

CENTRO RICERCA E INNOVAZIONE

REPORT

2023/2024

AGROSISTEMI E BIOECONOMIA
ALIMENTI E NUTRIZIONE
BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE
BIOLOGIA COMPUTAZIONALE



.....
COMITATO DI REDAZIONE

Nicola Busatto, Cristina Castellani, Damiano Gianelle, Giovanni Marini, Luisa Palmieri

CURATORI

Cristina Castellani, Emanuele Eccel, Floriana Marin

PROGETTO GRAFICO ED EDITORIALE

IDESIA - www.idesia.it

ISSN 2282 - 1341

© 2025, **Fondazione Edmund Mach**

Via Edmund Mach 1, 38098 San Michele all'Adige (Trento)

www.fmach.it

CENTRO RICERCA E INNOVAZIONE

REPORT

2023/2024

AGROSISTEMI E BIOECONOMIA
ALIMENTI E NUTRIZIONE
BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE
BIOLOGIA COMPUTAZIONALE



FONDAZIONE
EDMUND MACH

INDICE

Presentazione	7
Il Centro Ricerca e Innovazione	9
Il CRI in numeri	10
Unità di ricerca	12
Piattaforme tecnologiche	16
■ BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE	21
Andamento temporale dell'ossigeno nel fondale e dell'anidride carbonica in superficie, due facce della stessa medaglia - Lago di Tovel	22
Approccio multidisciplinare per comprendere le funzioni ecologiche in una comunità di grandi mammiferi alpini	24
Caratterizzazione funzionale e possibili utilizzi di una nuova isoprene sintasi	26
Dai dati all'azione: un modello predittivo a supporto della sorveglianza e prevenzione dell'encefalite da zecche in Europa	28
Determinazione del sesso nelle briofite: un mistero da svelare	30
Esplorare i segreti dell'aria alpina: polline, biodiversità e cambiamenti climatici	32
Il cambiamento di habitat indotto dal clima altera i modelli di diversità degli ospiti e il rischio di malattie trasmesse da zecche: una prospettiva <i>One Health</i>	34
Il clima cambia (anche) la fenologia: l'impatto dei cambiamenti climatici sui cicli annuali di sviluppo delle piante	36
Il polline come indicatore di rischio di encefalite virale trasmessa dalle zecche	38
Impronte genetiche nell'acqua: studiare gli anfibi senza vederli	40
L'antica duplicazione e la differenziazione funzionale delle fitochelatine sintasi in piante	42
L'impronta dell'ozono troposferico sulle foreste in Europa	44
Lo studio della biodiversità nelle acque alpine: un approccio multidisciplinare	46
Monitoraggio delle specie aliene invasive di zanzara nella Provincia Autonoma di Trento	48
Sono ciò che mangiano: come la dieta influenza la flora intestinale di animali selvatici	50
Tradizione e innovazione dell'aerobiologia in FEM	52
Sviluppo di codici a barre del DNA specie-specifici per piantaggine	54
Un nuovo bioindicatore dell'arsenico da una specie modello di epatica	55
■ BIOLOGIA COMPUTAZIONALE	57
Effetti climatici sulla stabilità degli ecosistemi fluviali	58
Gli aplotipi di 'Golden Delicious' offrono nuove prospettive per il <i>breeding</i>	60
Il microbioma della collezione di mirtillo	62
Sviluppo di un nuovo array di genotipizzazione per vite, noce nero, castagno e nocciolo	64
■ ALIMENTI E NUTRIZIONE	67
Alla scoperta del mais trentino: come le varietà locali influenzano la qualità di farina e polenta	68
Biosintesi di diidrocalcone e arbutina in un ibrido melo-pero	70
Come conservare il profumo del Gewürztraminer: il ruolo del pH e della temperatura nei vini aromatici	72
Il processo decisionale dei consumatori europei sulle etichette delle date di scadenza degli alimenti e le implicazioni sullo spreco alimentare domestico	74
Impronta metabolomica NMR per la differenziazione del riso italiano bianco e integrale convenzionale e biologico	76
Kefir innovativo a base di cereali: equilibrio tra qualità nutrizionale e profilo aromatico	78
Metil salicilato (MeSA) nei vini bianchi italiani: un potenziale aromatico nascosto	80

Monitoraggio non invasivo dei composti volatili organici per studiare il metabolismo del microbiota intestinale <i>in-vitro</i>	82
Sviluppo di nuove bevande fermentate a base di castagne e quinoa come fonte di fibre e polifenoli	84
La spettrometria di massa ad alta risoluzione per lo screening del profilo lipidico dell'uva	86
Verificare l'autenticità dell'olio essenziale di lavanda: un approccio innovativo	88
Verso abitudini alimentari più salutari negli adolescenti	90
Nutri il tuo microbiota per combattere lo stress con la dieta psicobiotica	91
■ AGROSISTEMI E BIOECONOMIA	93
Approccio duale NBT: cisgenesi ed editing genetico per migliorare la resistenza a più patogeni nel melo	94
Cuticola e parete cellulare: una barriera fondamentale per la difesa della vite da stress abiotici e biotici	96
Disturbi post-raccolta in melo: uno studio comparativo sul riscaldamento superficiale nelle varietà 'Granny Smith' e 'Ladina'	98
FruitDiv: sfruttare il potenziale della diversità genetica delle specie selvatiche di alberi da frutto per promuovere un'agricoltura sostenibile	100
Il cross-breeding, strada per rendere la viticoltura sempre più sostenibile	102
Il fitoplasma degli scopazzi del melo: varianti, effettori e patogenicità	104
L'impatto ambientale dei sistemi di allevamento "Spindle" e "Guyot" per il melo nel territorio montano trentino	106
Le potenzialità della Machine Vision in agricoltura: esperienze in campo	108
Migliorare la qualità dei mirtilli mediante una gestione accurata della conservazione in atmosfera controllata	110
Innovazione nel controllo sostenibile di insetti alieni	112
Migliorare la tolleranza alla peronospora della vite con le Tecnologie di Evoluzione Assistita	113
NGT per mitigare lo stress idrico in vite	114
Oro verde: il patrimonio di biodiversità viticola conservato presso la Fondazione Edmund Mach	116
Simulazioni di modelli di bioeconomia locale per una gestione ottimale degli scarti agro-industriali	118
Studio della funzione dei geni e uso delle TEA per la viticoltura di domani	120
Valorizzazione dei residui di trasformazione della mela: opportunità per un'economia circolare della filiera	122
Valutazione multi-omica della diversità fenotipica all'interno delle collezioni di germoplasma dei piccoli frutti	124
Verso un'agricoltura più sostenibile: indagare il meccanismo d'azione di un fungicida innovativo	126
Liste specie	129
Indice parole chiave	130

PRESENTAZIONE

L'evoluzione degli approfondimenti scientifici sulla natura si amplia in funzione della sempre più pressante e variegata domanda, scaturente non solo dagli operatori del settore primario, dalle aziende che lavorano i prodotti della campagna, dagli enti nazionali e sovranazionali che finanziano progetti su specifiche tematiche, dalla cittadinanza, ma soprattutto dalla conoscenza che evidenzia fenomeni intrinseci della metamorfosi del pianeta.

Lo sguardo attento a questa continua evoluzione, oggi talvolta caratterizzata da aspetti ed elementi desueti per la prassi conosciuta, incentiva vari approfondimenti che spesso evidenziano ulteriori aspetti incidentali, a loro volta fonte di nuovi spunti di riflessione e conoscenza.

I contributi raccolti in questa nuova edizione del Report sono parte delle attività svolte dai ricercatori del Centro Ricerca e Innovazione, che svolgono una certosina esplorazione e approfondimento delle evidenze emergenti dalla natura, per favorire lo sviluppo e la tutela del sistema agroalimentare, forestale ed ambientale, secondo principi di sostenibilità del territorio trentino, con benefici che ne travalicano i confini, come attestato dalle ampie e qualificate collaborazioni e interazioni scientifiche con analoghi enti nazionali e internazionali.

La ricerca, per la Fondazione Edmund Mach, è un compito che correda le attività di istruzione e formazione nei settori dell'agricoltura, dell'ambiente e dell'alimentazione, di consulenza tecnologica agli operatori agricoli e di trasformazione enologica affidata ad una storica cantina e distilleria didattica. Tutto ciò nella continuità di una formula che ha coadiuvato gli operatori del settore primario a raggiungere prosperità crescente e che al tempo stesso ha puntato e punta tuttora a valorizzare il territorio e l'ambiente trentino.



MIRCO MARIA FRANCO CATTANI
Presidente Fondazione Edmund Mach
(da febbraio 2020 a marzo 2025)

San Michele all'Adige, 6 marzo 2025

Il Centro Ricerca e Innovazione

La Fondazione Mach, originariamente istituita 150 anni fa come Istituto agrario di San Michele, è stata fondata con l'obiettivo primario di integrare l'istruzione accademica con la formazione professionale e la sperimentazione. Successivamente, ha esteso il suo raggio d'azione alla ricerca, fornendo un supporto cruciale all'agricoltura trentina e alla tutela dell'ambiente naturale.

Gli studi presentati in questo rapporto, sebbene rappresentino solo una selezione delle ricerche condotte nel corso del biennio, offrono una panoramica significativa della vasta gamma di discipline scientifiche coinvolte. Essi evidenziano la stretta interconnessione tra agricoltura sostenibile, alimentazione, biodiversità, ecologia e ambiente, tematiche che definiscono il territorio trentino e la sua comunità.

L'ambizione di tali ricerche non si limita alla mera acquisizione di conoscenze e all'impatto sull'agricoltura e sull'ambiente, ma aspira, soprattutto, a generare un impatto positivo sulle persone che vivono in questi territori. La ricerca di soluzioni alle problematiche locali richiede sempre più una

visione globale, l'adozione di prospettive innovative e l'intensificazione delle collaborazioni con istituti di ricerca internazionali.

Nella selezione degli articoli, è stata data priorità ai contributi dei giovani ricercatori, le cui idee e attività innovative hanno svolto un ruolo fondamentale nella crescita del Centro di Ricerca.

Il loro contributo è evidente anche dalla sempre maggiore multidisciplinarietà delle ricerche condotte, spesso al di fuori degli schemi classici che delimitano le singole discipline. Uso di nuove tecnologie, big data e intelligenza artificiale rappresentano strumenti innovativi a interrogativi di ricerca, sia tradizionali che emergenti, ma il capitale umano rimane sempre l'elemento cardine e imprescindibile per ogni attività di ricerca.

Rivolgo un sincero augurio a tutti i giovani colleghi, affinché possano continuare a promuovere il progresso del sapere umano con lo stesso entusiasmo, sia all'interno del nostro Centro che in altre istituzioni di ricerca, attraverso l'apporto di nuove idee e soluzioni.



.....
DAMIANO GIANELLE
Dirigente

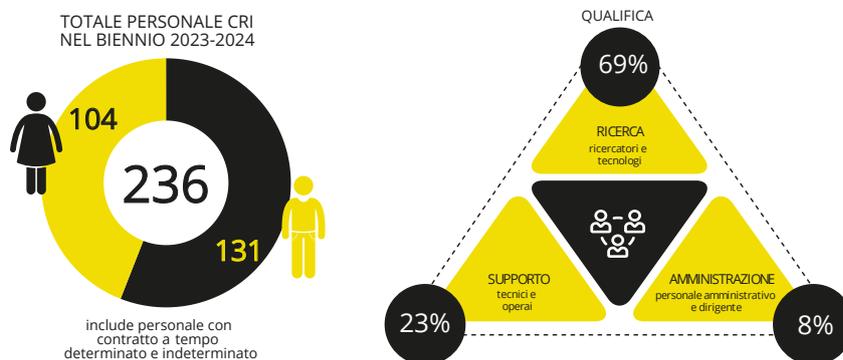
IL CRI IN NUMERI

OBIETTIVI PER LO SVILUPPO SOSTENIBILE

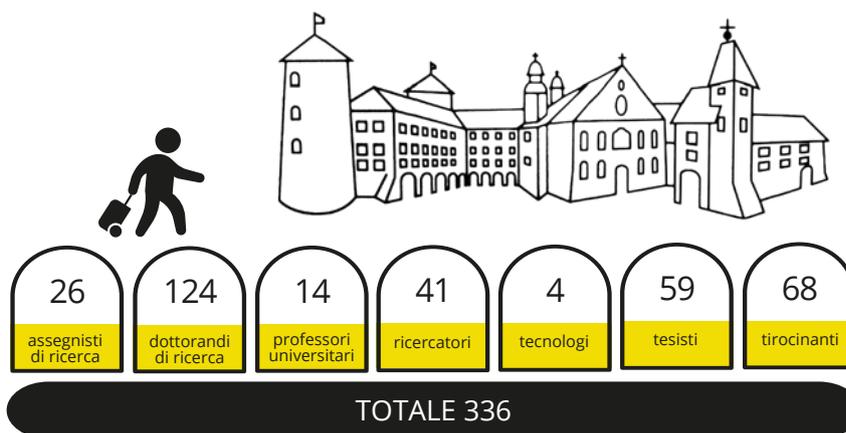


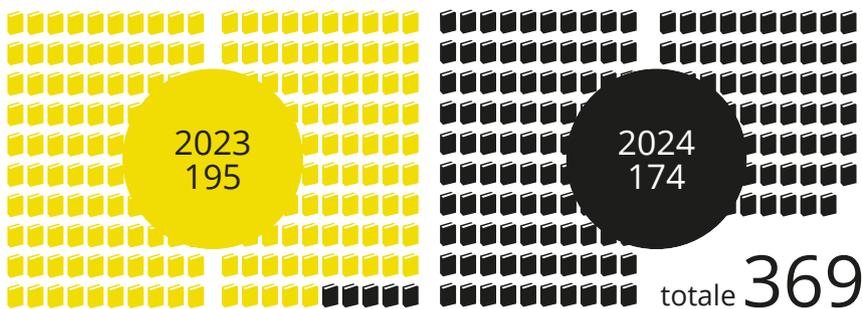
A colori sono evidenziati gli Obiettivi di Sviluppo Sostenibile (stabiliti dall'Organizzazione delle Nazioni Unite) sui quali il CRI è direttamente coinvolto

Totale personale CRI nel biennio 2023-2024 e qualifica



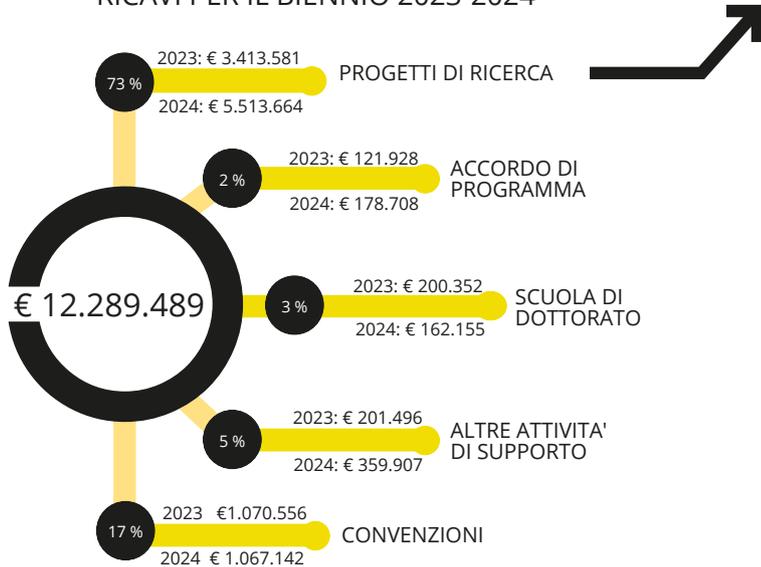
Personale esterno che ha frequentato il centro



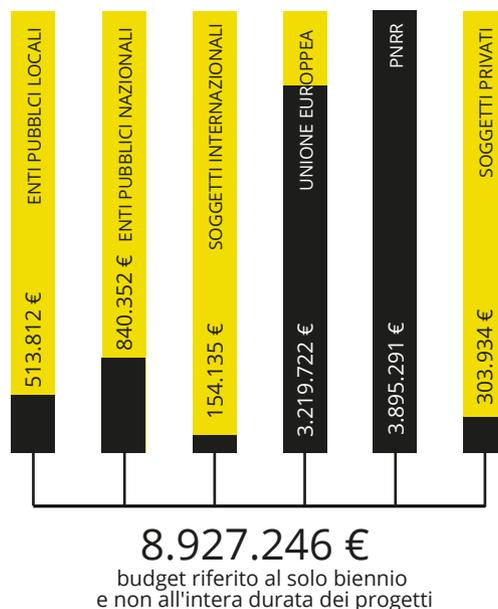


.....
Pubblicazioni su riviste con impact factor

RICAVI PER IL BIENNIO 2023-2024



FINANZIATORI PROGETTI DI RICERCA



.....
Studenti di dottorato seguiti nel biennio 2023-2024

Unità di ricerca

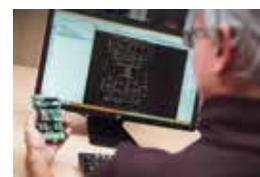
Il Centro di Ricerca e Innovazione (CRI) nel biennio 2023-2024 è stato organizzato in 20 unità di ricerca divise per aree tematiche (Agrosistemi e Bioeconomia, Biodiversità, Ecologia e Ambiente, Alimenti e Nutrizione, Biologia Computazionale) che collaborano per affrontare insieme le sfide fondamentali nei settori dell'agricoltura, dell'ambiente e dell'alimentazione.

.....

Agrosistemi e Bioeconomia

Agricoltura Digitale

Si dedica alla ricerca, sviluppo e innovazione per promuovere la digitalizzazione e l'automazione nel settore agricolo. Mira a migliorare l'efficienza produttiva attraverso l'implementazione di tecnologie avanzate e sistemi automatizzati.



