



Figura 1 - Sintomi di tracheofusariosi su lattuga.  
Figure 1 - Symptoms of Fusarium wilt on lettuce.

### Ringraziamenti

Lavoro svolto nell'ambito del programma Horizon 2020 UE, No 633999 'EU-China cooperation on IPM in agriculture' (EUCLID).

### Lavori citati

FUJINAGA M., OISO H., TUCHIYA N., SAITO H., YAMANAKA S., NOZUE M., KOJIMA M. (2003). Race 3, a new race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* determined by differential system with commercial cultivars. *Journal of General Plant Pathology* 69, 23-28.

GARIBALDI A., GULLINO M.L. (2010). Emerging soilborne diseases of horticultural crops and new trends in their management. *Acta Horticulturae* 88, 37-47.

MATUO T., MOTOHASHI S. (1967). On *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* n. f. causing root rot of lettuce. *Transactions of Mycological Society of Japan* 8, 13-15.

PASQUALI M., DEMATHEIS F., GULLINO M.L., GARIBALDI A. (2007). Identification of Race 1 of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* on Lettuce by Inter-Retrotransposon Sequence-Characterized Amplified Region Technique. *Phytopathology* 97, 987-996.

## *Pythium ultimum*: caratterizzazione molecolare di isolati da diverse piante ospiti

Sara Franco Ortega\* - Giuseppe Ortu\* - Giovanna Gilardi\* - Maria Lodovica Gullino\*\*,\*\* - Angelo Garibaldi\*

\*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)

La species complex *Pythium ultimum* appartiene alla famiglia *Pythiaceae*, nella classe Oomycota incluso nel gruppo I della classificazione del genere *Pythium* (Lévesque e De Cock, 2004) (Fig. 1).

*P. ultimum* è responsabile di marciumi radicali in diverse colture economicamente importanti. La prima identificazione di questo patogeno risale al 1931 in Sud Africa, ma attualmente è presente in numerosi paesi quali Australia, Brasile, Canada, Cina, Giappone, Corea, Sud Africa e Europa (Farr e Rossman, 2015).

Tradizionalmente l'identificazione di questo patogeno avveniva sulla base delle caratteristiche morfologiche e sulla presenza o meno di organi riproduttivi che ne permettevano la differenziazione all'interno del complex, tra due tipologie morfologiche: *Pythium ultimum* var *ultimum* si differenziava per la presenza di oogoni e l'assenza di sporangi e zoospore, mentre *Pythium ultimum* var *sporangiferum*, per la capacità di produrre zoospore e sporangi. (Lévesque e De Cock, 2004).

Tuttavia a livello molecolare, l'analisi della regione genomica dell'ITS (Internal Transcribed Spacer), che viene generalmente utilizzata come marcatore molecolare per l'identificazione delle specie fungine, non è in grado di



Figura 1 - Marciumi radicali causati da *Pythium ultimum* su lattuga.  
Figure 1 - Root rot caused by *Pythium ultimum* on lettuce.

discriminare queste due varietà all'interno del complex. Alla luce di ciò, lo scopo di questo lavoro è stato la ricerca di altri marcatori molecolari potenzialmente utili per una caratterizzazione di diversi isolati di *Pythium ultimum* ottenuti in campo da coltivazioni di lattuga, bietola e rucola.

Venti isolati di *P. ultimum* ottenuti da diverse specie orticole a foglia sono stati caratterizzati attraverso il sequenziamento di tre geni conservati nel genere *Pythium*: due geni mitocondriali, citocromo ossidasi subunità 1 (*cox1*) e subunità 2 (*cox2*), codificanti per l'enzima coinvolto nell'ultima reazione della catena del trasporto degli elettroni nel ciclo della respirazione cellulare, e un gene nucleare codificante per la beta-tubulina (*Btub*) (Spies *et al.*, 2011). Gli stessi isolati sono stati saggiati per valutarne la patogenicità sui diversi ortaggi a foglia effettuando le prove in condizioni controllate alla temperatura compresa tra i 20 e i 22°C in presenza di inoculazione artificiale (1 g/l di biomassa fungina del patogeno per ciascun isolato addizionato ad un substrato tipo Brill precedentemente disinfestato a vapore).

