

Acta Italus Hortus

Pubblicazione della Società di Ortoflorofruitticoltura Italiana (SOI)
Numero 22

Acta - Italus Hortus è una collana dedicata agli Atti di convegni organizzati o patrocinati dalla Società Italiana (SOI). La pubblicazione degli articoli è sotto la responsabilità dell'Organizzatore del contore(i) del volume. I contributi sono di norma in italiano, con un ampio abstract e didascalie di tabellare. I lavori pubblicati sono soggetti a revisione da parte del Comitato Scientifico ed Editoriale del a loro accettazione definitiva per la stampa.

Acta - Italus Hortus publishes Proceedings of Conferences organized under the aegis of Italian Society of Horticulture (SOI). Articles are reviewed by the Scientific Committee of the Conference before final acceptance of articles is under the responsibility of the Convenor and/or of the Editor(s) of the Conference. Contributions appear in Italian with an extended summary, captions and legends in English.

La procedura per la pubblicazione di Atti di Convegni su Acta - Italus Hortus

La pubblicazione di Atti di convegno su Acta - Italus Hortus va inviata al Direttore Responsabile e al Direttore Editoriale. Includere l'elenco dei componenti del Comitato Scientifico ed editoriale del Convegno e l'indicazione dei temi. La richiesta viene esaminata dal Comitato Scientifico-Editoriale di Italus Hortus, ed accettata sulla base delle informazioni fornite dal Comitato Organizzatore del Convegno e dell'interesse per i soci SOI per la tematica.

Il Comitato Organizzatore del Convegno si impegna a coprire il costo della stampa del numero di Acta - Italus Hortus e a fornire al Direttore Editoriale i testi e le figure in formato elettronico, redatti secondo le norme editoriali riportate in sul sito web della SOI (www.soihs.it). Al Curatore degli Atti saranno inviate le bozze tipografiche per la stampa.

Managing Editor: Elvio Bellini, Università di Firenze

Editor: Paolo Inglese, Università di Palermo

Secretary: Francesco Baroncini, Società di Ortoflorofruitticoltura Italiana

Società di Ortoflorofruitticoltura Italiana (SOI), Firenze

Viale delle Idee, 30 - 50019 Sesto Fiorentino (FI); tel. 055.4574067

Contatti: www.soihs.it

Contatti

presso il tribunale di Firenze al n. 4609 del 1 agosto 1996

-6

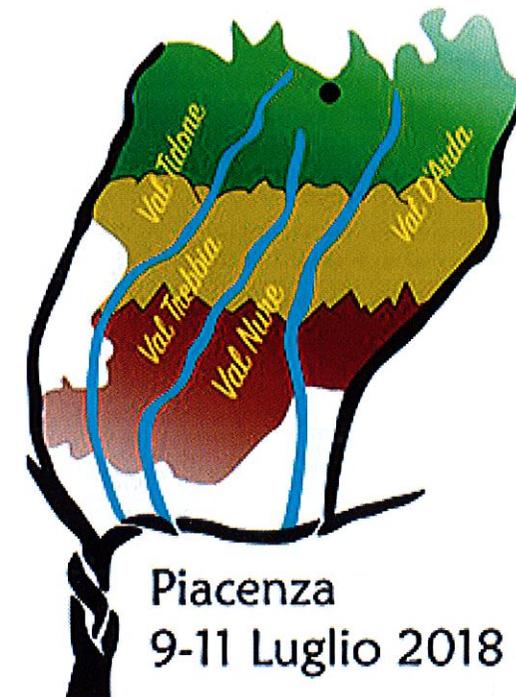
Settimanale di giugno 2018

Acta Italus Hortus 22

MARCO STEFANINI

Riassunti dei lavori presentati al

7° Convegno Nazionale di Viticoltura



Volume a cura di
Irene Diti e Stefano Poni

Miglioramento genetico e analisi "omiche"