Bioeconomia

Si focalizza sull'applicazione di competenze multidisciplinari nei campi della bioeconomia e dell'economia circolare. Attraverso progetti sperimentali e consulenze specialistiche, favorisce l'adozione di pratiche sostenibili che valorizzano le risorse biologiche.



Biologia e Fisiologia Vegetale

Studia le basi molecolari e fisiologiche della resistenza agli stress biotici e abiotici e della qualità del frutto in vite. Le conoscenze acquisite supportano i programmi di miglioramento genetico classico o basato su tecniche di evoluzione assistita (editing genetico, cisgenesi), e l'agricoltura di precisione.



Bioteecnologie Vegetali

Applica tecniche avanzate come la cisgenesi e l'editing genomico per migliorare le piante. L'obiettivo è incrementare la tolleranza agli stress e migliorare la qualità dei frutti attraverso studi di genomica funzionale.



Difesa delle Piante

Conduce ricerche sia di base che applicate per sviluppare metodi innovativi e sostenibili di protezione delle colture agricole. Mira a generare un impatto positivo sulla società e sull'economia riducendo l'uso di agrofarmaci.



Genetica e Miglioramento Genetico dei Fruttiferi

Si dedica a comprendere le basi genetiche e molecolari dei caratteri qualitativi del frutto e della resistenza alle malattie. Utilizza queste conoscenze per sviluppare nuove varietà migliorate attraverso programmi di breeding.



Genetica e Miglioramento Genetico della Vite

Sviluppa nuove basi scientifiche e varietà di vite resistenti a stress biotici e abiotici. L'obiettivo è promuovere una viticoltura sostenibile che mantenga elevati standard qualitativi.



Genetica e Miglioramento Genetico dei Piccoli Frutti

Lavora su mirtillo e lampone, sviluppando nuove conoscenze e materiali genetici che presentano caratteristiche migliorative per coltivatori e consumatori, adattabili a diversi ambienti e condizioni.



Biodiversità, Ecologia e Ambiente

Botanica Ambientale

Studia la biodiversità e la fenologia delle piante come indicatori di risposta agli stress ambientali e ai cambiamenti climatici. Valuta anche le implicazioni sulla salute umana.



Ecogenomica

Utilizza approcci di genomica comparativa e funzionale per studiare la biodiversità vegetale, concentrandosi sull'evoluzione e sull'adattamento delle specie.



Ecologia Animale

Analizza come la fauna selvatica adatta il proprio comportamento all'ambiente e ai cambiamenti indotti dall'uomo. Impiega bio-sensori e modelli predittivi per comprendere queste dinamiche.



Ecologia Applicata

Esamina gli effetti dei cambiamenti globali e della perdita di biodiversità delle specie alpine. Studia le interazioni negli ecosistemi e il rischio di diffusione di malattie che possono influire sulla salute animale e umana.



Ecologia Forestale

Indaga sulle interazioni tra foreste, praterie e il loro ambiente biotico e abiotico. Si concentra sui feedback tra vegetazione, biodiversità e clima nel contesto dei cambiamenti globali.



Genomica della Conservazione

Studia le variazioni nella diversità genomica delle specie selvatiche e del loro microbiota nel tempo e nello spazio, offrendo supporto scientifico per la gestione e la conservazione della fauna.



Idrobiologia

Conduce ricerche sulla biodiversità e sull'evoluzione delle caratteristiche ecologiche dei corsi d'acqua nelle regioni alpine e prealpine, analizzando i cambiamenti temporali e spaziali.



Alimenti e Nutrizione

Bioteecnologie dei Prodotti Naturali

Si dedica allo studio della biosintesi di vari gruppi di metaboliti vegetali. L'obiettivo è identificarli, isolarli e comprenderne le funzioni biologiche e il potenziale utilizzo.



Metabolomica

Sviluppa metodologie innovative per la caratterizzazione dei metaboliti presenti nei tessuti vegetali e animali (metaboloma), contribuendo alla comprensione dei processi biologici e fisiologici.



Qualità Sensoriale

Analizza la qualità degli alimenti attraverso un approccio multidisciplinare, focalizzandosi sul consumatore e sulla sostenibilità. Gli ambiti di studio spaziano dalle applicazioni agroalimentari ai processi percettivi fondamentali.



Tracciabilità

Applica tecniche avanzate come la Spettrometria di Massa Isotopica e la Risonanza Magnetica Nucleare per garantire la tracciabilità e l'autenticità dei prodotti agroalimentari, tutelando così produttori e consumatori.



Biologia Computazionale

Biologia Computazionale

Si occupa dello sviluppo di metodi per la gestione, l'analisi e la modellazione dei dati biologici. L'obiettivo è comprendere i meccanismi che governano fenomeni complessi, supportando le altre unità di ricerca attraverso strumenti informatici avanzati.



Piattaforme tecnologiche

Il **Centro Ricerca e Innovazione (CRI)** della Fondazione Edmund Mach dispone di **21 piattaforme tecnologiche** all'avanguardia, gestite da personale altamente qualificato. Ogni piattaforma è coordinata da un responsabile che ne supervisiona le attività, offrendo servizi e collaborazioni sia interne che per clienti esterni.

Queste piattaforme tecnologiche rappresentano il vero e proprio cuore pulsante del CRI, permettendo di condurre ricerche all'avanguardia e di sviluppare soluzioni innovative. La sinergia tra le diverse piattaforme facilita un approccio integrato e multidisciplinare, essenziale per affrontare le sfide complesse nei settori dell'agricoltura, dell'ambiente e dell'alimentazione.

Aerobiologia

Questa piattaforma è specializzata nel rilevamento e nello studio dei **pollini aerodispersi** e delle principali **spore allergeniche e patogene**, sia in ambienti esterni che interni. Utilizzando tecnologie avanzate, monitora la presenza di allergeni nell'aria, contribuendo alla prevenzione delle allergie e alla comprensione delle dinamiche degli agenti patogeni atmosferici. Inoltre, effettua test sulla **vitalità e germinazione** dei pollini, fornendo dati preziosi per l'agricoltura e la salute pubblica.



Analisi dei Composti Volatili

Specializzata nel **monitoraggio rapido e ad alta sensibilità** dei composti volatili organici, questa piattaforma utilizza tecniche di **spettrometria di massa** per l'analisi in tempo reale. Ciò permette di identificare e quantificare molecole responsabili di aromi, profumi e potenziali contaminanti in prodotti alimentari, bevande e ambienti, supportando studi sulla qualità e l'autenticità dei prodotti.



Analisi Sensoriale

La piattaforma offre studi approfonditi applicando le principali **tecniche sensoriali**, utilizzando panel di esperti e test con consumatori. Valuta aspetti come gusto, aroma, texture e aspetto dei prodotti alimentari, fornendo feedback essenziali per lo sviluppo di nuovi prodotti e il miglioramento di quelli esistenti. Questa attività è cruciale per comprendere le preferenze dei consumatori e garantire elevati standard di qualità.



Biologia Computazionale

Supporta i ricercatori nella progettazione sperimentale e offre servizi di **gestione, analisi e interpretazione dei dati biologici**. Utilizzando strumenti bioinformatici avanzati, la piattaforma facilita l'analisi di dati genomici, proteomici e metabolomici, contribuendo alla comprensione dei meccanismi biologici complessi e accelerando il progresso scientifico in vari campi della biologia.



Biomasse

Dispone di un laboratorio dedicato alla caratterizzazione **fisico-chimica, biologica ed energetica** delle biomasse e dei prodotti derivati. La piattaforma conduce ricerche su bioenergie, biofuel e materiali biocompositi, promuovendo l'uso sostenibile delle risorse rinnovabili e lo sviluppo di soluzioni per l'economia circolare e la riduzione dell'impatto ambientale.



Bioteχνologie delle Fermentazioni

Attiva nell'ideazione di **prodotti alimentari fermentati** migliorati, questa piattaforma lavora sull'ottimizzazione delle proprietà organolettiche, dei processi tecnologici e della sicurezza microbiologica. Sviluppa nuovi ceppi microbici e processi fermentativi per vini, birre, formaggi e altri alimenti, contribuendo all'innovazione nel settore agroalimentare.



Biotremologia

Specializzata nello studio delle **comunicazioni vibrazionali** degli insetti, la piattaforma sviluppa metodi di **manipolazione comportamentale** basati sulla biotremologia applicata. Decifrando il linguaggio vibratorio degli insetti, crea strategie ecocompatibili per il controllo dei parassiti agricoli, riducendo l'uso di agrofarmaci e promuovendo pratiche di difesa sostenibile.



Colture in vitro di Tessuti Vegetali

Offre servizi avanzati di **coltura in vitro** e applicazioni biotecnologiche, principalmente per alberi da frutto come vite, melo e piccoli frutti. Attraverso tecniche di micropropagazione e trasformazione genetica, la piattaforma supporta il miglioramento genetico, la conservazione del germoplasma e la produzione di piante sane e uniformi per la ricerca e l'industria agricola.



DNA Animale, Ambientale e Antico

Con una solida esperienza, questa piattaforma si occupa dell'**estrazione e amplificazione del DNA** da campioni animali, ambientali e antichi. Le sue applicazioni spaziano dalla genetica della conservazione alla filogeografia, contribuendo a studi sulla biodiversità, sul monitoraggio delle specie e sulla ricostruzione delle dinamiche evolutive.



Fenotipizzazione

La piattaforma offre sistemi automatizzati per la **fenotipizzazione ad alto rendimento** delle piante. Utilizzando tecniche di imaging RGB e iperspettrale, sensori avanzati e condizioni controllate di crescita, monitora parametri come lo sviluppo, la risposta a stress e l'efficienza d'uso delle risorse, facilitando la selezione di varietà migliorate.



Identificazione Varietale e Valorizzazione del Germoplasma di Vite

Garantisce la distribuzione di **materiale genetico** a fini non commerciali e gestisce l'allevamento e la caratterizzazione di varietà di vite. La piattaforma utilizza analisi morfologiche e molecolari per identificare e valorizzare il germoplasma viticolo, sostenendo la conservazione della biodiversità e i programmi di miglioramento genetico.



Idrochimica

Fornisce servizi di **analisi delle acque** e di profilazione chimica delle tossine cianobatteriche. Basandosi su metodi analitici avanzati, la piattaforma monitora la qualità delle acque dolci, fondamentale per la tutela degli ecosistemi acquatici, la gestione delle risorse idriche e la protezione della salute umana.



Metabolomica

Utilizza metodologie innovative per la **quantificazione e caratterizzazione dei metaboliti** in matrici complesse, come tessuti vegetali, alimenti e fluidi biologici. Attraverso tecniche di spettrometria di massa, la piattaforma supporta studi sulla qualità alimentare, sulla nutrizione, sulla fisiologia vegetale e sulle interazioni pianta-ambiente.



Microfluidica, Microdissezione e Microscopia

Dotata di strumentazioni all'avanguardia, questa piattaforma conduce ricerche su **microfluidica, microdissezione laser e microscopia avanzata**. Queste tecniche permettono l'analisi precisa di cellule e tessuti, la manipolazione di campioni su scala microscopica e lo studio dettagliato di processi biologici fondamentali.



Micrometeorologia

Finalizzata alla misura degli scambi di **energia e materia** (carbonio, acqua, azoto) tra vegetazione e atmosfera, la piattaforma utilizza tecnologie come l'**eddy covariance**. Monitora ecosistemi alpini, forestali e agricoli, contribuendo alla comprensione dei processi ecologici e degli impatti dei cambiamenti climatici sul ciclo del carbonio.



Quarantena

Si occupa dell'**allevamento di insetti dannosi e dei loro nemici naturali**, sia autoctoni che esotici, in condizioni controllate. La piattaforma fornisce un ambiente sicuro per studi su organismi regolamentati, supportando la ricerca sulla biologia, sulla lotta biologica e sulla prevenzione della diffusione di specie invasive.



Sensoristica Applicata agli Animali

Promuove lo sviluppo di **biosensori e tecnologie di remote sensing** per studiare l'ecologia animale. Attraverso dispositivi come GPS e accelerometri, monitora il comportamento, i movimenti e la fisiologia di specie selvatiche e domestiche, fornendo dati preziosi per la conservazione, la gestione faunistica e il benessere animale.



Sequenziamento e Genotipizzazione

Garantisce l'accesso a tecnologie di **sequenziamento di nuova generazione** e all'analisi di **SNP array** ad alta densità. La piattaforma supporta progetti genomici, trascrittomici e metagenomici, contribuendo alla ricerca fondamentale e applicata in genetica, miglioramento genetico e biologia molecolare.



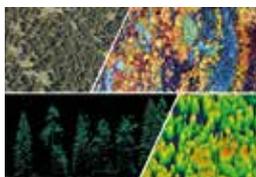
Sviluppo di Biopesticidi e Biofertilizzanti

Individua, valorizza e sviluppa nuovi **biofungicidi e biofertilizzanti** per promuovere la crescita delle piante e difenderle da patogeni. Sfruttando microrganismi benefici e composti naturali, la piattaforma contribuisce all'agricoltura sostenibile, riducendo l'uso di prodotti chimici e migliorando la salute del suolo.



Telerilevamento

Utilizza dati di **telerilevamento** acquisiti da satelliti, aeromobili e droni per stimare parametri biofisici della vegetazione forestale e di prateria. La piattaforma svolge attività che vanno dalla elaborazione di immagini multispettrali alla modellizzazione spaziale, supportando il monitoraggio ambientale, la gestione del territorio e la valutazione degli impatti climatici.



Tracciabilità

Specializzata in **Spettrometria di Massa Isotopica e Risonanza Magnetica Nucleare**, questa piattaforma offre servizi per garantire la **rintracciabilità e l'autenticità** dei prodotti agroalimentari. Aiuta a combattere le frodi alimentari, certificare l'origine geografica e verificare la qualità e la purezza di alimenti e bevande.







BIODIVERSITÀ, ECOLOGIA E AMBIENTE



Andamento temporale dell'ossigeno nel fondale e dell'anidride carbonica in superficie, due facce della stessa medaglia - Lago di Tovel



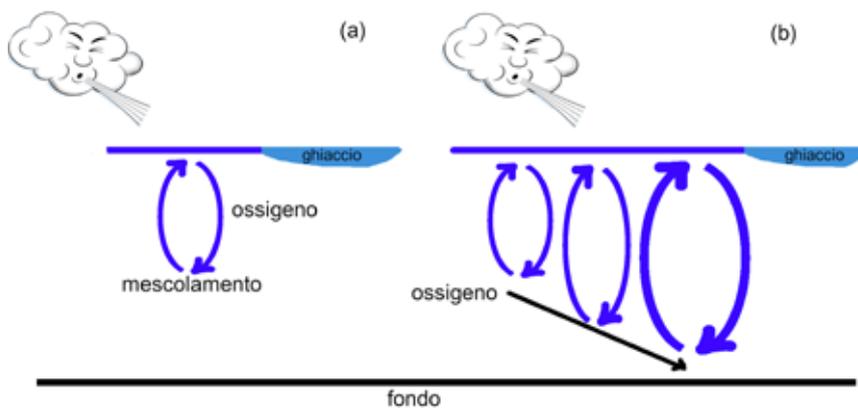
.....
ULRIKE OBERTEGGER

Il lago di Tovel a fine gennaio, vista dalla sponda nord verso sud
.....

Il Lago di Tovel è un sito di ricerca ecologica a lungo termine (LTER) dove vengono raccolti dati fisici, chimici e biologici dal 1995. Il campionamento mensile durante il periodo senza copertura di ghiaccio permette di studiare gli effetti del cambiamento climatico su un ecosistema montano come Tovel. Nonostante la sua posizione in una conca circondata da alte montagne che offrono una parziale protezione dalla radiazione solare diretta e dal conseguente riscaldamento atmosferico, il Lago di Tovel non è immune agli effetti del cambiamento climatico.

I nostri studi hanno evidenziato che la data di formazione della copertura di ghiaccio sul lago si verifica sempre

più tardi, con un ritardo di circa 5 giorni per decade, in risposta al cambiamento climatico. Questo ritardo influenza il mescolamento autunnale, un processo cruciale per i laghi, che consiste nella miscelazione delle acque superficiali con quelle profonde ad opera del vento (si veda Figura). A seguito del ritardo nel ghiacciamento, anche il debole vento autunnale (velocità media < 1 m/s) è in grado di indurre un mescolamento completo della colonna d'acqua fino al fondo (Figura B), un fenomeno che non si verificava prima del periodo 2010-2014 (Figura A). Di conseguenza, il Lago di Tovel, che fino al periodo 2010-2014 presentava uno strato profondo quasi anossico, mostra ora



Mescolamento autunnale del lago dovuto all'azione del vento. Gli strati superficiali si rimescolano con quelli inferiori.

(a) Prima del 2010-2016: il mescolamento non era sufficientemente prolungato per raggiungere gli strati più profondi. L'ossigeno superficiale arrivava solo a profondità intermedie. (b) Con il posticipo della formazione del ghiaccio: il mescolamento dura abbastanza a lungo da raggiungere gli strati più profondi. L'ossigeno superficiale raggiunge il fondo

una buona ossigenazione fino in profondità, con effetti positivi per la sopravvivenza di pesci e altri organismi acquatici.

Poiché il mescolamento verticale trasporta ossigeno dalla superficie verso il fondo, si può ipotizzare un trasporto di nutrienti e altre sostanze disciolte dal fondo verso la superficie. Un recente studio ha evidenziato un aumento della concentrazione di anidride carbonica (CO_2) nelle acque superficiali a partire dal periodo 2010-2014, verosimilmente a seguito dell'intensificato mescolamento verticale che trasporta CO_2 dalle acque profonde verso la superficie. Nelle profondità del lago, la CO_2 deriva

principalmente dai processi di decomposizione della materia organica. Negli ultimi anni, tuttavia, si osserva un nuovo indebolimento del mescolamento. L'acqua superficiale, rimanendo calda fino a tardo autunno, crea una maggiore stratificazione termica, che ostacola l'azione del vento nel mescolare le acque. Di conseguenza, si osserva una nuova diminuzione dell'ossigeno in profondità e della CO_2 in superficie.

