

efficientemente in modo da diagnosticare e quantificare *F. fujikuroi* dalle foglie, culmi, radici e cariossidi di riso. Il limite di rilevazione è stata del 27.5 fg del DNA fungino. In due cultivar di riso con diverso grado di suscettibilità a *F. fujikuroi* ('Selenio' e 'Dorella', Matic *et al.*, 2016) sono state rilevate diverse quantità del fungo. La cv suscettibile 'Dorella' conteneva 179 e 12029 cellule fungine per µl dell'estratto vegetale nelle radici e nel culmo/foglie, rispettivamente. Invece, la cv resistente 'Selenio' ha presentato una quantità del fungo molto più bassa rispetto a 'Dorella', 6 e 19 volte di meno nelle radici e nel culmo/foglie, rispettivamente. Nella 'Dorella' *F. fujikuroi* è risultato più alto nelle radici nella prima settimana dopo la germinazione, mentre la sua concentrazione è aumentata in foglie e culmo rispetto alle radici con il progredire della malattia (terza settimana dopo germinazione). Invece nella cv 'Selenio' la concentrazione del fungo si è notevolmente abbassata sia nelle parti aeree che nelle radici delle piante nella terza settimana dopo germinazione. La PCR sviluppata è risultata sensibile fino a rilevare la quantità di DNA equivalente ad alcuni genomi aploidi di *F. fujikuroi* in semi di riso (Fig. 1).

In conclusione, le aziende produttrici di semi potrebbero utilizzare questo strumento molecolare, prima e dopo i trattamenti di semi di riso per controllare la presenza in essi di *F. fujikuroi* al fine di prevenire l'ulteriore diffusione del 'Bakanae' nei campi di riso o per impedire l'introduzione del fungo in nuove aree.

Ringraziamenti

Lavoro svolto con il contributo del progetto "RISINNOVA - Sistemi integrati genetici e genomici mirati al rinnovo varietale nella filiera risicola italiana", finanziato dalla fondazione AGER.

Lavori citati

CARTER L.L.A., LESLIE L.F., WEBSTER R.K. 2008 - Population structure of *Fusarium fujikuroi* from California rice and Water Grass. *Phytopathology* 9, 992-998.

GUPTA A.K., SOLANKI IS., BASHYAL B.M., SINGH Y., SRIVASTAVA K. 2015 - Bakanae of rice - an emerging disease in Asia. *The Journal of Animal & Plant Sciences* 25, 1499-1514.

MATIC S., BAGNARESI P., BISELLI C., ORRU' L., AMARAL CARNEIRO G., SICILIANO I., VALÉ G., GULLINO M.L., SPADARO D. 2016 - Comparative transcriptome profiling of resistant and susceptible rice genotypes in response to the seedborne pathogen *Fusarium fujikuroi*. *BMC Genomics* 17, 608.

SPADARO D., GULLINO M.L., GARIBALDI A. 2016 - Recenti acquisizioni sulla malattia del riso provocata da *Fusarium fujikuroi*. *Protezione delle Colture* 9, 11-17.

Meccanismi molecolari coinvolti nella difesa del riso da *F. fujikuroi*

Slavica Matic* - Davide Spadaro*,** - Angelo Garibaldi* - Maria Lodovica Gullino*,**

*Centro di competenza per l'Innovazione in campo agro-ambientale AGROINNOVA - Università degli Studi di Torino - Grugliasco (TO)

** Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali ed Alimentari, DISAFA - Università degli Studi di Torino - Grugliasco (TO)

Bakanae rappresenta la più comune malattia del riso causata da *Fusarium fujikuroi*, fungo trasmissibile per seme (Webster and Gunnell, 1992). Anche se molte cultivar di riso sono state valutate per la resistenza a bakanae, fino ad oggi nessuna di esse ha mostrato una resistenza completa alla malattia (Kim *et al.*, 2014). I meccanismi molecolari che partecipano alla risposta di difesa del riso verso *F. fujikuroi* sono ancora in gran parte sconosciuti, nonostante la loro importanza per lo sviluppo di adeguate strategie di

