza particolare per il nostro Paese per svariate ragioni. Innanzitutto riguarda alberi adulti aventi valenza ornamentale situati in ambito parco. Inoltre si tratta della più occidentale tra le segnalazioni, il che comporta che virtualmente l'invasione, a partire dal Friuli Venezia Giulia e con direttrice est-ovest lungo la dorsale alpina e i rilievi delle Prealpi, ha ormai interessato l'intero Nord Italia. L'invasione sarebbe avvenuta ad una velocità stimabile, suddividendo la distanza percorsa per il tempo trascorso dal 2009 al 2016, in non meno di 70 km per anno. Non è però escluso che l'invasione abbia avuto luogo ad una velocità ancora maggiore, poiché i sintomi tipici della malattia furono osservati nel Parco La Mandria a partire dal 2014, oppure che il fungo sia giunto in Italia nordoccidentale a partire dal Canton Ticino in Svizzera, dove la malattia è presente dal 2013 ⁽⁴⁾.

La segnalazione ha infine rilevanza per i Servizi Fitosanitari Regionali delle regioni dell'Italia nordoccidentale in relazione a quanto previsto dalla nota protocollo 6451 del 19/12/2012 del Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali.

Ringraziamenti

Lavoro condotto nell'ambito del progetto EMPHASIS finanziato dalla Commissione Europea (Grant Agreement n. 634179).

Bibliografia

- 1) Gross A., Holdenrieder O., Pautasso M., Queloz V., Sieber S.N., 2014. *Hymenoscyphus pseudoalbidus*, the causal agent of European ash dieback. *Molecular Plant Pathology* 15: 5-21.
- 2) Kowalski T., Holdenrieder O., 2009. *Pathogenicity of Chalara fraxinea*. *Forest Pathology* 39: 1-7.
- 3) Kräutler K., Kirisits T., 2012. *The ash dieback pathogen Hymenoscyphus pseudoalbidus is associated with leaf symptoms on ash species (Fraxinus spp.)*. *Journal of Agricultural Extension and Rural Development* 4(9): 261-265.
- 4) Lässig R., 2014. *Il deperimento del frassino ha varcato la cresta principale delle Alpi*. Comunicato stampa dell'Istituto federale di ricerca WSL, 25.06.2014. www.wsl.ch/medien/news/eschetriebsterben_2014/index_IT.
- 5) Luchi N., Ghelardini L., Santini A., Migliorini D., Capretti P., 2016. *First record of ash dieback caused by Hymenoscyphus fraxineus on Fraxinus excelsior in the Apennines (Tuscany, Italy)*. *Plant Disease* 100: 535.
- 6) Ogris N., Hauptman T., Jurc D., Floreancig V., Marsich F., Montecchio L., 2010. *First report of Chalara fraxinea on common ash in Italy*. *Plant Disease* 94(1): 133.
- 7) Tantardini A., Cavagna B., 2012. *Un fungo evoluto. Deperimento del frassino*. *Acer* 6/2012: 46-48.
- 8) Thomas P.A., 2016. *Biological flora of the British Isles: Fraxinus excelsior*. *Journal of Ecology* 104: 1158-1209.

Figure

Figura 1. Disseccamento apicale del frassino causato da *Hymenoscyphus fraxineus* / Ash dieback caused by *Hymenoscyphus fraxineus*.