Ricerche future indagheranno le conseguenze di questi regimi di mescolamento alterati e delle dinamiche di ossigeno/ CO_2 sulla struttura e la funzione della comunità biologica del lago.

PAROLE CHIAVE: ossigeno, CO_2 , laghi montani



Approccio multidisciplinare per comprendere le funzioni ecologiche in una comunità di grandi mammiferi alpini

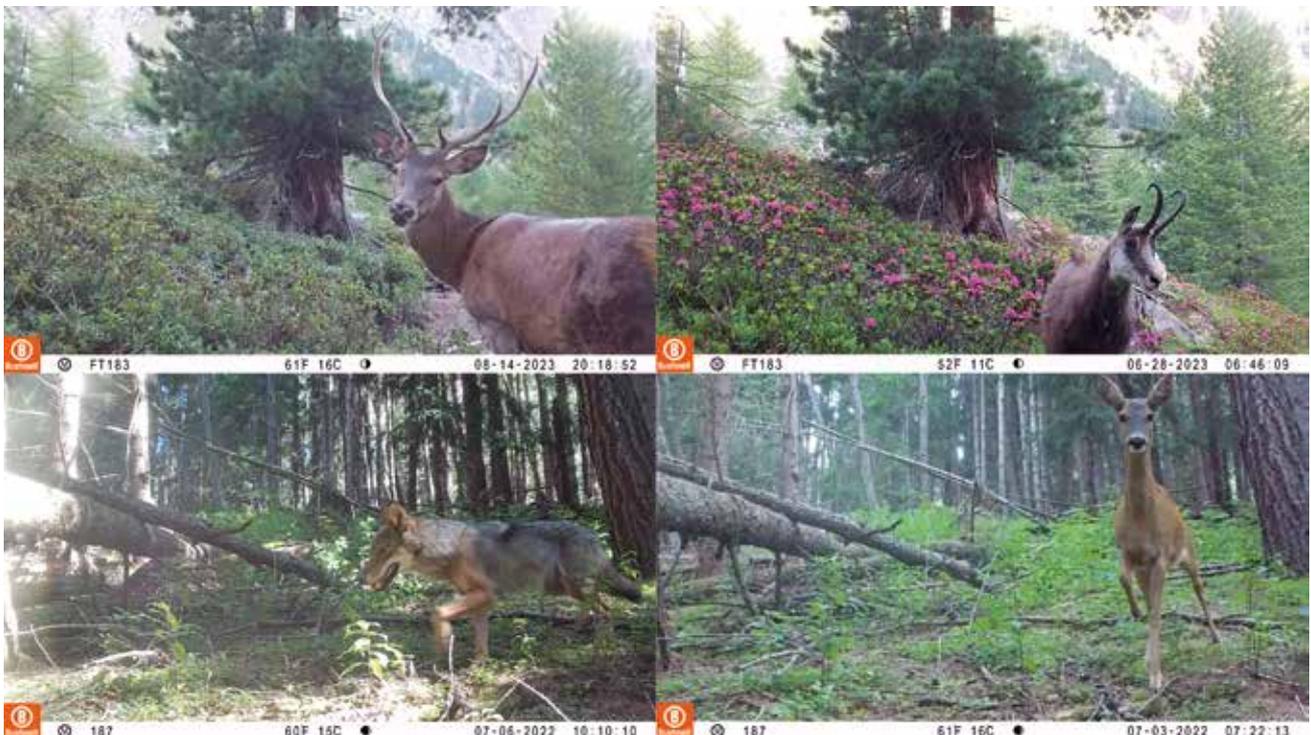


CHARLOTTE VANDERLOCHT
ANDREA CORRADINI
FRANCESCA CAGNACCI

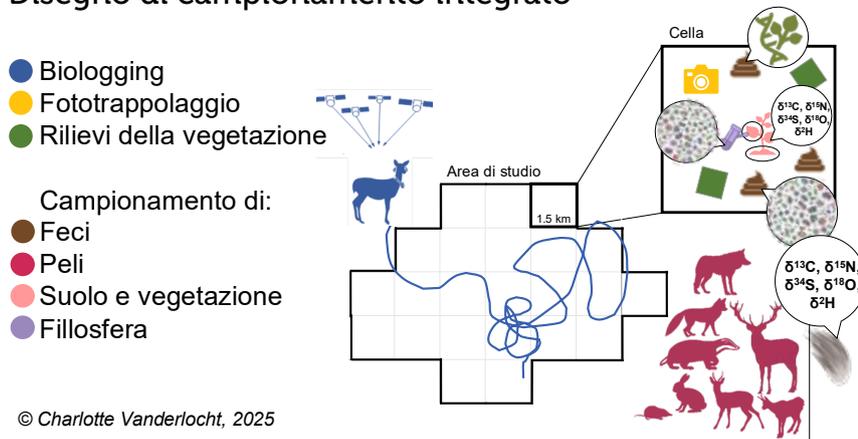
Negli ultimi decenni, il paesaggio alpino è stato profondamente trasformato dalle attività umane, dai cambiamenti climatici e dalle alterazioni nell'uso del territorio. Parallelamente, il lupo, dopo un secolo di assenza, sta gradualmente ristabilendo la sua presenza storica nelle Alpi. Questi cambiamenti influenzano i grandi erbivori (come cervo, capriolo e camoscio), sia in quanto prede dei lupi, sia come specie di interesse venatorio e consumatori di vegetazione. Le trasformazioni in atto potrebbero alterare comportamenti, relazioni tra le specie e innescare effetti a cascata negli ecosistemi. Ad esempio, le estati più calde potrebbero spingere i cervi a condividere gli habitat dei camosci, aumentando la competizione per le risorse. Inoltre, la predazione notturna del lupo potrebbe rendere gli ungulati più attivi di giorno, aumentando le interazioni con gli esseri umani, o tra loro stessi.

Per studiare queste dinamiche, abbiamo condotto uno studio sul campo in collaborazione con il Parco Nazionale dello Stelvio (co-supervisore Luca Pedrotti) e la Provincia Autonoma di Bolzano, monitorando 356 km² lungo un gradiente temporale di ricolonizzazione del lupo. Il progetto ha unito competenze della Fondazione Edmund Mach tra cui le unità di Ecologia Animale (hanno contribuito anche Federico Ossi e Simone Dal Farra), Genomica della Conservazione (co-supervisore Heidi Christine Hauffe) e Tracciabilità (Luana Bontempo), integrando tecnologie avanzate come la telemetria GPS, fototrappolaggio, campionamento sul campo, *metabarcoding* genetico, meta-tassonomica e analisi isotopiche. I nostri risultati mostrano che, sebbene tipicamente crepuscolari, i cervi aumentano l'attività diurna estiva di quasi il 18% in presenza di lupo, sovrapponendosi di più alle attività

Immagini di cervo (in alto a sx), camoscio (in alto a dx), capriolo (in basso a dx) e lupo (in basso a sx), ottenute tramite fototrappolaggio nel Parco Nazionale dello Stelvio. Strumentazione di laboratorio utilizzata per le prove di biometanazione (Gas Endeavour, BPC Instruments)



Disegno di campionamento integrato



© Charlotte Vanderlocht, 2025

umane. In autunno, cervi e caprioli modificano il loro comportamento diurno e spaziale per evitare i cacciatori, annullando l'influenza naturale del lupo. Per evitare il disturbo umano, sia cervi che camosci tendono ad essere più attivi in aree lontane dagli esseri umani: questo, insieme all'aumento delle temperature estive, potrebbe spiegare perché vengono osservati più spesso insieme nelle aree estive ad alta quota. Tuttavia, le loro nicchie ecologiche restano di-

stinte: i campioni di pelo di camoscio mostrano livelli inferiori di isotopi di azoto ($\delta^{15}\text{N}$) rispetto a quelli di cervo, suggerendo differenze nella qualità della dieta o nell'assorbimento delle proteine. Le analisi genomiche e del microbiota intestinale in corso ci aiuteranno a capire come questi animali selezionano e digeriscono il cibo. Con questo lavoro, offriamo una visione dettagliata delle interazioni tra grandi mammiferi e esseri umani nei paesaggi alpini antropizzati.

PAROLE CHIAVE: relazioni interspecifiche, effetti antropici

LISTA SPECIE CITATE: *Cervus elaphus*, *Capreolus capreolus*, *Rupicapra rupicapra*, *Canis lupus*



Caratterizzazione funzionale e possibili utilizzi di una nuova isoprene sintasi



JIAMEI YU
MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

L'isoprene (2-metil-1,3-butadiene) è il composto organico volatile biologico (BVOC) più abbondante nell'atmosfera. Ogni anno vengono rilasciate nell'aria circa 500 milioni di tonnellate di carbonio sotto forma di isoprene, la maggior parte del quale è prodotto dalle piante. Le ragioni di un tale dispendio di energia e carbonio da parte delle piante sono da attribuire probabilmente al fatto che l'isoprene protegge l'apparato fotosintetico dalle temperature eccessive.

Studi più recenti hanno suggerito che l'emissione di isoprene da parte delle piante può anche offrire protezione dalla siccità, sebbene i meccanismi molecolari alla base di questa capacità siano finora compresi solo in parte. La famiglia delle Arecaceae costituisce un sistema modello vegetale uti-

le per studiare il ruolo dell'isoprene nella tolleranza alla siccità, poiché le elevate emissioni di isoprene di queste specie arboree potrebbero essere tra le ragioni del loro successo nelle foreste secche neotropicali, caratterizzate da periodi ricorrenti ed estesi di stress idrico.

Per verificare se le isoprene sintasi (IspS), gli enzimi necessari per la biosintesi dell'isoprene delle Aracaceae, sono coinvolti nella tolleranza alla siccità e potrebbero dunque essere utilizzati nel miglioramento genetico delle colture vegetali, abbiamo isolato e caratterizzato il gene *CprIspS* di *Copernicia prunifera* sovraesprimendolo nella pianta modello *Arabidopsis thaliana*. Gli elevati livelli di emissione di isoprene raggiunti in *Arabidopsis* hanno conferito una mag-

Fiore di *Copernicia prunifera*



Test di germinazione di *Arabidopsis thaliana* trasformata con l'isoprene sintasi di *Copernicia prunifera*

.....

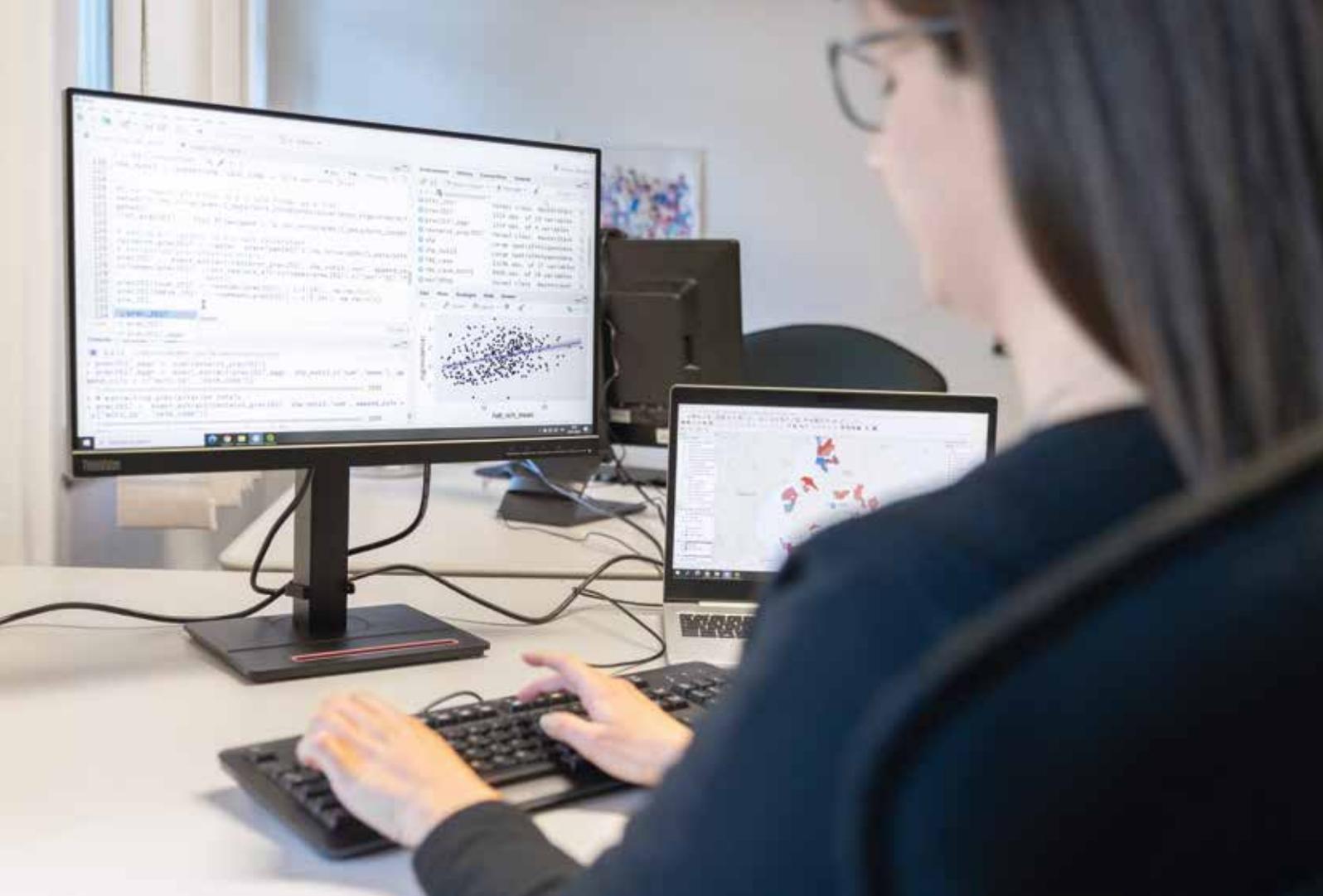
giore tolleranza alla siccità durante la crescita e lo sviluppo delle piante, dalla germinazione fino alla maturità. Le piante inoltre hanno mostrato una migliore germinazione e tassi più elevati di inverdimento di cotiledoni e foglie, maggiore efficienza nell'utilizzo dell'acqua e sopravvivenza rispetto alle piante di *Arabidopsis* di controllo. Questa maggiore tolleranza alla siccità è stata accompagnata da una diversa regolazione di molti

dei geni caratterizzati in studi precedenti e noti per essere attori chiave nelle risposte alla siccità delle piante. Questi risultati sono rilevanti per dimostrare che *CprISPS* può migliorare significativamente la tolleranza alla siccità in *Arabidopsis* ed altre piante non emettrici di isoprene e indicano che l'emissione di isoprene potrebbe essere un importante meccanismo di difesa nelle specie arboree per far fronte alla limitazione idrica.

PAROLE CHIAVE: isoprene, VOCs, stress idrico

LISTA SPECIE CITATE: *Copernicia prunifera*





Dai dati all'azione: un modello predittivo a supporto della sorveglianza e prevenzione dell'encefalite da zecche in Europa

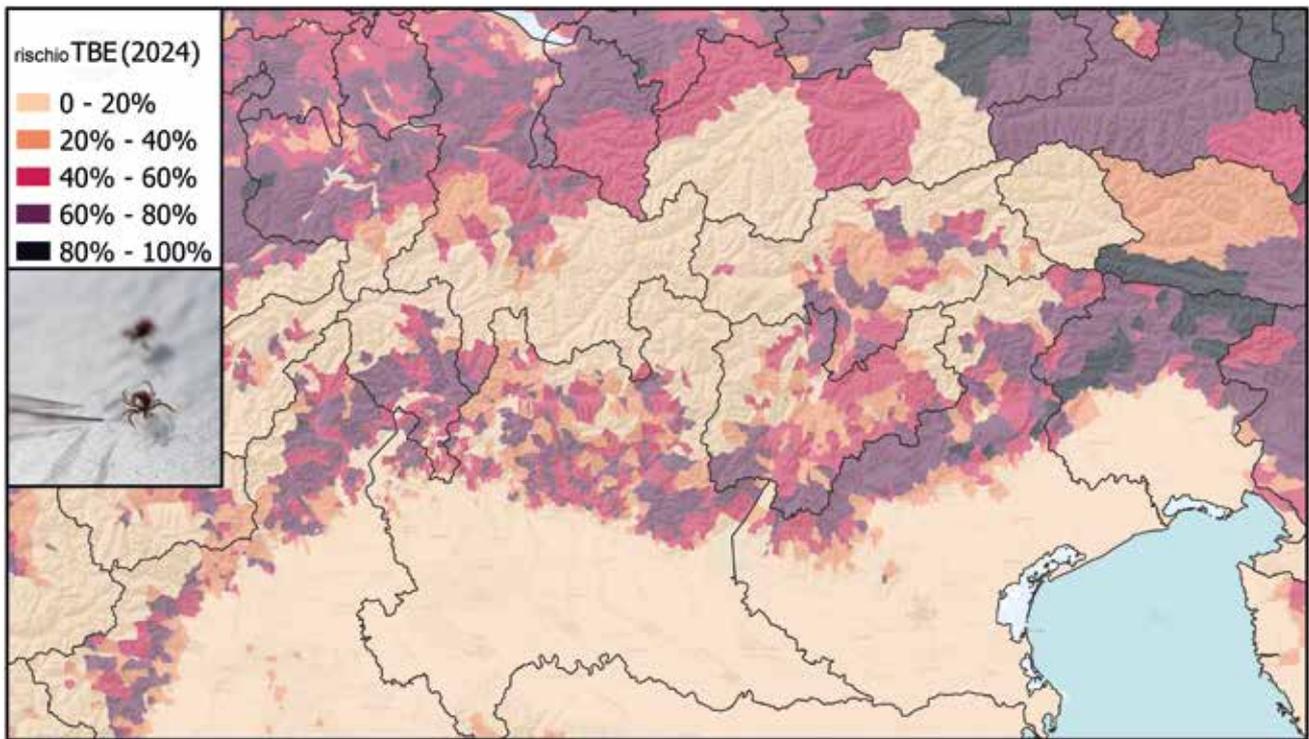


FRANCESCA DAGOSTIN
DANIELE DA RE
ANNAPAOLA RIZZOLI

L'encefalite da zecche (TBE) è una grave malattia neurologica virale trasmessa dalle zecche, diffusa in Europa. La trasmissione avviene principalmente attraverso il morso di zecche infette, ma è possibile contrarre l'infezione anche consumando prodotti caseari non pastorizzati. I sintomi variano da manifestazioni simil-influenzali lievi a quadri clinici gravi con potenziali complicanze letali. Nonostante la disponibilità di un vaccino, il numero di infezioni umane di TBE in Europa è in continuo aumento, con nuove aree a rischio. In Italia, ad oggi, sono stati segnalati casi nelle zone prealpine e alpine del Friuli Venezia Giulia, Veneto e Trentino-Alto Adige. La sorveglianza sanitaria consiste

nel monitorare la distribuzione delle infezioni nella popolazione: per questo motivo mappare la probabilità di presenza di TBE, idealmente a livello comunale, risulta fondamentale per la pianificazione di interventi mirati di prevenzione sanitaria.