Una dettagliata mappa di sviluppo della bacca

1, Zenoni S.², Dal Santo S.², Pezzotti M.², Dokoozlian N.¹,

om
desto CA, USA
t, University of Verona
and management, University of

enze genomiche e delle tecnologie genica su larga scala ha consentito di studiare i cambiamenti fisici, biochimici e fisiologici che avvengono durante la crescita e lo sviluppo attraverso l'analisi del trascrittoma. I dati hanno, in anni recenti, fornito informazioni preziose poichè generalmente le differenze tra i genotipi di tipo dell'acino sono state analizzate

dati molecolari associati alle fasi di sviluppo: quindi definire una mappa tra i geni e un'analisi RNA-seq su bacche di Pinot noir raccolte settimanalmente per tre anni consecutivi. I dati hanno permesso di definire profili di espressione differenziale osservati nelle due varietà e nelle fasi di sviluppo. I dati di trascrittoma, principi di invariata, che contraddistinguono un evidente riscontro nei dati nelle bacche delle due varietà. È stato possibile evidenziare due gruppi di geni il cui profilo di espressione è molto preciso la tempistica della maturazione che caratterizza l'inizio della maturazione. I geni rappresentano biomarcatori per i primi eventi trascrizionali nelle fasi di crescita erbacea e di maturazione. I geni diversi giorni prima dell'invasione di patogeni sono più variabile del trascrittoma. È stato possibile definire in forma preliminare il trascrittoma che definisce lo sviluppo della bacca.

La bacca, trascrittoma, invariata

Studio dei meccanismi di resistenza a *Plasmopara viticola* in vite: il caso della cultivar di *Vitis vinifera* Mgaloblishvili

Toffolatti S.L.^{1*}, De Lorenzis G.¹, Costa A.², Maddalena G.¹, Bonza M.C.², Pindo M.³, Stefani E.³, Cestaro A.³, Passera A.¹, Casati P.¹, Failla O.¹, Bianco P. A.¹, Maghradze D.⁴, Quaglini F.¹

* silvia.toffolatti@unimi.it

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, Università di Milano

² Dipartimento di Bioscienze, Università di Milano

³ Centro Ricerca e Innovazione, Fondazione E. Mach, San Michele all'Adige (TN)

⁴ National Wine Agency of Georgia, Tbilisi (Georgia) and Technical University of Georgia, Tbilisi (Georgia)

Ipotesi. La vite europea, *Vitis vinifera* L., è considerata estremamente sensibile all'agente della peronospora, *Plasmopara viticola* (Berk. et Curt.) Berl. e De Toni, a causa dell'assenza di co-evoluzione con il patogeno, originario del Nord America. Lo screening del germoplasma Caucasicco, considerato il centro primario di domesticazione della vite, ha portato all'identificazione di fonti di resistenza a *P. viticola*, come la cv georgiana Mgaloblishvili N. Questa recente scoperta ha offerto la possibilità unica di esplorare i meccanismi alla base della resistenza all'interno della specie.

Materiali e metodi. L'interazione tra patogeno e Mgaloblishvili è stata valutata tramite microscopia confocale e RNA-seq a diverse ore dall'inoculazione sperimentale (0, 24, 48, 72), analizzando gli aspetti fenotipici dell'interazione pianta-patogeno e identificando i geni differenzialmente espressi dal trattamento.

Risultati. La microscopia confocale ha evidenziato uno sviluppo ridotto di *P. viticola* a partire dai primi stadi dell'infezione associato ad una ridotta capacità di sporulazione. L'approccio di trascrittomica ha consentito di osservare che il patogeno induce l'espressione differenziale di geni codificanti per recettori coinvolti nel riconoscimento dei patogeni, fattori di trascrizione regolati dell'etilene e per la biosintesi di composti terpenici.

Principali conclusioni. I risultati suggeriscono la presenza di un sistema di difesa in *V. vinifera* modulato dal patogeno che potrebbe essere sfruttato nei programmi di miglioramento genetico per la resistenza a *P. viticola*.

Miglioramento genetico assistito per la resistenza a peronospora, oidio e fillossera in FEM

Vezzulli S.^{1*}, Dolzani C.¹, Nicolini D.¹, Migliaro D.², Grati V.³, Stedile T.¹, Zatelli A.¹, Dallserra M.¹, Clementi S.¹, Dorigatti C.¹, Velasco R.¹, Zulini L.¹, Stefanini M.¹

* silvia.vezzulli@fmach.it

¹ Centro di Ricerca e Innovazione, Fondazione E. Mach, San Michele all'Adige (TN)

² Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di Ricerca per la Viticoltura (CREA-VIT), Conegliano (TV)

³ Centrum of Chemistry and Biomedicine, University of Innsbruck (Austria)

Introduzione. Il programma di miglioramento genetico per le resistenze a stress biotici è iniziato nel 2010. Inizialmente è stata condotta una caratterizzazione sia genotipica che fenotipica di materiali acquisiti da altri programmi di breeding, europei ed extra-europei, e di materiale selvatico raccolto nel 2011 in boschi del New Jersey (USA). Il Golden Book FEM del breeder è stato arricchito con una serie di parentali adatti a diversi obiettivi: i genotipi conosciuti nei database internazionali e i genotipi sconosciuti, imparentati e non, sono stati impiegati come linee parentali nel processo di introgressione e di piramidazione di loci (regioni genomiche) di interesse.