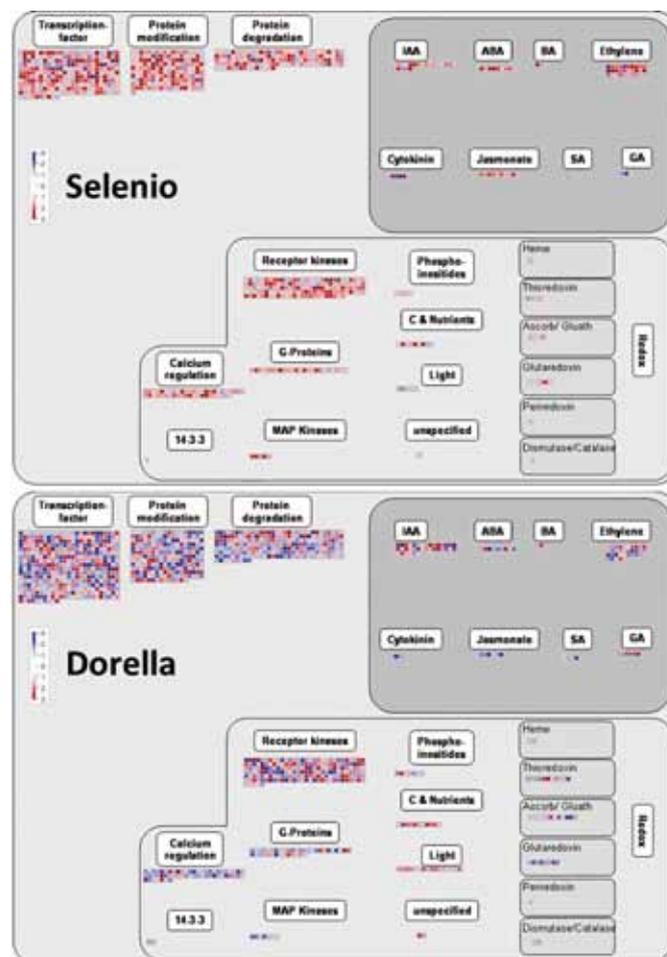


Figura 1 - Espressione dei geni putativamente coinvolti nella regolazione della malattia 'Bakanae' durante la terza settimana dopo la germinazione nelle cultivar di riso 'Selenio' e 'Dorella'. I valori sono rappresentati come i valori trasformati di log2. Il colore rosso indica i geni sovraespressi, mentre il colore blu indica i geni sottoespressi.

Figure 1 - Expression of the genes putatively involved in regulation of 'Bakanae' disease at 3 weeks post germination in rice cultivars 'Selenio' and 'Dorella'. The values are represented as the log2-transformed values. Red indicates up-regulated genes, whereas blue shows down-regulated genes.

contenimento di *F. fujikuroi* e la recente disponibilità del genoma di questo fungo (Jeong *et al.*, 2013).

Scopo di questo lavoro è stato quello di identificare i meccanismi trascrizionali che regolano la resistenza di riso a bakanae in due tempi diversi di sviluppo della malattia. Dodici genotipi di riso sono stati saggiati nei confronti di bakanae e le cv 'Selenio' e 'Dorella' sono state individuate come quella più resistente e più suscettibile, rispettivamente (Matić *et al.*, 2016). Un'analisi del confronto del trascrittoma (RNA-Seq) era condotta sulle plantule infette di 'Selenio' e 'Dorella' una e tre settimane dopo la germinazione (SDG). I cambiamenti trascrizionali sono stati più notevoli nella terza SDG, suggerendo che questa fase di infezione con *F. fujikuroi* è essenziale per la risposta di difesa di riso (più di 3000 e 5000 geni differenzialmente espressi sono stati trovati in 'Selenio' e 'Dorella', rispettivamente). I risultati hanno dimostrato che l'espressione di proteine come perossidasi, glucanasi, e proteine correlate alla patogenesi (PR) in entrambe le cultivar (resistente e suscettibile) potrebbe rappresentare il meccanismo base della risposta di difesa di riso verso *F. fujikuroi* (Matić *et al.*, 2016). (Fig.1). Quello che è stato osservato notevolmente diverso tra la risposta resistente e quella suscettibile è la modulazione dei fattori trascrizionali WRKY e dei geni MAPK. I geni enzimatici e fattori di trascrizione associati con la induzione della via dell'acido jasmonico, della risposta ipersensibile e della risposta alla chitina, come identificato dalle analisi di 'Gene Ontology' e 'KEGG', creano una piattaforma di resistenza di riso verso *F. fujikuroi*. Contrariamente, i geni per le chitinasi e i geni del metabolismo delle gibberelline insieme con la via dell'acido salicilico trovati attivati in 'Dorella' rappresentano i fattori chiave per la suscettibilità di riso verso bakanae.

In conclusione, questo studio fornisce informazioni importanti per l'identificazione dei processi molecolari durante l'infezione di *F. fujikuroi* e l'attivazione delle vie di resistenza nel riso (Fig.), e offre un quadro di riferimento per lo sviluppo di germoplasma di riso resistente a bakanae.

Ringraziamenti

Lavoro svolto con il contributo del progetto "RISINNOVA - Sistemi integrati genetici e genomici mirati al rinnovo varietale nella filiera risicola italiana", finanziato dalla fondazione AGER.