A tal fine, nell'ambito del progetto europeo H2020 "MOOD" volto a creare strumenti innovativi per il monitoraggio delle malattie infettive in Europa, è stato sviluppato un modello basato su tecniche di intelligenza artificiale per prevedere la presenza di casi umani di TBE. Integrando dati epidemiologici con fattori ambientali e climatici, il modello genera mappe annuali che evidenziano le regioni ed i comuni a maggior rischio.



Secondo questo studio, tali aree sono caratterizzate da un rapido abbassamento delle temperature autunnali e livelli sufficienti di pioggia in estate, favorendo la sopravvivenza e l'attività delle zecche. Le aree forestali, habitat adatto per le zecche e i loro ospiti, sono anch'esse associate alla presenza di TBE. Infine, il comportamento umano può agire in sinergia con questi fattori aumentando la probabilità di incontro con zecche infette, poiché le persone che svolgono attività ricreative o professionali in aree agro-forestali hanno maggior probabilità di essere morsi dalle zecche. Le mappe di rischio possono essere esplorate al link <https://app.mo->

[od-h2020.eu/](https://app.mo-od-h2020.eu/) e saranno regolarmente aggiornate e rese accessibili alle autorità sanitarie. Questo strumento verrà utilizzato per informare interventi di sorveglianza, come le campagne di informazione e vaccinazione, essenziali per informare non solo le popolazioni locali, ma anche i turisti, affinché adottino misure appropriate per evitare le zecche e le infezioni nelle aree dove la TBE sta emergendo. Lo studio è stato realizzato con la collaborazione del dott. Giovanni Marini, della dott.ssa Valentina Tagliapietra (FEM), della dott.ssa Maria Grazia Zucali (Azienda Provinciale Servizi Sanitari), e del dott. Nahuel Fiorito (Unità Locale Socio Sanitaria Dolomiti).

Previsione del rischio di infezione umana da TBE nell'area alpina (2024)

PAROLE CHIAVE: encefalite da zecca, modelli statistici, *One Health*
LISTA SPECIE CITATE: *Ixodes ricinus*





Determinazione del sesso nelle briofite: un mistero da svelare



.....
DJORDJE BOZOVIC
MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

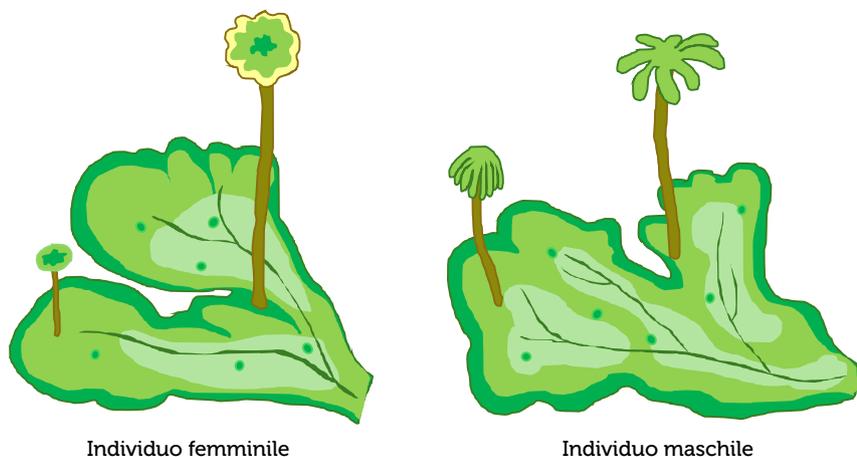
Le briofite, un antico gruppo di piante non vascolari che comprende muschi ed epatiche, presentano un'organizzazione riproduttiva spesso diversa da quella delle piante a fiore. A differenza della maggior parte delle piante a fiore, molte briofite sono dioiche, ovvero presentano individui esclusivamente maschili o femminili. Questa separazione dei sessi, comune anche negli animali, sembra conferire un vantaggio evolutivo, aumentando la diversità genetica e prevenendo gli effetti negativi dell'autofecondazione. Tuttavia, i meccanismi genetici alla base di questa caratteristica nelle briofite sono ancora poco conosciuti. Il recente sequenziamento del genoma di diverse specie di briofite ha iniziato a svelare i geni coinvolti nella separazione sessuale. I risultati suggeriscono che probabilmente

il controllo genetico del sesso si è evoluto in modo indipendente più volte, durante la lunga storia evolutiva delle briofite, rendendo ancora più affascinante lo studio di questo gruppo di piante.

Molte specie di briofite sono a rischio di estinzione, con percentuali di specie a rischio che vanno da circa il 20% in Europa a oltre il 50% stimato a livello globale. Il sistema riproduttivo e la proporzione di individui maschili rispetto a quelli femminili nelle popolazioni possono avere un impatto significativo sulla variabilità genetica delle specie di briofite e quindi sulla loro capacità di far fronte a stress ambientali come i cambiamenti climatici e di utilizzo del territorio. Comprendere i meccanismi che li regolano è fondamentale per sviluppare strategie di conservazione efficaci.

Esemplare femminile di *Conocephalum conicum*, Serbia
.....

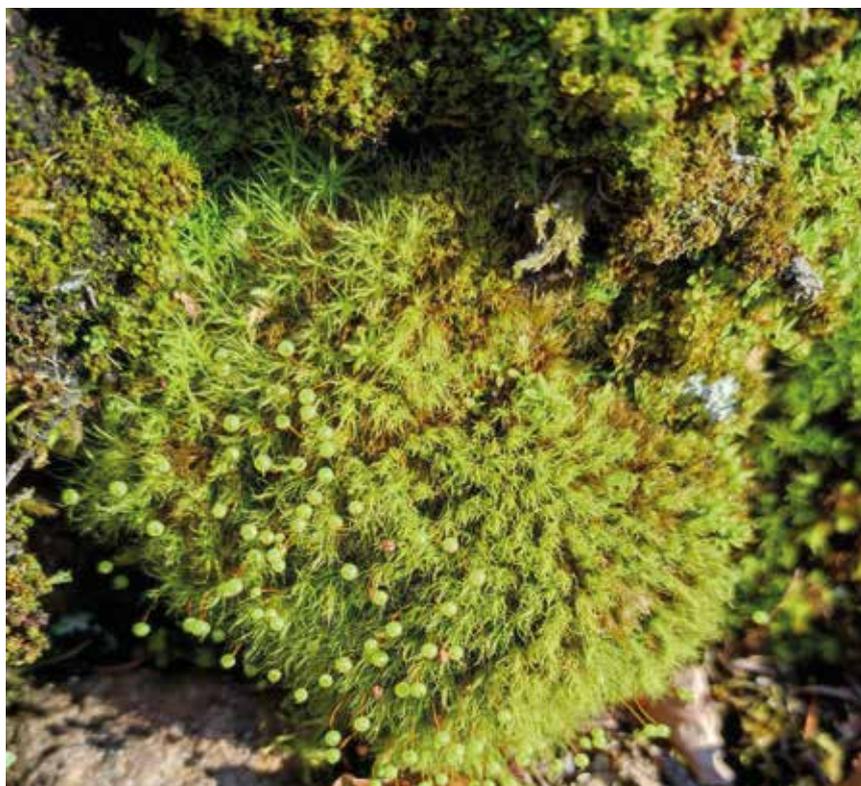
Marchantia polymorpha



Rappresentazione schematica di piante femmina e maschio di *Marchantia polymorpha*

Attualmente, esiste una carenza di informazioni sulla relazione tra sesso e stato di minaccia nelle briofite. Per colmare questa lacuna, stiamo sviluppando marcatori genetici specifici per determinare il sesso nelle briofite europee. Questi marcatori ci permetteranno di acquisire informazioni fondamentali sui sistemi riproduttivi e sulla distribuzione dei

sessi delle popolazioni e di valutare l'impatto di fattori ambientali e antropici sulla struttura genetica delle popolazioni. Queste informazioni saranno di fondamentale importanza per la conservazione delle briofite, una priorità spesso trascurata nelle strategie di conservazione della biodiversità vegetale sia a livello europeo che globale.



PAROLE CHIAVE: muschi, epatiche, rischio di estinzione, marcatori molecolari

LISTA SPECIE CITATE: *Conocephalum conicum*, *Marchantia polymorpha*





Esplorare i segreti dell'aria alpina: polline, biodiversità e cambiamenti climatici



FRANZISKA ZEMMER
ANTONELLA CRISTOFORI
ELENA GOTTARDINI

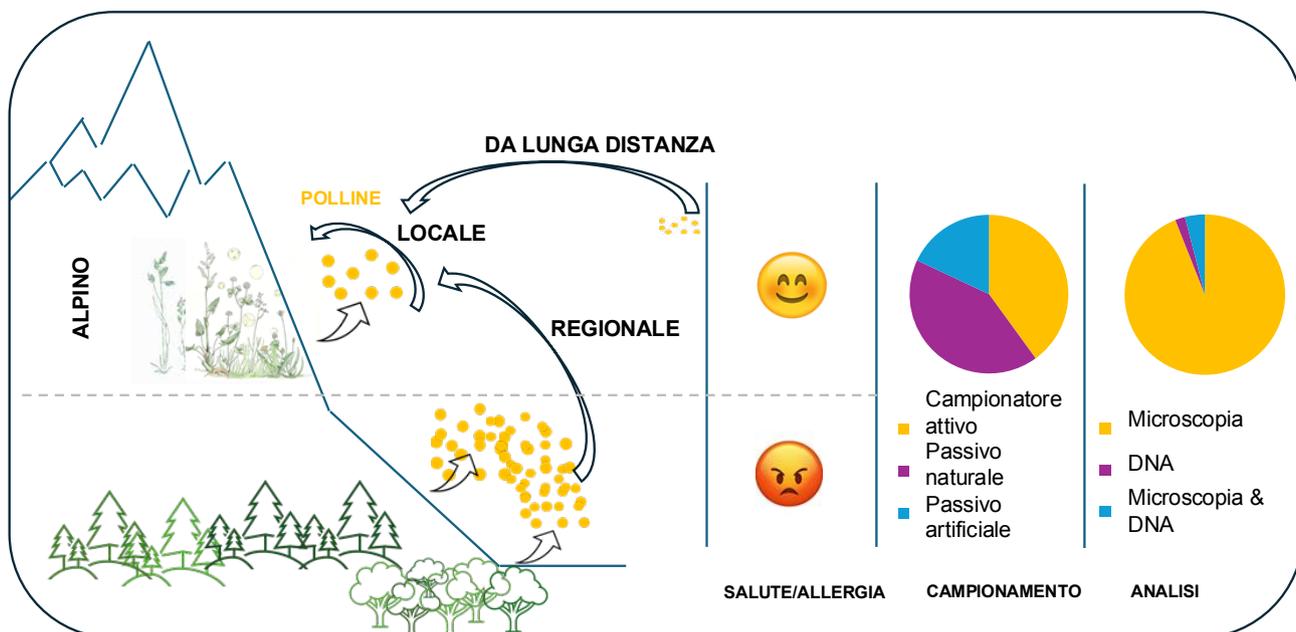
Campionamento aerobiologico in alta quota al Rifugio Val di Fumo (provincia di Trento)

Gli ecosistemi alpini, con le loro comunità vegetali adattate al freddo, rappresentano hotspot di biodiversità e laboratori naturali per studiare le interazioni tra vegetazione, clima e particelle aerodisperse. In una revisione bibliografica relativa a studi aerobiologici in ambiente alpino realizzata dall'unità di Botanica Ambientale della FEM sono stati analizzati i metodi, i risultati e le implicazioni della ricerca aerobiologica, con particolare attenzione al ruolo del polline nella biodiversità, nei modelli climatici e nella salute umana.

Gli studi aerobiologici alpini utilizzano due metodi principali di campionamento: per deposizione e volumetrico. Il campionamento per deposizione è semplice ed efficace in aree remote, mentre quello volume-

trico richiede infrastrutture accessibili. L'identificazione del polline avviene principalmente con tecniche microscopiche, accurate ma lente. Sebbene metodi molecolari come l'analisi del DNA offrano informazioni più dettagliate, essi sono ancora poco sfruttati negli studi alpini. Combinare approcci tradizionali e moderni potrebbe migliorare la comprensione della biodiversità dei pollini aerodispersi.

Il polline riflette la vegetazione circostante, ma include anche contributi da fonti lontane trasportati dal vento. Questo rende complessa l'interpretazione dei dati. Per risolvere il problema, si propone di classificare le fonti di polline come locali, regionali o a lunga distanza, facilitando analisi più precise delle interazioni tra biodiversità e clima.



Gli habitat alpini sono vulnerabili al riscaldamento climatico, con comunità vegetali che si spostano a quote più elevate o scompaiono del tutto. Il polline, un proxy della vegetazione, offre dati preziosi per monitorare questi cambiamenti.

Il polline aerodisperso influisce sulla salute umana, essendo potenziale causa di allergie e asma. Nelle regioni alpine, dove il turismo è importante, capire la distribuzione del polline è fondamentale. La ricerca aerobiologica può migliorare le previsioni sulle

allergie e aiutare a proteggere le popolazioni più sensibili.

L'aerobiologia fornisce una chiave per comprendere le interazioni tra vegetazione, clima e particelle aerodisperse negli ecosistemi alpini. Integrare metodi tradizionali e moderni consente di decodificare il bioaerosol e affrontare le sfide legate a biodiversità, clima e salute. Con il riscaldamento globale che minaccia questi ecosistemi, tali studi sono essenziali per proteggerli e svelare nuove prospettive su come gestire meglio il futuro del pianeta.

Origini del polline in ambiente alpino, impatto per la salute e metodologie di campionamento ed analisi

PAROLE CHIAVE: ambiente alpino, aerobiologia, biodiversità

LISTA SPECIE CITATE: Poaceae, Cyperaceae, Pinaceae





Il cambiamento di habitat indotto dal clima altera i modelli di diversità degli ospiti e il rischio di malattie trasmesse da zecche: una prospettiva *One Health*



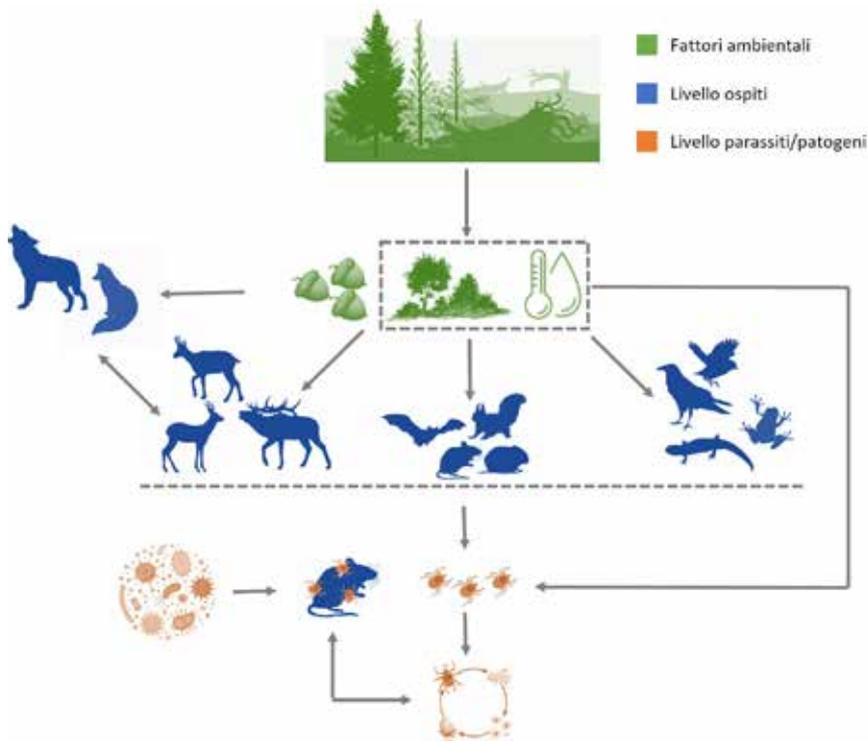
.....
GIULIA FERRARI
FAUSTA ROSSO
VALENTINA TAGLIAPIETRA

Danni forestali, con schianti causati dalla tempesta Vaia il 29 ottobre 2018 in Val d'Ega, Passo di Costalunga, Alto Adige, Italia (© lookphotos / Seehauser, Othmar)
.....

Gli eventi meteorologici estremi possono influenzare il rischio di trasmissione delle malattie alterando i parametri demografici e la distribuzione geografica di patogeni, vettori e ospiti, insieme a variazioni ambientali che potrebbero alterare le comunità e i tassi di contatto su scala locale.