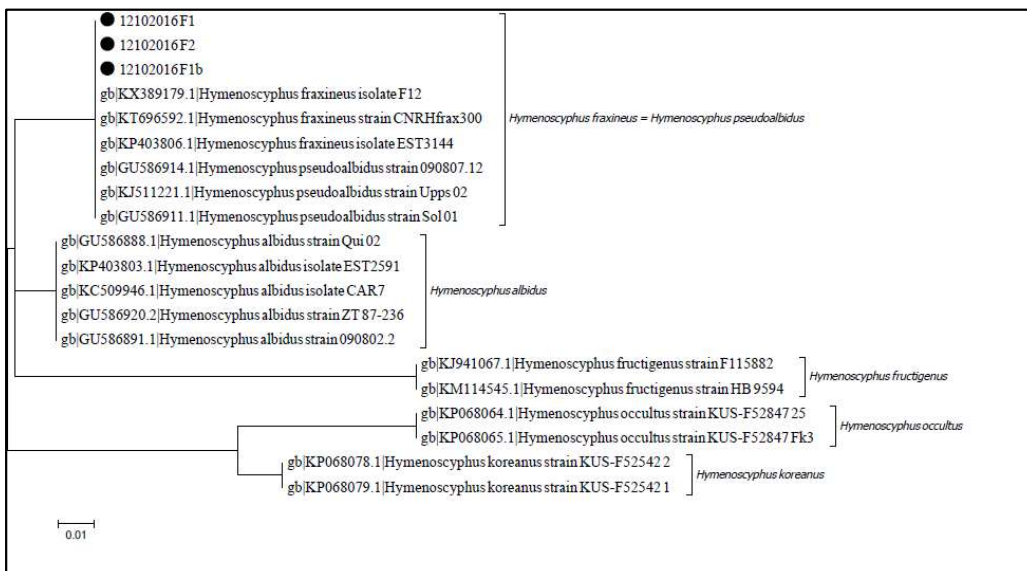
Figura 2. Necrosi fogliari del frassino da *Hymenoscyphus fraxineus* / Necrosis of ash leaves caused by *Hymenoscyphus fraxineus*.



Figura 3. Corpi fruttiferi di *Hymenoscyphus fraxineus* su residui di frassino / *Hymenoscyphus fraxineus* fruit bodies on wood debris.



Figura 4. Albero filogenetico basato sulle sequenze ITS delle cinque principali specie afferenti al genere *Hymenoscyphus*. I campioni piemontesi sono indicati con i cerchi neri. I valori di affidabilità (analisi bootstrap) $\geq 50\%$ sono indicati vicino ai rami dell'albero. La scala (in basso a sinistra) rappresenta il numero di sostituzioni nucleotidiche per sito / Phylogenetic tree based on ITS sequences of the main five species of *Hymenoscyphus*. Black circles represent Piedmont samples. Bootstrap values $\geq 50\%$ are indicated close to branches. Scale bar (on the bottom left) shows the number of nucleotide substitutions per site.



The invasive fungal pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* detected in parks west of Turin

Ash dieback (AD) caused by the alien invasive fungus *Hymenoscyphus fraxineus* is currently regarded as a major threat for European forests ⁽¹⁾. The pathogen, native to Asia and first described as *Chalara fraxinea*, was introduced into central Europe and subsequently spread epidemically throughout most of Europe ⁽¹⁾. The impact of AD is tremendous, hence it has been hypothesized that the combined effects of AD and emerald ash borer could seriously threaten the survival of ashes in Europe ⁽⁸⁾. In central Europe and UK, the pathogen is also associated with significant damages in nurseries and urban settings. Symptoms of the disease and the biology of the pathogen were described or reviewed previously ^(1;2;7).

The pathogen was first reported in Italy in 2009, in the North East ⁽⁶⁾, while the last report was from Tuscany ⁽⁵⁾. Little was known about the presence of the pathogen in western Italy.

Here we report on the detection of the disease in the Parco Naturale La Mandria (coordinates 45°12'12.90''N, 7°32'46.73''E), located west of Turin (Figures 1 and 2). Fungal DNA was extracted from fruit bodies (Figure 3) and from necrosis on ash leaves. A nested PCR was performed on the ITS region before sequencing. Sequence homology for three samples (2 fruit bodies and 1 necrotic leaf tissue) was 99% with sequences of *H. fraxineus* from GenBank. The phylogenetic analysis (Figure 4) excludes the DNA could be that of the similar, yet native and non pathogenic fungus *H. albidus* ⁽¹⁾.

This report, the westernmost in Italy, indicates the pathogen to be virtually present all over northern Italy. Based on observational data, the pathogen could have invaded Italy east-west at an estimated rate of 70 Km per year.

Acknowledgements

Work supported by the EU Project EMPHASIS (Grant Agreement n. 634179).