Lavori citati

JEONG H., LEE S., CHOI G.J., LEE T., YUN S.H. 2013 - Draft genome sequence of *Fusarium fujikuroi* B14, the causal agent of the bakanae disease of rice. *Genome Announc.* 1, e00035-13.

KIM M.H., HUR Y.J., LEE S.B., KWON T., HWANG U.H., PARK S.K., YOON Y.N., LEE J.H., CHO J.H., SHIN D., KIM T.H., HAN S.I., YEO U.S., SONG Y.C., NAM M.H., PARK D.S. 2014 - Large-scale screening analysis for the evaluation of bakanae disease in rice. *J. Gen. Plant Pathol.* 80, 408-414.

MATIĆ S., BAGNARESI P., BISELLI C., ORRU' L., AMARAL CARNEIRO G., SICILIANO I., VALÉ G., GULLINO M.L., SPADARO D. 2016 - Comparative transcriptome profiling of resistant and susceptible rice genotypes in response to the seedborne pathogen *Fusarium fujikuroi*. *BMC Genomics* 17, 608.

WEBSTER R.K., GUNNELL P.S. 1992 - Compendium of rice diseases. The American Phytopathological Society Press, St. Paul, Minnesota, USA, 62.

Un nuovo strumento per valutare la sostenibilità della viticoltura su scala aziendale

Matteo Monchiero* - Matteo Balderacchi** - Lucrezia Lamastra** - Andrea Di Guardo*** Ettore Capri** - Maria Lodovica Gullino*,****

*Centro di Competenza per l'innovazione in campo agroambientale AGROINNOVA - Università degli Studi di Torino Grugliasco (TO)

**Istituto di Chimica agraria e ambientale, Università Cattolica del Sacro Cuore - Piacenza

***Informatica ambientale - Milano

****Dipartimento di Scienze Agrarie, forestali e Alimentari DISAFA - Università degli Studi di Torino - Grugliasco (TO)

L'interesse per la sostenibilità della produzione vitivinicola è in costante crescita e numerosi programmi relativi alla sua valutazione sono stati avviati negli ultimi anni. La maggior parte di questi programmi, utilizzando la metodologia *Life Cycle Assessment*, valutano le emissioni dei gas a effetto serra e i consumi di acqua. Spesso, quindi, la sostenibilità viene valutata facendo riferimento solo all'impronta carbonica e all'impronta idrica. Questi indici, pur essendo utili per valutare la performance di sostenibilità di una azienda vitivinicola, non tengono conto dei numerosi aspetti legati alla gestione agronomica del vigneto, che possono avere un impatto ambientale importante. Per colmare questa lacuna, nell'ambito del progetto VIVA "La Sostenibilità della Vitivinicoltura in Italia", è stato sviluppato un nuovo indicatore denominato "Vigneto" (Lamastra *et al.*, 2016). VIVA è il protocollo di certificazione della sostenibilità del vino proposto dal Ministero dell'Ambiente italiano, mentre "Vigneto" è un indicatore che valuta la sostenibilità delle operazioni effettuate nel vigneto e nelle aree circostanti da una azienda vitivinicola, prendendo in considerazione tutte le attività della gestione agronomica che possono avere un impatto sull'ambiente. Vengono valutate le operazioni per la difesa dai parassiti (Trevisan *et al.*, 2009), (Fig.1) le lavorazioni, con particolare riferimento alla prevenzione dell'erosione e della compattazione, la gestione della fertilità, analizzando gli apporti di fertilizzanti e di sostanza organica e le attività per il mantenimento della biodiversità. I diversi ambiti analizzati sono messi in relazione da una logica *fuzzy* (o logica sfocata) e implementati in un software web GIS (Wieland e Gutzler. 2014). Si è scelto questo tipo di logica perché permette di attribuire a ciascuna proposizione un valore di appartenenza compreso tra 0 e 1, che può essere anche pari a tutti i valori intermedi, a differenza della logica classica per la quale il valore di appartenenza può essere solo pari a 0 e 1. Questa logica ha il vantaggio di definire ad esempio quando un intervento agronomico sia corretto o scorretto, rispetto ai limiti di riferimento, e permette di esprimere un giudizio su quanto ci si avvicina alla correttezza e quindi alla sostenibilità (Page *et al.*, 2012). L'applicazione del modello permette di ottenere una valutazione generale di sostenibilità agronomica della gestione dei vigneti: il giudizio varia da "A" (0 = ottimo) a "E" (1 = negativo). Il modello è stato collaudato e validato in sette aziende vitivinicole italiane.