Il nostro obiettivo è stato quello di valutare l'impatto di un evento meteorologico estremo, come la tempesta di vento Vaia verificatasi nelle Alpi italiane nord-orientali nel 2018, sui meccanismi di infezione alla base delle dinamiche che condizionano le malattie trasmesse da vettori, indagando sulle minacce per la salute rappresentate dai patogeni zoonotici trasmessi da zecche.

Nel Parco Naturale di Paneveggio-Pale di San Martino (Provincia Autonoma di Trento, Italia) è stato messo in atto un approccio multidisciplinare integrato che rappresenta i concetti di *One Health* (una prospettiva che considera la salute umana, animale e ambientale come interconnesse), combinando il fototrappolaggio, la cattura-marcatura-ricattura a vivo di piccoli mammiferi, la raccolta di zecche e metodi molecolari. Questa valutazione è stata condotta nel corso del 2023 e 2024 per studiare i cambiamenti nella comunità e nell'attività degli ospiti, la densità delle zecche e la prevalenza dei patogeni in un quadro sperimentale di controllo-trattamento (con-



Interazioni ecologiche ed epidemiologiche osservate nell'ambito della tempesta Vaia. In verde i fattori ambientali alterati da questo evento estremo (temperatura e umidità, struttura della vegetazione e risorse alimentari disponibili). In blu gli ospiti influenzati dai cambiamenti ambientali. In arancio vettori e patogeni (© Ferrari G.)

frontando foreste indisturbate con siti influenzati da Vaia) a due diverse altitudini (1100 m e 1600 m s.l.m.).

I nostri risultati hanno evidenziato che i siti colpiti dalla tempesta di Vaia hanno mostrato una ridotta diversità nella comunità di meso e grandi mammiferi, che hanno modificato i ritmi di attività in risposta ai nuovi habitat eterogenei a seconda della specie. Inoltre, questi siti hanno mostrato una maggiore presenza di zecche e di specie di piccoli mammiferi, favorendone l'incontro. Abbiamo osservato una eterogeneità nella prevalenza dei patogeni trasmessi da zecche, identificando agenti di varie zoonosi. Il complesso *Borrelia burgdorferi* s.l. (il gruppo di batteri che causa la malattia di Lyme) risulta maggiormente associato alle aree boschive, mentre *Anaplasma phagocytophilum* (l'agente dell'anaplasmosi granulocitica umana), *Babesia*

spp. (parassiti che causano la babesiosi) e *Rickettsia spp.* (batteri che causano diverse rickettsiosi) sono legati ai siti colpiti da Vaia. Questi cambiamenti nelle popolazioni e nella composizione della comunità di ospiti con un ruolo epidemiologico diverso possono aver avuto conseguenze sulla diffusione dei patogeni.

In conclusione, in questo studio, finanziato dal PNRR-NBFC (Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza - National Biodiversity Future Centre) e dal progetto europeo BE PREP, abbiamo osservato gli impatti degli eventi estremi determinati dal clima sulle comunità di ospiti, sulla loro presenza e comportamento, sulla distribuzione dei vettori e sul rischio di trasmissione di zoonosi che potrebbero avere conseguenze sulla salute dell'uomo e degli ecosistemi. Si ringraziano D. Arnoldi, G. Cervantes e la responsabile A. Rizzoli.

PAROLE CHIAVE: cambiamento climatico, dinamica ospite-vettore-patogeno, One Health

LISTA SPECIE CITATE: *Apodemus spp.*, *Ixodes ricinus*, *Cervus elaphus*





Il clima cambia (anche) la fenologia: l'impatto dei cambiamenti climatici sui cicli annuali di sviluppo delle piante

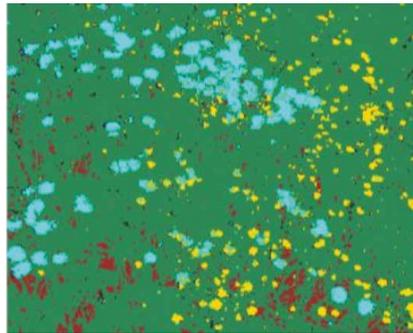
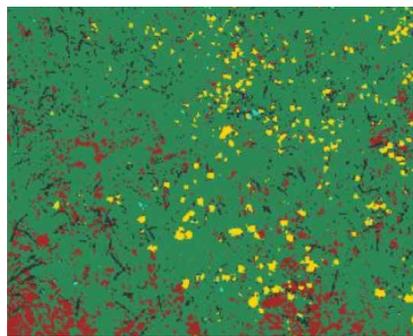


.....
DAVIDE ANDREATTA
LUCA BELELLI MARCHESINI
MICHELE DALPONTE

Variabilità nella fenologia autunnale
di piante di larice presso i Laghi
di San Giuliano (Foto di Michele Dalponte)
.....

I cambiamenti climatici influenzano il funzionamento delle comunità vegetali in diversi modi. Negli ultimi due anni, l'unità di Ecologia Forestale della FEM ha analizzato le variazioni della fenologia delle piante, ovvero le fasi dei cicli vegetativi annuali, come l'inizio della fogliazione primaverile e la senescenza autunnale. La regolazione di questi eventi è il risultato dell'evoluzione di ogni singola specie e popolazione all'interno di un determinato contesto pedoclimatico. Pertanto, la variazione delle date in cui si manifestano le diverse fasi fenologiche è un chiaro indicatore del cambiamento climatico. L'attività di ricerca ha portato allo sviluppo di nuovi metodi per il mo-

onitoraggio fenologico, finalizzati, ad esempio, all'estrazione della fenologia fiorale delle praterie al livello di singola specie, utilizzando serie temporali di immagini, e alla valutazione delle potenzialità delle misurazioni di luce trasmessa sottochioma per il monitoraggio della fenologia forestale. Il primo lavoro apre nuove possibilità per la comprensione della regolazione della fenologia in setup sperimentali e per la valutazione dei servizi ecosistemici. Il secondo ha confermato la buona correlazione tra il dato osservato dai satelliti con quello osservato sottochioma. Altri studi, in corso di pubblicazione, hanno utilizzato dati satellitari per il monitoraggio della fenologia a sca-



Classificazione automatica di immagini per l'analisi della fenologia floreale delle specie prative

.....

la regionale e continentale. L'analisi delle variazioni della fenologia negli ultimi venti anni nelle montagne europee mostra un anticipo dell'inizio del periodo vegetativo ed un marcato ritardo nella sua conclusione, con andamenti specifici in funzione della quota e del tipo di vegetazione (foresta/prateria primaria). Inoltre, è emerso che l'allungamento del periodo vegetativo non sembra determinare un aumento della produttività degli ecosistemi. Questa divergenza

potrebbe essere in parte spiegata dalle numerose anomalie climatiche degli ultimi decenni, come evidenziato dall'analisi della risposta fenologica delle foreste trentine a eventi di gelo tardivo (2019) e siccità (2022). Le proiezioni indicano che le anomalie climatiche caratterizzeranno anche i prossimi decenni; pertanto, una migliore comprensione della risposta fenologica è necessaria per prevedere la risposta delle diverse specie al nuovo clima.

PAROLE CHIAVE: fenologia, foreste, cambiamento climatico, praterie





Il polline come indicatore di rischio di encefalite virale trasmessa dalle zecche



GIOVANNI MARINI
ANTONELLA CRISTOFORI
ELENA GOTTARDINI

Lo studio indaga la relazione tra la quantità di polline aerodisperso di alcune piante forestali e l'incidenza dell'encefalite virale da zecche (TBE) nella provincia di Trento. La TBE è causata da un flavivirus che colpisce il sistema nervoso centrale umano ed è trasmessa principalmente tramite il morso di zecche infette, ed in particolare, in Europa occidentale, dalla zecca dei boschi (*Ixodes ricinus*). Il suo ciclo vitale comprende quattro stadi di sviluppo (uovo, larva, ninfa e adulto) e dura in media tre anni. Le larve e le ninfe si nutrono su mammiferi di piccola e media taglia, mentre le femmine adulte si cibano su mammiferi più grandi, ad esempio ungulati. Ogni anno sono registrati circa 3.000 casi di TBE in Europa. La diffusione del virus dipende dalla densità delle

zecche infette, a sua volta influenzata dalla presenza di roditori ospiti che dipende dalla disponibilità di risorse alimentari, come i semi di alcune specie di alberi, la cui produzione varia tra gli anni.

Utilizzando un set di dati di concentrazione pollinica derivanti da monitoraggio aerobiologico trentennale (1989-2020), abbiamo esaminato la correlazione tra la quantità di polline disperso in atmosfera di sette specie arboree ed i casi annuali di TBE registrati tra il 1992 e il 2020. Il polline viene raccolto con un campionatore Hirst-type localizzato nel campus della FEM, e analizzato con metodiche convenzionali di microscopia ottica.

I nostri risultati mostrano una forte correlazione positiva, con un ritardo di 2 anni, tra la quantità di polline di

Ninfa di *Ixodes ricinus*

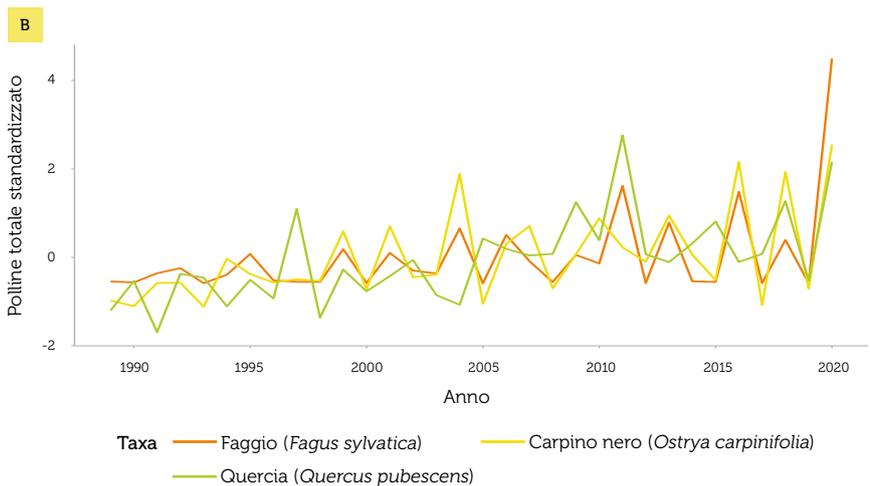
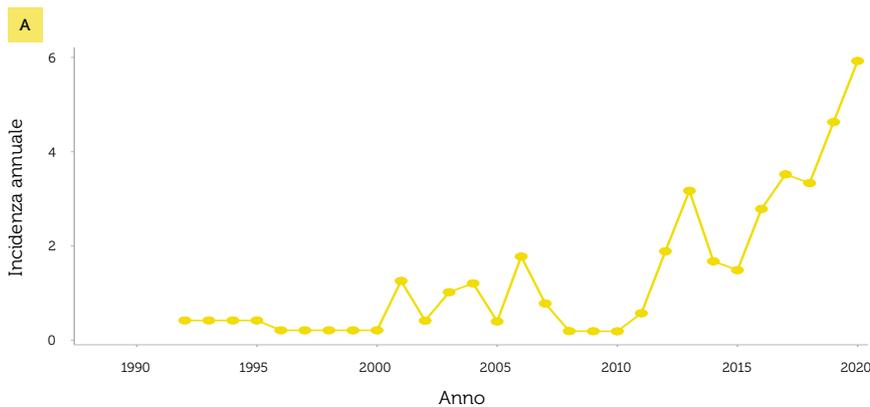
carpino nero (*Ostrya carpinifolia*) e quercia (*Quercus pubescens*) e l'incidenza della TBE. Anche il polline di faggio (*Fagus sylvatica*) ha mostrato una correlazione, sebbene più debole, probabilmente a causa della scarsa dispersione in atmosfera del polline di questa specie.

Una grande quantità di polline registrata in un certo anno è correlata a una maggiore produzione di semi (anno 0) e, di conseguenza, a una maggiore disponibilità di cibo per i roditori, che quindi saranno più numerosi (anno 1). Questo influenza positivamente la crescita della popo-

lazione di zecche e la circolazione del virus, con una maggiore incidenza di casi due anni dopo l'evento.

La nostra analisi può essere replicata a scala più ampia e, qualora i risultati fossero confermati, permetterà l'implementazione di un sistema di allerta precoce per il rischio di trasmissione della TBE.

Lo studio è stato realizzato con la collaborazione di Fabiana Cristofolini, Francesca Dagostin, Annapaola Rizzoli, Valentina Tagliapietra (FEM) e di Silvia Molinaro e Maria Grazia Zuccali (Azienda Provinciale Servizi Sanitari).



A: numero di casi di TBE registrati annualmente in Trentino per 100.000 abitanti (1992-2020).

B: quantità standardizzate di polline raccolte annualmente per faggio, carpino nero e quercia

PAROLE CHIAVE: encefalite da zecca, polline, salute pubblica
LISTA SPECIE CITATE: *Ixodes ricinus*, *Ostrya carpinifolia*, *Fagus sylvatica*





Impronte genetiche nell'acqua: studiare gli anfibi senza vederli



.....
 LUCIA ZANOVELLO
 MATTEO GIRARDI
 HEIDI C. HAUFFE

Ovature, girini e giovani rane rilasciano nell'ambiente acquatico tracce di DNA, che con appositi protocolli possono essere rilevate e analizzate, fornendo importanti informazioni sulla presenza e la diversità genetica degli anfibi

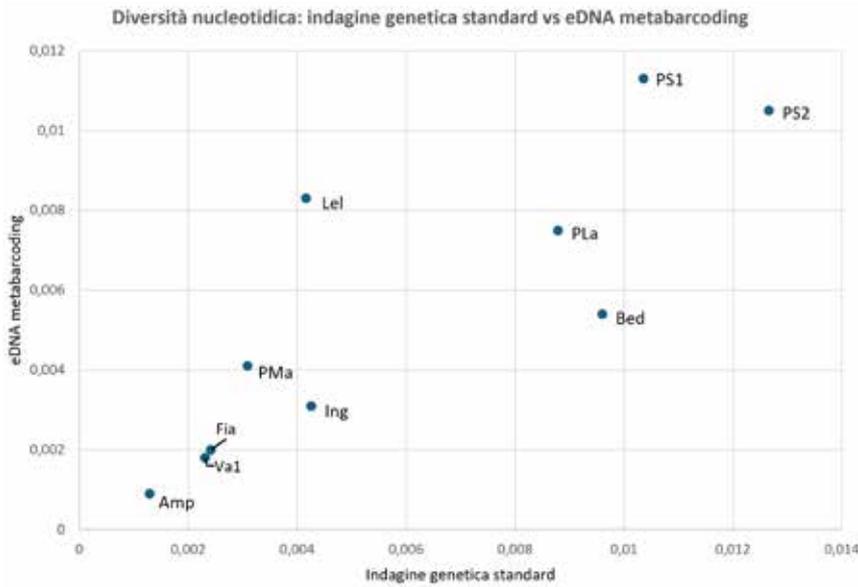
.....

Fin dall'antichità, gli ambienti acquatici hanno esercitato un forte richiamo sull'uomo, portando alla nascita di numerosi insediamenti lungo le sponde di fiumi, laghi e zone umide. Queste risorse, vitali per l'approvvigionamento di acqua e cibo, per la difesa e per i commerci, rappresentano anche un patrimonio inestimabile di biodiversità. Grazie ai recenti progressi tecnologici nel campo della genetica applicata alla conservazione delle specie a rischio, oggi le zone umide si rivelano delle vere e proprie "pozze" di conoscenza, in grado di fornire informazioni indispensabili per la gestione di questi ambienti e delle specie animali che li frequentano. È infatti possibile estrarre DNA da un semplice campione d'acqua e ricavare preziose informazioni sulle specie presenti.

Abbiamo applicato questo metodo innovativo e non invasivo, che non richiede il prelievo di campioni biologici diretti sugli animali, per monitorare la biodiversità degli anfibi alpini, un gruppo particolarmente vulnerabile e a rischio di estinzione a livello globale. La ricerca, sviluppata nell'ambito a Riserva di Biosfera UNESCO Alpi Ledrensi e Giudicarie, ha permesso di valutare l'efficacia delle tecniche genetiche in diverse fasi del ciclo vitale degli anfibi e in diverse condizioni ambientali, oltre a misurare la loro diversità genetica mitocondriale (il DNA contenuto nei mitocondri, organelli cellulari che forniscono energia alla cellula). La specie target dello studio è stata la rana di montagna (*Rana temporaria*), un importante organismo modello per studi "classici" sulla diversità genetica,

le cui popolazioni mostrano declini locali a causa della crisi climatica e della degradazione del loro habitat. Utilizzando come marker genetico un frammento del gene *Citocromo ossidasi I (COI)*, abbiamo dimostrato che il nostro protocollo basato su DNA ambientale (eDNA) fornisce stime degli indici di diversità genetica tradizionali (numero di aplotipi, diversità aplotipica e diversità nucleotidica) con un'e-

levata accuratezza rispetto ai metodi genetici convenzionali, che richiedono il prelievo di campioni di tessuto. Questo studio dimostra per la prima volta, a livello globale, che è possibile ottenere informazioni sulla variabilità genetica degli anfibi a partire da campioni di eDNA, aprendo nuove prospettive per monitoraggi che tengano conto anche della dimensione della diversità genetica.