Materiali e metodi. Pianificati e ottenuti gli incroci, la valutazione delle progenie è avvenuta secondo un processo di Marker-Assisted Selection (MAS) ottimizzato per mantenere un compromesso tra efficienza e contenimento dei costi. Prima è avvenuta la selezione fenotipica (test in serra) in base al tipo di malattia e al numero di loci attesi per la medesima malattia. Poi si è proceduto con lo screening molecolare in base ai loci specifici attesi nei parentali.

Risultati. Run1, Ren1, Ren3 e Ren9 sono i loci associati alla resistenza all'oidio presenti nel programma FEM fin dall'inizio; molto recentemente è stato introdotto anche il locus Ren2 proveniente da un programma di breeding USA. Riguardo ai loci associati alla resistenza alla peronospora, Rpv1, Rpv10 e Rpv12 sono ben rappresentati nel piano di incroci. Speciale attenzione è stata data al super-locus Rpv3 al quale sono associate vari aplotipi (varianti) di resistenza: la variante Rpv3-1 è la più diffusa nei materiali genetici impiegati ma, grazie agli studi di base pregressi, di recente è stato possibile inserire nel programma FEM anche le varianti Rpv3-2 e Rpv3-3. Anche il locus Rdv1 di resistenza alla fillossera è presente. Risultati aggiornati e dettagliati saranno presentati.

Conclusioni. Su un totale di 650 genotipi selezionati, il 32% presenta 2 loci di resistenza a peronospora e 2 a oidio e il 6% porta 3 loci di resistenza a peronospora e 3 a oidio.

Ringraziamenti. Gli autori ringraziano M. Stella Grandi e Silvia Lorenzi per aver contribuito alla prima fase della MAS Vite presso FEM.

Caratterizzazione di nuovi prototipi di varietà tolleranti alle principali malattie fungine

Stefanini M.^{*}, Vezzulli S., Dallserra M., Clementi S., Dorigatti C., Zatelli A., Zulini L.

* Marco.stefanini@fmach.it

Centro di Ricerca ed Innovazione, Fondazione Edmund Mach San Michele all'Adige (TN)

Ipotesi. Nell'ambito dell'attività di Miglioramento Genetico della Vite sviluppatosi in FEM è stato intrapreso un programma di incroci nel tentativo di ottenere genotipi tolleranti a peronospora e oidio. I primi incroci sono stati effettuati con le varietà tipiche del Trentino e genotipi portatori di fonti di resistenza provenienti da diversi Centri di ricerca Europei. Dal 2007 ad oggi sono state ottenute diverse popolazioni di incrocio ed in particolare con le varietà trentine Teroldego, Marzemino, Nosiola, utilizzando le varietà resistenti Merzling e Bianca e Kulneany

Materiali e metodi. Nel triennio 2015-2017 di 3 genotipi (TeroldegoX Merzling), 3 genotipi (Marzemino X Merzling) e 1 (NosiolaX Bianca) e 1 (Nosiola X Kulneany) sono stati raccolti i dati:

- di tolleranza alle diverse malattie fungine sia sulla foglia che sul grappolo, oltre alla presenza di attacchi di fillossera ed erinosi.
- alla vendemmia i dati di produzione delle piante, e le caratteristiche del mosto.

Le uve di ogni genotipo sono state vinificate e per ogni annata i vini sono stati sottoposti ad analisi sensoriale.

Risultati. I genotipi valutati manifestano caratteri di tolleranza alle principali malattie fungine con valori dei codici OIV relativi tra il 7 e 9, i parametri produttivi e qualitativi sono equiparabili ai genotipi tolleranti coltivati in confronto. Sensorialmente 5 genotipi risultano interessanti e i vitigni a bacca rossa presentano livelli di diglucosidi paragonabili ai livelli della *V. vinifera*.

Conclusioni. Al termine di questa prova 5 genotipi si sono ritenuti, per tutti i caratteri rilevati, interessanti e pertanto saranno raccolti i dati per l'iscrizione al Registro Nazionale delle Varietà di Vite.

Parole chiave: Sostenibilità resistenze qualità dei vini.