

Analisi dell'effetto della temperatura sui sintomi del bakanae del riso

Edoardo Piombo*** - Alberto Acquadro** - Ilenia Siciliano* - Maria Lodovica Gullino*** - Angelo Garibaldi* - Davide Spadaro***

*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)

Il bakanae è una malattia del riso trasmessa per seme causata da *Fusarium fujikuroi*, un fungo emibiotrofo in grado di provocare perdite che vanno dal 3% al 75% della produzione (Saremi *et al.*, 2008), a seconda del ceppo coinvolto e delle condizioni ambientali. Gli isolati del patogeno sono in genere divisi in due patotipi, diversi dal punto di vista sintomatico, metabolico e filogenetico (Niehaus *et al.*, 2017). Un patotipo provoca l'allungamento e l'assottigliamento delle piante di riso, i sintomi più comunemente associati alla malattia, mentre l'altro è caratterizzato dall'induzione di nanismo, ingiallimento e necrosi nelle piante.

Piante di riso della cultivar Galileo, nota per la sua suscettibilità al bakanae, sono state inoculate con i ceppi I1.3, Augusto2 e CSV1 di *F. fujikuroi*, e sono state successivamente cresciute a 22°C e a 31°C, per un periodo di 4 settimane.

Nelle piante inoculate con il ceppo CSV1 si sono osservati soprattutto ingiallimento e nanismo, mentre quelle affette dal ceppo I1.3 hanno sviluppato l'allungamento e l'assottigliamento più comunemente associati al bakanae. Nel ceppo Augusto2 si è osservato un cambiamento di sintomatologia: tale isolato ha indotto ingiallimento a 22°C, ma ha provocato un deciso allungamento e assottigliamento a 31°C. Inoltre, tutti i ceppi si sono dimostrati più virulenti alla temperatura di 31°C.

Un ultimo importante risultato è stato osservare, in seguito a sequenziamento Illumina MySeq *high throughput*, che i 3 ceppi studiati sono notevolmente vicini dal punto di vista filogenetico (Fig. 1). Le considerevoli differenze nei sintomi che inducono devono quindi essere causate da poche mutazioni in un ristretto numero di geni chiave. Le informazioni ottenute in questo studio hanno evidenziato come la temperatura sia una variabile

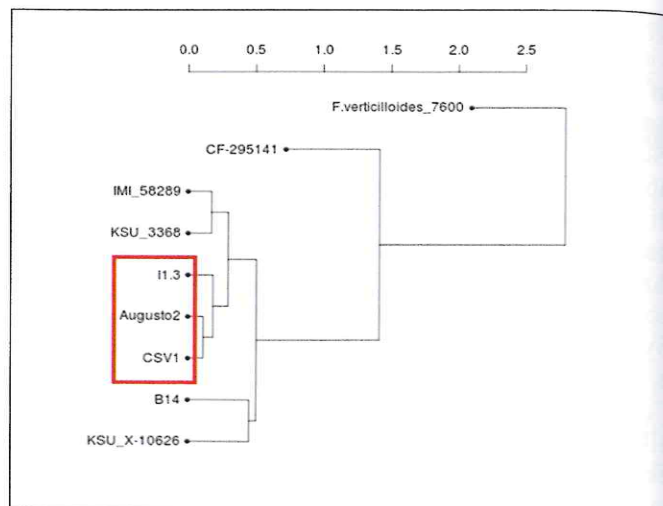


Figura 1 - L'albero descrive la filogenesi dei ceppi Augusto2, CSV1 e I1.3 di *Fusarium fujikuroi*, in relazione ad altri ceppi della stessa specie disponibili sul database pubblico "NCBI". Il ceppo 7600 di *Fusarium verticilloides* è stato usato come outgroup.

Figure 1 - The tree describes the phylogeny of the strains Augusto2, CSV1 and I1.3 of *Fusarium fujikuroi*, in relation to other strains of the same species available on the NCBI public database. *Fusarium verticilloides* strain 7600 was used as an outgroup.

ambientale in grado non solo di modificare la virulenza degli isolati di *F. fujikuroi*, ma anche la tipologia di sintomi indotti. I dati sembrano inoltre suggerire che il già notevole impatto di questa malattia potrebbe aumentare nei prossimi anni in seguito ai cambiamenti climatici.

Ringraziamenti

Lavoro svolto nell'ambito del programma Horizon 2020 UE, No 634179 "Effective Management of Pests and Harmful Alien Species - Integrated Solutions" (EMPHASIS).

Lavori citati

NIEHAUS E. M., KIM H. K., MÜNSTERKÖTTER M., JANEVSKA S., ARNDT B., KALININA S. A., HOUTERMAN P. M., AHN I. P., ALBERTI I., TONTI S., KIM D. W., SIEBER C. M. K., HUMPF H.-U., YUN S.-H., GULDENER U., TUDZYNSKI B. (2017) - Comparative genomics of geographically distant *Fusarium fujikuroi* isolates revealed two distinct pathotypes correlating with secondary metabolite profiles. *PLoS pathogens*, 13 (10), e1006670.

SAREMI H., AMMARELLOU A., MAREFAT A., OKHOVAT S. M. (2008) - Binam a rice cultivar, resistant for root rot disease on rice caused by *Fusarium moniliforme* in Northwest, Iran. *International Journal of Botany*, 4, 383-389