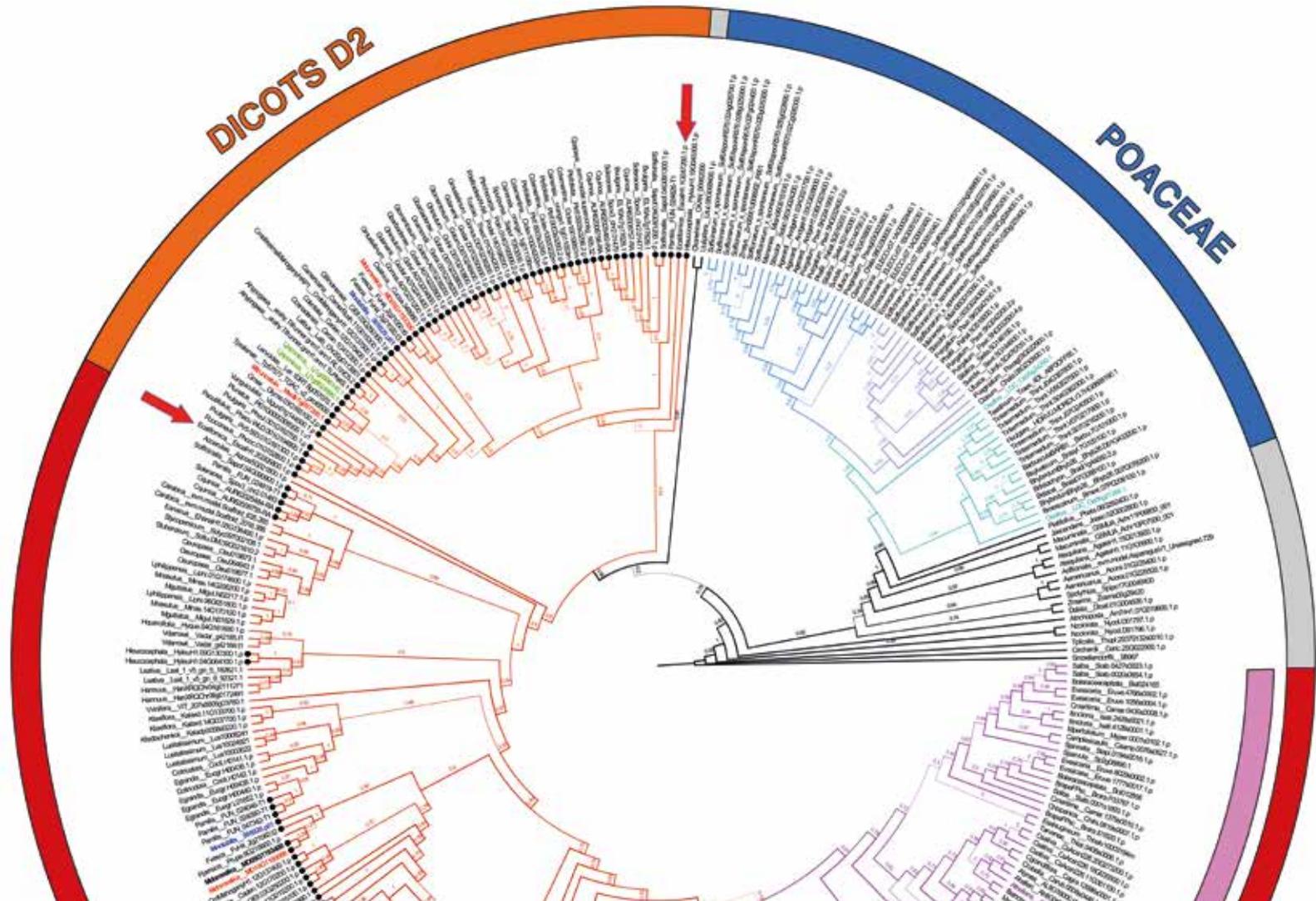


Scatterplot dei valori di diversità nucleotidica delle popolazioni di *Rana temporaria* nella Provincia di Trento, per due dataset: asse x indagine precedente genetica standard, basata su tessuto; asse y: questo studio (basato su eDNA)

.....

PAROLE CHIAVE: DNA ambientale, anfibi, diversità genetica
LISTA SPECIE CITATE: *Rana temporaria*





L'antica duplicazione e la differenziazione funzionale delle fitochelatine sintasi in piante



MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

Alcuni metalli sono essenziali per la crescita e lo sviluppo delle piante, mentre altri metalli pesanti (come il cadmio e il piombo), o i metalloidi (come l'arsenico) sono tossici anche a concentrazioni molto basse a causa della competizione con i metalli endogeni (presenti naturalmente nell'organismo) necessari per i normali processi biologici. Pertanto, una rigorosa regolazione dell'accumulo di metalli pesanti nelle piante è un meccanismo importante per mantenerle in salute.

Le fitochelatine (PCn) sono piccoli peptidi ricchi di cisteina, ampiamente presenti non solo nelle piante, ma anche in altri organismi. La biosintesi delle PCn viene catalizzata dall'enzima fitochelatina sintasi (PCS). Le PCn legano i metalli pesanti e il complesso

metallo pesante-PC viene quindi trasportato nei vacuoli, un ampio compartimento interno alle cellule vegetali, dove i metalli pesanti vengono detossificati. Nonostante l'importanza fondamentale dei geni della fitochelatina sintasi (PCS), fino ad ora sorprendentemente non è stata effettuata alcuna analisi completa di come si siano evoluti nelle piante terrestri in generale e nelle colture di interesse commerciale in particolare.

Attraverso un'analisi su larga scala dei genomi delle piante da fiore, abbiamo scoperto un'antica duplicazione genetica finora non rilevata, presente in molte specie vegetali, che ha dato origine a due tipi di geni PCS chiamati *D1* e *D2*. Complementando la mancanza di produzione di PCn in un mutante di *Arabidopsis thaliana*

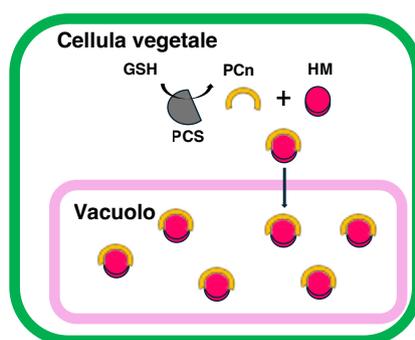
Cladogramma di proteine PCS da genomi vegetali completamente sequenziati



Semi di *Medicago truncatula*

na con la copia del gene *D1* o *D2* di due specie di colture modello, il melo (*Malus domestica*) e l'erba medica (*Medicago truncatula*), abbiamo osservato che le copie *D2* promuovevano una migliore crescita delle piante, la produzione di fitochelatine e glutathione, nonché contenuti di elementi più elevati sotto stress da metalli pesanti e metalloidi. L'analisi *in vitro* delle proteine PCS purificate *D1* o *D2* ha confermato le osservazioni ottenute sull'intera pianta, mostrando chiaramente un'attività più elevata delle proteine di tipo *D2* rispetto alle proteine di tipo *D1*. Poiché le fitochelatine costituiscono il più importante meccanismo di detossificazione dei metalli pesanti e dei metalloidi identificato finora nelle piante vascolari, la scoperta e la prima caratterizzazio-

ne dei geni di tipo *D2* in altre specie forniranno informazioni più approfondite sulle differenze funzionali tra le due copie di *PCS*. Inoltre, questa scoperta potrebbe fornire un nuovo strumento per migliorare la capacità di detossificazione dei metalli pesanti e dei metalloidi delle piante coltivate, rendendole più tolleranti a questi elementi nocivi.



Rappresentazione schematica della detossificazione dei metalli pesanti (HM) da parte delle fitochelatine (PCn) all'interno delle cellule vegetali. La biosintesi delle PCn è catalizzata dalla fitochelatina sintasi (PCS). I complessi PCn::metallo formati vengono trasportati nei vacuoli, dove gli ioni metallici vengono detossificati.

PAROLE CHIAVE: metalli pesanti, metalloidi, detossificazione, geni duplicati

LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*, *Medicago truncatula*





L'impronta dell'ozono troposferico sulle foreste in Europa



ELENA GOTTARDINI

L'ozono troposferico è un potente ossidante che può causare danni fisiologici e biochimici alla vegetazione forestale, determinando una riduzione della produttività e, in ultima analisi, apportando effetti negativi all'intero ecosistema.

L'unica evidenza specifica dell'impatto dell'ozono sulla vegetazione è costituita da peculiari sintomi fogliari (VFS, Visible Foliar Symptoms). Questi sintomi sono stati riprodotti in condizioni controllate su varie specie e la loro valutazione sul campo è stata ampiamente standardizzata a livello europeo nell'ambito del programma internazionale ICP Forests (International Co-Operative Programme on Assessment and Monitoring of Air Pollution Effects on Forests).

Dati relativi alle concentrazioni di ozono e alla presenza di VFS, raccol-

ti tra il 2005 e il 2018 in circa 100 siti di monitoraggio intensivo forestale nell'ambito del programma ICP Forests, sono stati analizzati da un team di esperti. Lo studio ha interessato 20 paesi europei, distribuiti in cinque regioni biogeografiche, e ha analizzato le variazioni spazio-temporali delle concentrazioni di ozono, la frequenza dei VFS e le loro interrelazioni.

Le concentrazioni di ozono, risultate significativamente più elevate nelle regioni Alpine e Mediterranee, sono rimaste sostanzialmente stabili nel periodo di studio, con una tendenza alla diminuzione nei siti Alpino-Boreali e all'aumento nei siti Atlantici.

I sintomi fogliari sono stati osservati su oltre un terzo degli esemplari di latifoglie monitorati, senza differenze statisticamente significative tra le

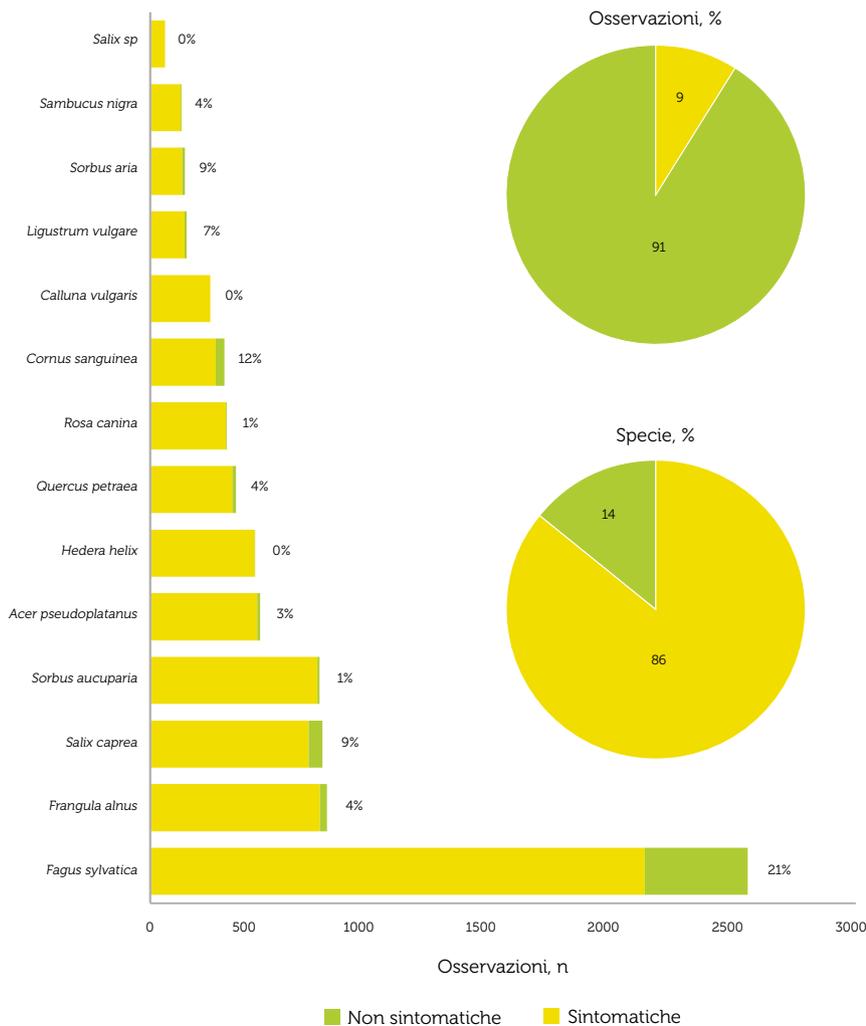
Sintomi fogliari provocati dall'ozono

regioni biogeografiche. Nel complesso, e ad eccezione di un aumento registrato nei siti Atlantici, la frequenza dei VFS è rimasta invariata o è leggermente diminuita durante il periodo di studio. È stata inoltre osservata una relazione positiva tra le concentrazioni di ozono e la frequenza dei VFS a livello europeo.

Le specie con maggiore frequenza di VFS corrispondono a quelle precedentemente identificate come sensibili all'ozono in studi condotti in condizioni controllate. La frequenza dei VFS sembra inoltre essere influenzata da caratteristiche specifiche delle diverse specie, quali l'area foglia-

re specifica e lo spessore fogliare. Nonostante le concentrazioni di ozono indichino un gradiente di rischio crescente da nord a sud, con aree critiche nelle regioni Alpine e Mediterranee, l'analisi dei VFS suggerisce un rischio maggiore per la vegetazione nelle regioni Alpina e Continentale rispetto a quella Mediterranea.

Questo studio evidenzia l'importanza di considerare la composizione specifica della vegetazione locale e la relativa sensibilità all'ozono per una comprensione più accurata degli impatti ecologici di questo inquinante e per la pianificazione di strategie di mitigazione dei suoi effetti.



Lista delle specie comuni nelle quattro regioni biogeografiche e relativo numero di osservazioni, distinte tra non sintomatiche (giallo) e sintomatiche (verde); per ciascuna specie è riportato anche il valore percentuale delle osservazioni sintomatiche

.....

PAROLE CHIAVE: ozono troposferico, sintomi fogliari visibili, monitoraggio, foreste

LISTA SPECIE CITATE: *Fagus sylvatica*, *Viburnum lantana*





Lo studio della biodiversità nelle acque alpine: un approccio multidisciplinare



SARA VETTORAZZO

Le acque alpine sono ecosistemi unici e ricchi di biodiversità, oggi altamente minacciati dai cambiamenti climatici e dalle pressioni antropiche. Lo scioglimento della criosfera, i cambiamenti nei regimi di precipitazione, e il riscaldamento delle acque, stanno profondamente influenzando la quantità e la qualità chimica, fisica e biologica delle risorse idriche. A ciò si aggiungono le attività antropiche, che contribuiscono all'eutrofizzazione delle acque e all'introduzione di specie invasive, in grado di provocare gravi danni ecologici. In questo contesto, diventa fondamentale comprendere e monitorare le conseguenze ecologiche di queste trasformazioni.

Nell'ambito del progetto BioAlpEC (Biodiversity of Alpine Ecosystems in a Changing World), sviluppato all'interno

del National Biodiversity Future Centre (NBFC) e che coinvolge otto unità del Centro Ricerca e Innovazione, l'unità di Idrobiologia si pone l'obiettivo di ampliare le conoscenze sulla biodiversità delle acque alpine adottando un approccio multidisciplinare e multi-scala. In particolare, la ricerca si concentra su ambienti distribuiti lungo un ampio gradiente fisiografico e altitudinale, con particolare attenzione a ecosistemi poco studiati, quali piccole acque e nuovi laghi proglaciali. Le attività riguardano l'analisi di diversi organismi e comunità, dalla scala microscopica (batteri, microalghe, funghi) a quella macroscopica (copepodi, molluschi bivalvi invasivi).

Per rispondere a domande diverse, tecniche specifiche vengono applicate: il barcoding viene utilizzato per

Lago d'Ampola (TN)

caratterizzare geneticamente singoli organismi (copepodì e molluschi), arricchendo i database di riferimento con nuove sequenze di specie di interesse; il metabarcoding, invece, viene impiegato per analizzare la diversità di intere comunità (batteri, diatomee, funghi) a partire dal DNA ambientale raccolto in ambienti e/o tempi diversi; infine, la metagenomica viene applicata per caratterizzare la funzionalità di alcuni organismi, tra cui i cianobatteri e i loro geni codificanti tossine.

I primi risultati, pubblicati nel 2024, includono lo studio delle comunità batteriche in piccole acque e torbiere alpine e l'analisi metagenomica di alcuni cianobatteri. Ulteriori dati verranno resi disponibili nel 2025. Le

conoscenze acquisite da questo progetto permetteranno una maggiore comprensione della biodiversità degli ecosistemi alpini in un contesto di cambiamento climatico, contribuendo ad un primo passo per la loro tutela. Un ringraziamento speciale all'unità di Idrobiologia, interamente coinvolta nel progetto BioAlpEC: Adriano Boscaini, Maria Cristina Bruno, Leonardo Cerasino, Ulrike Obertegger, Monica Tolotti e Nico Salmaso.

Il progetto è stato finanziato dal Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza (PNRR; MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.4 - D.D. 1034 17/06/2022, CN00000033, Titolo progetto "National Biodiversity Future Center - NBFC").



Campionamento di *Dreissena polymorpha* (un mollusco bivalve invasivo) con benna Ponar - Lago di Ledro (TN), novembre 2024

PAROLE CHIAVE: biodiversità, acque alpine, multidisciplinarietà



Monitoraggio delle specie aliene invasive di zanzara nella Provincia Autonoma di Trento



DANIELE ARNOLDI
ENRICO INAMA
GONZALO CERVANTES

Negli ultimi decenni, in Europa si sono diffuse tre specie di zanzare invasive: la zanzara tigre (*Aedes albopictus*), la zanzara coreana (*Ae. koreicus*) e la zanzara giapponese (*Ae. japonicus*). Tra queste, *Ae. albopictus* è la specie più invasiva e ha ormai colonizzato stabilmente diverse regioni mediterranee. Contestualmente, si è registrato un aumento di infezioni umane trasmesse da questi vettori, in particolare dei virus chikungunya e dengue, principalmente veicolati da *Ae. albopictus*. Il cambiamento climatico e la globalizzazione favoriscono l'introduzione e la diffusione di nuove specie di zanzare invasive e dei patogeni da esse veicolati, aumentando significativamente il rischio per la salute pubblica. L'aumento del rischio sanitario e del fastidio arrecato dalle zanzare alla popolazione hanno reso necessaria un'intensificazione della ricerca e del monitoraggio sulla presenza di queste specie anche in Trentino.