I risultati ottenuti dall'analisi multilocus ha permesso di identificare tutti gli isolati come appartenenti alla varietà *Pythium ultimum var ultimum*, evidenziando inoltre la differenziazione di 4 diversi gruppi di appartenenza, anche se l'analisi filogenetica varia in funzione del gene analizzato. In particolare, il gene *cox2*, si è distinto come miglior marcatore filogenetico individuando una maggiore variazione intra specie. I risultati delle prove di patogenicità hanno evidenziato una diversa virulenza degli isolati saggiati manifestando la necessità di ulteriori valutazioni sull'argomento.

#### Ringraziamenti

Lavoro svolto nell'ambito del programma Horizon 2020 UE, No 633999 'EU-China cooperation on IPM in agriculture' (EUCLID).

#### Lavori citati

FARR D. F., ROSSMAN A. Y. (2015) - Fungal Databases - Syst. Mycol. Microbiol. Lab. ARS, USDA. Retrieved from <http://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases>, 22 Agosto 2015.

LÉVESQUE A., DE COCK A. (2004). Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Pythium*. *Mycological Research* 108, 1363–1383.

SPIES C., MAZZOLA M., BOTHA W., LANGENHOVEN S., MOSTERT L., MCLEOD A. (2011). Molecular analyses of *Pythium irregulare* isolates from grapevines in South Africa suggest a single variable species. *Fungal Biology* 115, 1210–24.

## Impiego della concia dei semi e di trattamenti fogliari nei confronti della peronospora del basilico

Giovanna Gilardi\* - Stefano Demarchi\* - Maria Lodovica Gullino\*\*\* - Angelo Garibaldi\*

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

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

La peronospora del basilico, causata da *Peronospora belbahrii*, è considerata allo stato attuale il principale responsabile di gravi perdite di produzione in coltivazioni di questa pianta in pieno campo e in serra. Sebbene siano diversi gli agrofarmaci disponibili per la lotta a questa malattia (QoI, QiI, fenilammidi, ammidi degli acidi carbossilici CAAs, acilpicolidi...) il successo della difesa è fortemente influenzato dalla scelta dei fungicidi, dalla loro alternanza e modalità di impiego nel rispetto dei periodi di sicurezza considerando una durata media dei cicli di coltivazione compresa tra i 30 e 40 giorni. La difesa di questa coltura minore risulta, inoltre, critica essendo elevato il rischio di contaminazione dei semi da parte del patogeno (Garibaldi *et al.*, 2004), nonché le difficoltà, soprattutto in pieno campo dei trattamenti in presenza di frequenti precipitazioni piovose (Gilardi *et al.*, 2013), o in previsione dei futuri scenari di cambiamento climatico.

Nel corso di prove condotte in serra nell'ambito del progetto europeo "Emphasis" si è voluto valutare l'efficacia contro la peronospora del basilico della concia chimica e fisica della semente e della loro combinazione con i fosfiti valutando possibili programmi di alternanza agli agrofarmaci. Vengono riportati i risultati delle prove effettuate in vaso in serra alla temperatura tra i 24 e 28°C e alta umidità, in presenza di contaminazioni naturali dei semi di basilico da *P. belbahrii*. Nel corso delle prove i semi di basilico della tipologia Genovese (cv Italiano classico, Furia) sono stati trattati con aria calda secca a 65°C per 10 minuti o con tiram (0,45 g/kg di seme); tali trattamenti sono stati impiegati da soli o combinati in integrazione con i trattamenti fogliari a base di mandipropamid e azoxystrobin. La gravità degli attacchi del patogeno è stata valutata 15-17 giorni dopo l'ultimo trattamento fogliare stimando la percentuale di superficie fogliare colpita su 100 foglie. I risultati hanno evidenziato che in presenza di una elevata diffusione degli attacchi del patogeno (45,2 e 73,5% di foglie colpite nel testimone non trattato) la concia chimica o fisica del seme riduce solo nelle prime fasi la diffusione degli attacchi con un effetto parziale inferiore al 50% rispetto al testimone. Complessivamente tutti i trattamenti hanno ridotto la gravità dei sintomi tra l'85 e il 63% anche se la miglior riduzione della gravità dei sintomi è stata osservata con due trattamenti con mandipropamid da solo o alternato con azoxystrobin