Tra aprile e ottobre del 2023 e 2024, la Fondazione Edmund Mach (FEM) ha condotto un monitoraggio di zanzare adulte in 16 siti distribuiti in 9 comuni del Trentino. Il campionamento è stato effettuato mediante l'utilizzo prevalente di trappole BG-Sentinel (Fig. 2), specificamente progettate

per la cattura di zanzare del genere *Aedes*, con particolare efficacia per *Ae. albopictus*. Le trappole sono state posizionate in contesti urbani e periurbani e attivate per periodi di 24 ore con cadenza bisettimanale.

La specie maggiormente rappresentata nei campionamenti è risultata la zanzara tigre (82%), seguita dalla zanzara comune (*Culex pipiens*, 17%) e la zanzara coreana (1%). Inoltre, esemplari di zanzara giapponese sono stati identificati attraverso l'analisi delle forme larvali. Di fatto, la densità di popolazione di questa specie è ancora molto bassa e la cattura di individui adulti non risulta efficace.

Il confronto tra i dati di cattura del 2023 e del 2024 evidenzia un andamento stagionale delle popolazioni di zanzara tigre sostanzialmente simile, con un inizio dell'attività degli adulti significativamente posticipato di circa due settimane nel 2024 (Settimana 26, Fig. 1). Questo ritardo è presumibilmente attribuibile alle condizioni meteorologiche instabili registrate tra marzo e giugno 2024, caratterizzate da precipitazioni cumulate 2.4 volte superiori rispetto allo stesso periodo del 2023. Successivamente, nel corso del 2024 si osserva una maggiore abbondanza di individui, con un picco di popolazione (nella prima metà di



Primo piano di *Aedes koreicus*

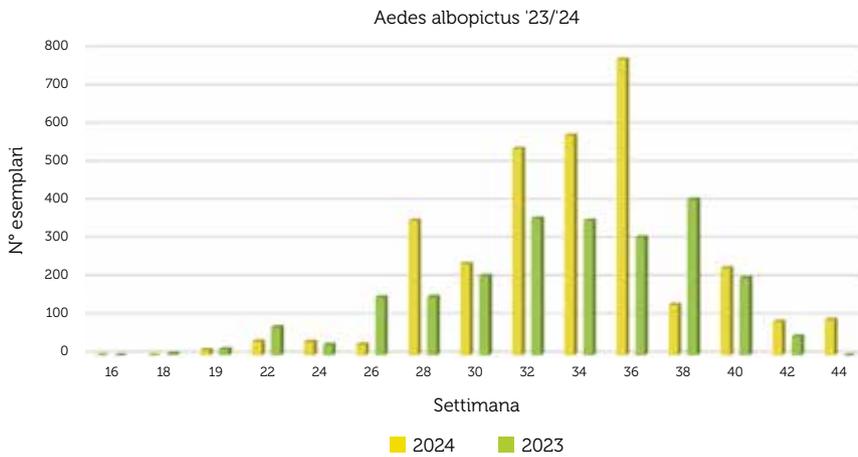
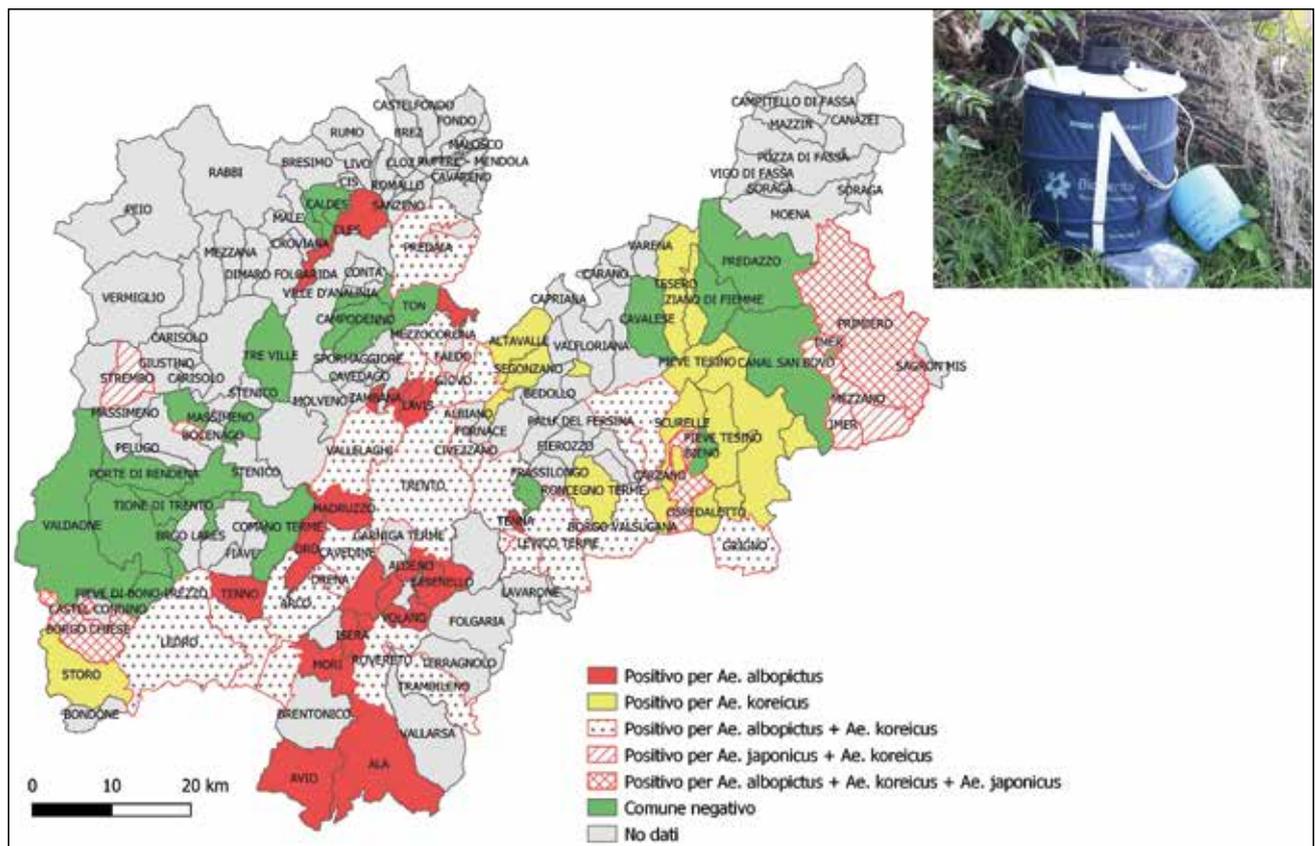


Fig. 1: Andamento della popolazione di zanzara tigre (*Aedes albopictus*) negli anni 2023 e 2024

settembre) pari al doppio di quello registrato nel 2023. La distribuzione delle zanzare invasive nella provincia di Trento è ampia. La zanzara tigre ha colonizzato la quasi totalità del territorio provinciale a quote inferiori ai 600 m s.l.m., mentre la zanzara coreana presenta una distribuzione altimetrica mag-

giore, con segnalazioni fino a 1500 m s.l.m. La zanzara giapponese, a causa della sua recente introduzione, mostra una distribuzione ancora disomogenea; tuttavia, in considerazione delle similarità ecologiche con la zanzara coreana, si prevede una sua ulteriore espansione nei prossimi anni (Fig. 2).

Fig. 2: Distribuzione delle specie invasive di zanzara sulla provincia di Trento. Nel riquadro: Trappola BG-sentinel



PAROLE CHIAVE: zanzare aliene invasive, monitoraggio, Trentino
LISTA SPECIE CITATE: *Aedes albopictus*, *Aedes koreicus*, *Aedes japonicus*





Sono ciò che mangiano: come la dieta influenza la flora intestinale di animali selvatici



.....
GIULIO GALLA
ELENA SGARABOTTO
HEIDI C. HAUFFE

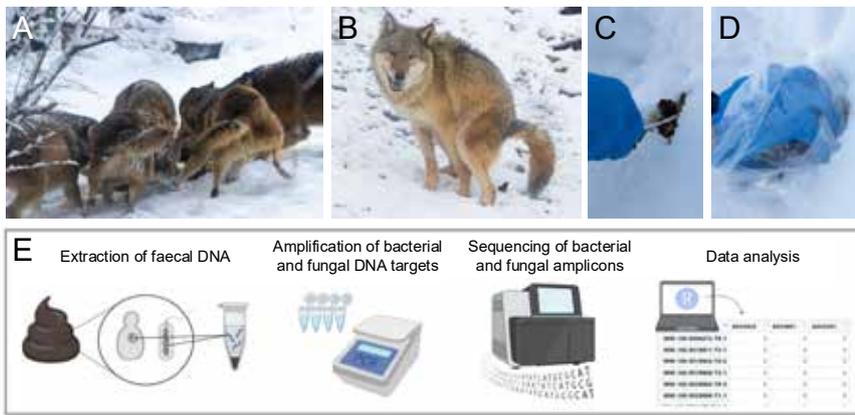
I microrganismi che vivono nell'intestino dei mammiferi (noto come microbiota e comprendente batteri, funghi e virus) contribuiscono alla salute dell'ospite. Sebbene ampiamente studiato nell'uomo, l'effetto del cambiamento della dieta sulla composizione del microbiota e sulla funzione intestinale negli animali selvatici che vivono in ambienti antropizzati è ancora in gran parte sconosciuto.

Lo staff dell'unità di Genomica della Conservazione (G. Galla, N. Flux, E. Sgarabotto, H.C. Hauffe, S. Casari, C. Rossi, M.U. Scholz) ha studiato nove lupi adulti sani ospitati presso BELPARK a Spormaggiore, in collaborazione con lo staff del parco (A. Marcolla, M. Hirber) e il veterinario (R. Guadagnini), per indagare l'effetto dei cambiamenti di dieta sulla funzione

del microbiota intestinale nei mammiferi selvatici (Progetto METALUPO). I lupi (che normalmente seguono una dieta mista) sono stati alimentati per un mese con una dieta a base di pecore intere (acquistate da un macellaio locale) e successivamente, per un ulteriore mese, con carcasse di cervi investiti (donate da un parco locale). Campioni di feci fresche sono stati raccolti quotidianamente per un periodo di tre mesi, conservati a -80°C e successivamente analizzati mediante metatassonomia (un metodo di analisi basato sul sequenziamento che permette di classificare i microrganismi presenti in un campione).

I risultati delle analisi indicano che il microbiota intestinale del branco è molto diversificato, ed è costituito da un nucleo ristretto di batteri e fun-

Esemplari di lupo ospitati presso il Parco
Faunistico di Spormaggiore - BELPARK
(foto E. Sgarabotto)
.....



Metodologia sperimentale utilizzata in questo studio. A: branco di lupi che si alimenta con la dieta fornita nel corso della ricerca; B:D campionamento di feci mediante approcci non invasivi. E: fasi principali dell'approccio utilizzato per studiare le comunità batteriche e fungine dell'intestino dei lupi (metatassonomia). (Foto: E. Sgarabotto)

ghi condiviso da tutti gli animali (109 batteri su 6.248 e 30 funghi su 2.365) e da un grande numero di microrganismi rari, se non addirittura identificato solo in singoli lupi (604 batteri e 1.131 funghi). Questi risultati confermano che la variazione del microbiota intestinale tra individui è piuttosto elevata, anche in un singolo branco di individui strettamente imparentati che condividono lo stesso areale. La variazione della dieta è associata a un comportamento differente di batteri e funghi presenti nell'intestino del lupo: mentre la composizione dei funghi è risultata essere strettamente correlata alla dieta, la composizione dei batteri è risultata essere associata alla dieta solo marginalmente. Questa differenza di comportamento tra

funghi e batteri è stata evidenziata ripetutamente nelle nostre ricerche sul microbiota della fauna selvatica ed è coerente con un maggiore adattamento dei batteri all'intestino dei mammiferi nel corso dell'evoluzione. Stiamo attualmente indagando se i cambiamenti nella composizione tassonomica del microbiota intestinale portano a una variazione nella funzione intestinale. Le informazioni derivanti da questo studio saranno utilizzate per orientare le strategie di gestione veterinaria e della fauna selvatica per il lupo grigio e contribuiranno al crescente corpo di conoscenze sull'importanza della diversità e del potenziale funzionale del microbiota intestinale per la conservazione dei mammiferi.

PAROLE CHIAVE: microbiota intestinale, fauna selvatica, dieta

LISTA SPECIE CITATE: *Canis lupus*



Tradizione e innovazione dell'aerobiologia in FEM



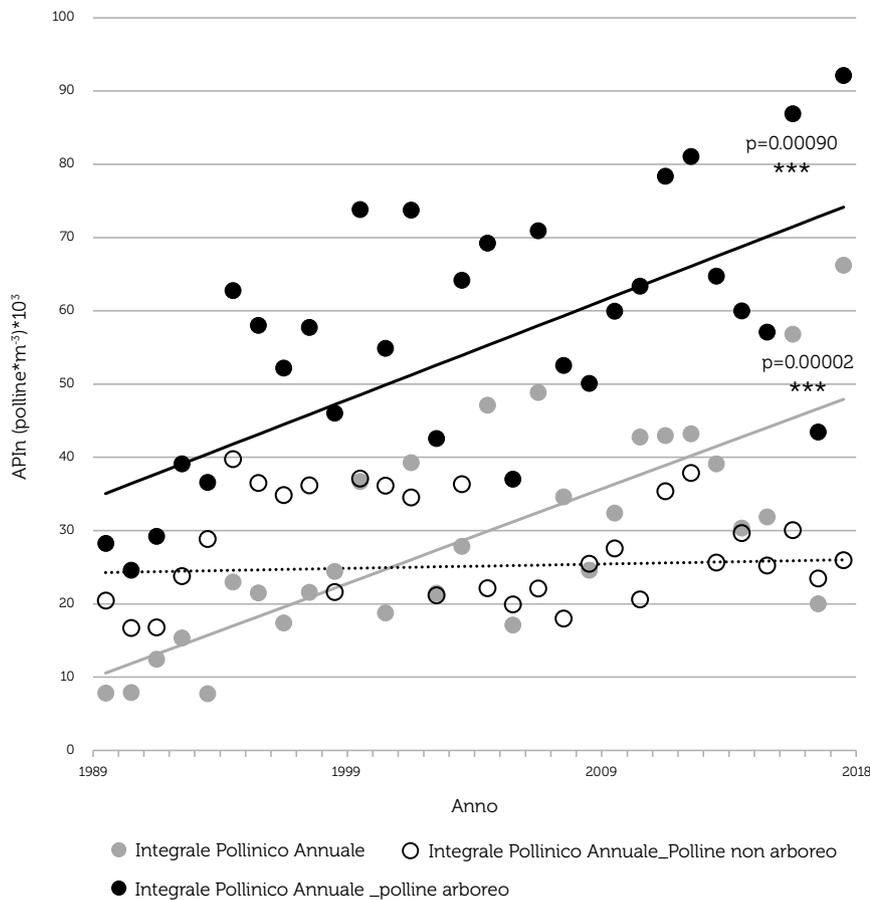
FABIANA CRISTOFOLINI
ANTONELLA CRISTOFORI
ELENA GOTTARDINI

Strumento automatico real-time per il campionamento e l'analisi del bioaerosol "Poleno Mars" (Swisens) in fase di misurazione di polline puro attraverso apposito atomizzatore di particelle

L'attività di monitoraggio aerobiologico svolta presso la Fondazione Edmund Mach da 35 anni permette di individuare variazioni significative nello spettro pollinico e nelle curve di pollinazione. Queste variazioni riflettono i cambiamenti occorsi nella vegetazione e nella fenologia della fioritura, a loro volta strettamente collegati ai cambiamenti globali. L'analisi del polline aerodisperso prodotto da piante ad impollinazione anemofila, infatti, fornisce indicazioni preziose sulla componente biologica dell'aria ambiente, sulla biodiversità vegetale dell'area di studio e sulle fasi fenologiche della fioritura. La metodica tradizionale, standardizzata a livello internazionale (UNI EN 16868:2019), prevede l'utilizzo di un campionatore volumetrico di tipo Hirst e la successiva analisi microscopica del campione.

La lunga serie di dati disponibili, relativa alle concentrazioni polliniche giornaliere di oltre 50 diversi tipi di polline (taxa), consente di cogliere con precisione la risposta della vegetazione ai cambiamenti in atto.

I risultati ottenuti, coerenti con quanto riscontrato in altre aree di studio, evidenziano un aumento generalizzato dei quantitativi pollinici, ascrivibile principalmente alle piante arboree, e un anticipo dell'inizio della fase fenologica della fioritura per alcuni taxa investigati, con una media di circa 5 giorni ogni 10 anni. Questo studio conferma l'impatto dei cambiamenti globali: in particolare, l'aumento delle temperature minime, con la conseguente diminuzione del numero di giorni di gelo, si configura come un cofattore importante nel determinare l'aumento dei quantitativi di polline;



Il grafico descrive i trend dei quantitativi pollinici (Annual Pollen Integral) dall'1989 al 2018 che risulta in significativo aumento per i pollini totali (nero) e di piante arboree (grigio). Considerando il polline prodotto da piante erbacee (bianco) non si registra un trend significativo

inoltre, le temperature registrate nel periodo precedente la fioritura mostrano una correlazione positiva con l'anticipo nel rilascio pollinico.

Oltre a questi importanti risultati, ottenuti grazie all'analisi delle serie storiche di dati raccolti attraverso le metodiche convenzionali di campionamento e analisi, l'unità di Botanica Ambientale si è impegnata attivamente nella ricerca e nell'applicazione di tecniche e strumentazioni innovative nel campo aerobiologico.

Grazie alla collaborazione con le piattaforme di DNA Ambientale, Sequenziamento e Biologia Computazionale, è stato sviluppato un filone di ricerca

dedicato alla biodiversità vegetale e fungina attraverso metodiche di DNA metabarcoding a partire da DNA ambientale. Questa linea di ricerca ha portato a significativi avanzamenti nelle conoscenze e allo sviluppo di collaborazioni internazionali. Parallelamente, è stato avviato il progetto CATS, in collaborazione con l'Agenzia per l'Ambiente e la Protezione del Clima di Bolzano e con la ditta svizzera Swisens, con l'obiettivo di valorizzare le potenzialità del nuovo strumento automatico per il campionamento e l'analisi del bioaerosol in tempo reale, il Poleno Mars, installato nel campus FEM.

PAROLE CHIAVE: polline, temperatura, trend temporali

LISTA SPECIE CITATE: *Ostrya carpinifolia*, Urticaceae, Cupressaceae



Sviluppo di codici a barre del DNA specie-specifici per piantaggine



FURRUKH MEHMOOD
MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

Il genere *Plantago*, comunemente noto come piantaggine (Plantaginaceae), comprende oltre 250 specie diffuse in tutto il mondo. Alcune di queste specie sono molto apprezzate nel settore nutraceutico e farmaceutico, grazie al loro contenuto di psillio, una sostanza mucillaginosa ottenuta dal seme, impiegata come alimento funzionale e integratore alimentare, utile per una migliore salute intestinale. Diverse specie di *Plantago* vengono utilizzate nell'alimentazione umana come ingredienti in prodotti da forno, insalate o zuppe o come mangime per animali. *Plantago lanceolata* L., in particolare, comune in Europa e nell'Asia occidentale, viene impiegata nel trattamento delle malattie della pelle e delle affezioni del tratto orale e delle vie respiratorie superiori. Il suo utilizzo è riconosciuto come sicuro nelle farmacopee di diversi paesi.

Secondo un rapporto elaborata da World Health Organisation, il mercato dei prodotti erboristici è in forte crescita e si stima che raggiungerà un valore di 5 trilioni di dollari in tutto il mondo entro il 2050.



Infiorescenza di *Plantago lanceolata*

Tuttavia la somiglianza morfologica tra le diverse specie di *Plantago* rende spesso difficile distinguerle tra loro, con il rischio di errori di identificazione e di conseguenti problemi di qualità dei prodotti erboristici a base di piantaggine.

Per ovviare a questo problema, abbiamo sequenziato l'intero plastoma di quattro specie di *Plantago*, per sviluppare marcatori molecolari altamente robusti e affidabili, in grado di distinguere *Plantago lanceolata* dalle specie strettamente correlate (*P. argentea*, *P. atrata* e *P. maritima*), che non sono utilizzate come ingredienti in preparazioni a base di erbe.

Confrontando i plastomi appena sequenziati con quelli presenti nei database pubblici, siamo stati in grado di identificare i geni dei cloroplasti coinvolti nell'adattamento delle piantaggini al loro ambiente e approfondire la nostra comprensione generale delle tempistiche e delle dinamiche evolutive delle diverse specie di piantaggini europee. Inoltre, abbiamo identificato zone nei genomi dei cloroplasti caratterizzati da livelli di variabilità eccezionalmente alti e sviluppato un nuovo marcatore molecolare basato sulla PCR che discrimina selettivamente *P. lanceolata* da qualsiasi altra specie nota di *Plantago*.

Data l'elevata sensibilità, facilità d'uso e robustezza di questo nuovo marcatore molecolare, è ora possibile identificare in modo affidabile *P. lanceolata* da specie simili di *Plantago*, ponendo così solide basi in futuro per l'identificazione di routine di contaminazioni o adulterazioni di prodotti erboristici di piantaggine.

PAROLE CHIAVE: prodotti erboristici, piantaggine, marcatori molecolari
LISTA SPECIE CITATE: *Plantago lanceolata*



Un nuovo bioindicatore dell'arsenico da una specie modello di epatica

L'arsenico inorganico (As) è un riconosciuto cancerogeno, considerato l'elemento più pericoloso a livello globale per la sua presenza ubiquitaria come inquinante ambientale di origine sia naturale che antropica. L'esposizione umana attraverso acqua o cibo contaminati (soprattutto riso) rappresenta un grave problema sanitario in tutto il mondo. È stato stimato che tra 94 e 220 milioni di persone nel mondo sono esposte a concentrazioni potenzialmente tossiche di As solo dalle acque sotterranee naturalmente contaminate, senza contare le fonti di origine antropica come l'estrazione mineraria, la metallurgia, la produzione di energia, l'agricoltura e vari tipi di industrie.

Anche le piante soffrono di tossicità da As e quindi hanno evoluto diversi sistemi di detossificazione dall'As. Nelle gimnosperme e tutte le linee evolutive più antiche di embriofite (felci ed equiseti, licopodi e briofite), come anche nei funghi e in alcuni batteri, esiste un sistema di detossificazione che si basa sull'estruzione attiva di AsIII dalla cellula mediata dalla proteina ACR3 (resistenza ai composti dell'arsenico).

Tra le briofite, le epatiche sono un gruppo ricco di specie che in genere possiedono genomi piccoli con bassi livelli di ridondanza genetica a causa della rara occorrenza di duplicazioni dell'intero genoma durante la loro storia evolutiva. La specie modello più importante tra le epatiche è di gran lunga *Marchantia polymorpha* L., grazie al suo ciclo di vita breve, alla facile propagazione con sistemi sia sessuali che asessuati, all'assemblaggio del genoma di alta qualità e a un set completo di

strumenti di genomica funzionale. Il trasportatore ACR3 specifico per l'arsenico svolge un ruolo fondamentale nella detossificazione dell'As nel lievito e in un gruppo di antiche piante vascolari, le felci. Nonostante geni molto simili ad ACR3 siano presenti nei genomi delle briofite, non è attualmente noto se abbiano la stessa rilevanza anche in questo gruppo di piante. In questo studio, abbiamo caratterizzato il gene *MpACR3* della briofita *Marchantia polymorpha* attraverso una molteplicità di approcci funzionali. Queste analisi hanno dimostrato la funzione fondamentale di ACR3 nella detossificazione dall'arsenico in briofite. Inoltre, i mutanti *Mpacr3* generati tramite metodi di modifica mirata del genoma sono estremamente sensibili all'As a livelli che in alcuni paesi possono essere riscontrati frequentemente nell'acqua potabile. Sulla base di questa osservazione, proponiamo che i mutanti *Mpacr3* possano essere utilizzati nei paesi in via di sviluppo come bioindicatori visivi a basso costo e a bassa tecnologia per rilevare l'inquinamento da As nell'acqua.

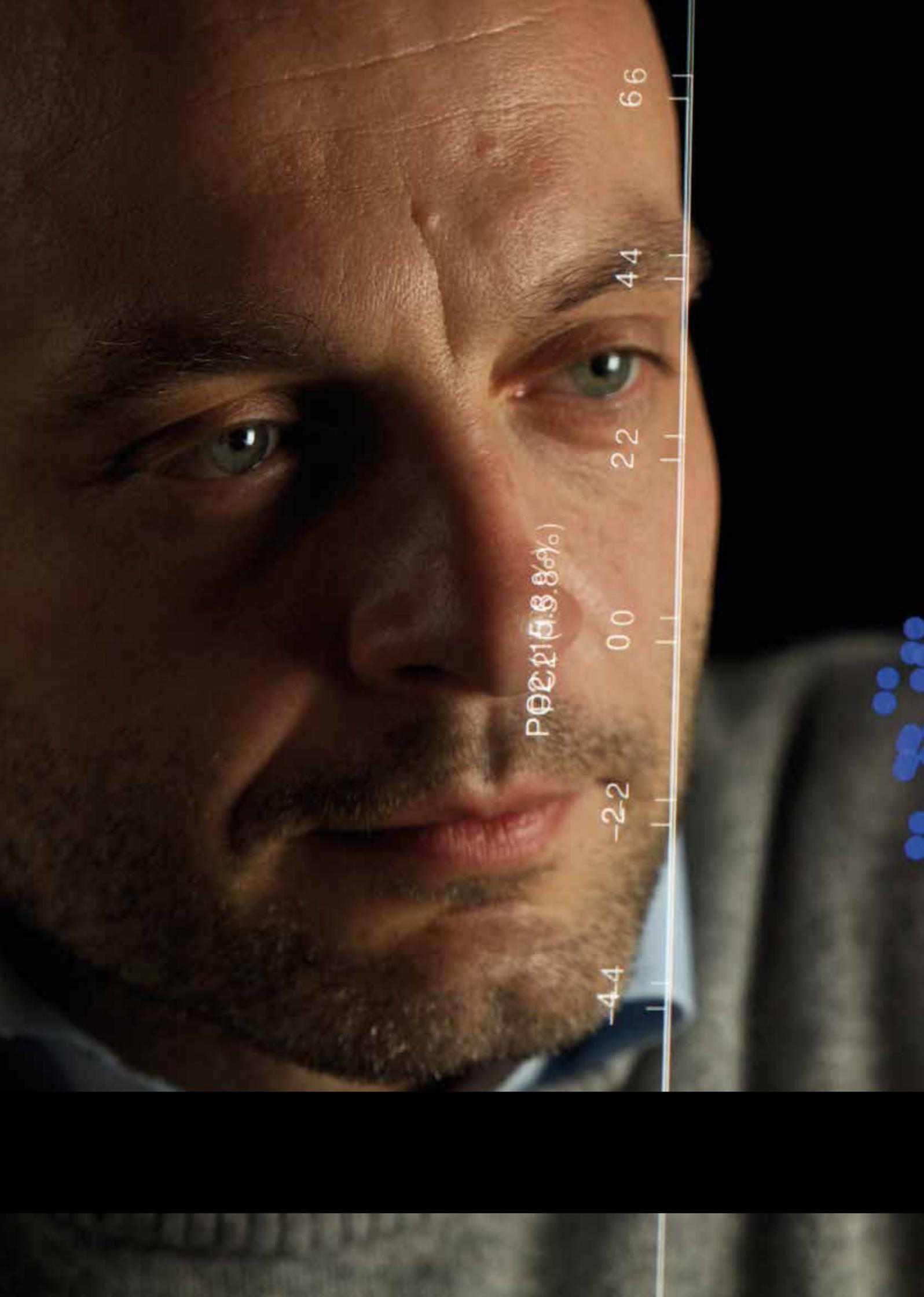


.....
MINGAI LI
CLAUDIO VAROTTO

.....
Pianta di *Marchantia polymorpha* con una coppa contenente gemme per la riproduzione asessuata
.....

PAROLE CHIAVE: arsenico, briofite, detossificazione
LISTA SPECIE CITATE: *Marchantia polymorpha*





P02.215.8.86%

-4.4 -2.2 0.0 2.2 4.4 6.6



BIOLOGIA COMPUTAZIONALE

- FLAVANONE
- FLAVANOL
- FLAVONO...



Effetti climatici sulla stabilità degli ecosistemi fluviali



STEFANO LARSEN

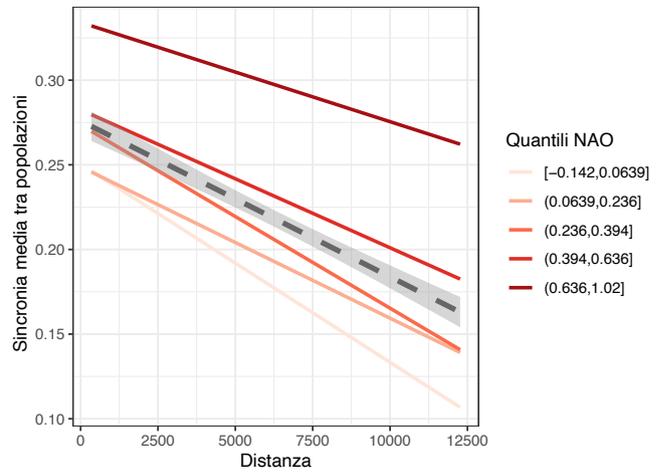
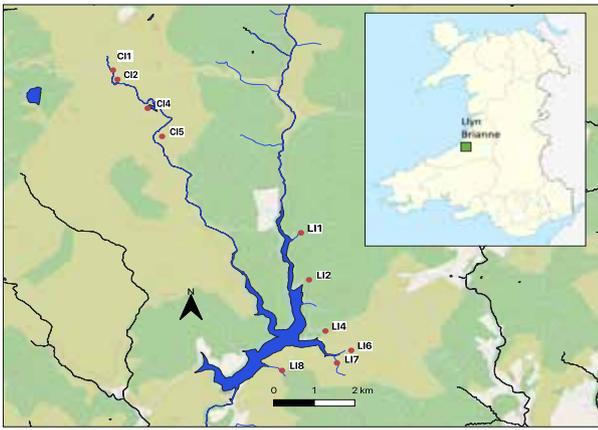
Prevedere gli effetti del cambiamento climatico sulla dinamica degli ecosistemi naturali è un imperativo che presenta forti criticità, legate soprattutto alla disponibilità di serie temporali sufficientemente lunghe per analizzare variazioni su scala decennale. I dati storici sull'abbondanza di popolazioni e comunità in ambienti naturali rimangono ancora scarsi.

In questo studio abbiamo sfruttato un dataset unico dove l'abbondanza di insetti acquatici è stata monitorata continuamente da oltre 40 anni in una dozzina di corsi d'acqua nel Galles centrale (UK). Abbiamo ipotizzato che importanti evidenze sugli effetti del cambiamento climatico possano emergere comprendendo l'influenza di altri processi atmosferici a scala continentale, come l'Oscillazione Nord Atlantica (NAO). Similmente a "El Niño",

sebbene con meccanismi e scale temporali differenti, la NAO ha ampi effetti nell'area del Nord Atlantico, riflettendo variazioni cicliche della pressione atmosferica tra le Azzorre e l'Islanda, con una periodicità di circa 6-8 anni. In Europa occidentale, le fasi positive della NAO portano inverni piovosi e con temperature miti, mentre fasi negative sono associate ad inverni più freddi e secchi. Oltre a essere cruciale nei processi ecosistemici, la NAO funge da utile indicatore delle condizioni climatiche generali, e, in modo significativo, riflette i trend climatici attuali, prefigurando scenari futuri con inverni miti e piovosi ed estati torride.

Le nostre analisi mostrano come prolungate condizioni calde e umide, durante le fasi positive della NAO, portino ad una sincronizzazione delle dinamiche di popolazione tra i diver-

Efemerottero del genere *Ecdyonurus*, tipico abitante dei fiumi e torrenti di montagna



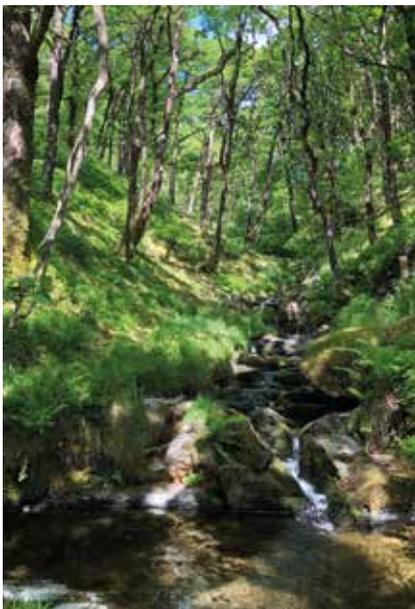
si fiumi. In altre parole, la variazione temporale nell'abbondanza delle diverse specie diviene simile tra corsi d'acqua separati, riducendo così la stabilità ecologica regionale. Modelli lineari basati sull'analisi delle 'wavelet' (una tecnica statistica che permette di analizzare le variazioni di un segnale nel tempo e nello spazio) hanno mostrato come pattern climatici legati alla NAO spieghino fino al 50% della variazione nella sincronia delle specie su scale temporali di 4-6 anni. Questa

sincronizzazione si è verificata indipendentemente dalle caratteristiche locali dei diversi corsi d'acqua, ma è risultata meno marcata dove le comunità di insetti erano più ricche di specie con funzioni ecologiche diverse tra loro.

Il lavoro indica che proteggere e ripristinare la diversità funzionale nelle comunità fluviali potrebbe migliorare la stabilità e la resilienza ecologica in condizioni più calde e umide, analoghe ai cambiamenti climatici in atto.

A sinistra: la mappa dell'area di studio (Galles, UK). A destra: il grafico mostra come la sincronia (media) tra le diverse popolazioni diminuisce con la distanza geografica ed in funzione della North Atlantic Oscillation (NAO). Specificamente, periodi con valori positivi ed elevati della NAO (corrispondenti ad inverni miti e piovosi) promuovono maggiore sincronia nell'abbondanza delle popolazioni, riducendo la stabilità regionale

.....



Corsi d'acqua del Galles Centrale (UK), foto di Steve Ormerod

.....

PAROLE CHIAVE: cambiamento climatico, stabilità ecologica, insetti acquatici





Gli aplotipi di 'Golden Delicious' offrono nuove prospettive per il *breeding*



.....
LUCA BIANCO
DIEGO MICHELETTI
PAOLO FONTANA

La varietà di mela 'Golden Delicious' è un vero e proprio simbolo dell'agricoltura trentina. Coltivata principalmente nelle Valli di Non e Sole, questo frutto dal caratteristico colore giallo dorato è diventato un riferimento non solo per la regione, ma anche per l'intero panorama frutticolo italiano. L'importanza della 'Golden Delicious' va oltre la sua semplice produzione e

consumo. Negli ultimi anni, la ricerca scientifica ha dedicato particolare attenzione a questa varietà, sequenziandone il genoma (l'intero patrimonio genetico). Questo traguardo ha rappresentato un passo fondamentale per comprendere i meccanismi genetici che determinano le caratteristiche qualitative della mela, come il gusto, il colore, la consistenza e la resistenza alle malattie. Nel 2010 la Fondazione Edmund Mach ha guidato un consorzio che ha portato al primo sequenziamento del genoma di 'Golden Delicious', nel 2017 ha partecipato agli sforzi per produrre una versione migliorata del genoma di una accessione doppio aploide (GDDH13); ed ora i ricercatori della FEM si sono avvalsi delle più innovative tecniche di sequenziamento per



Una mela 'Golden Delicious'
.....



raggiungere un nuovo livello: le due copie (aplotipi) di ciascun cromosoma sono state finalmente decodificate e le varianti genetiche, presenti su ciascuno di essi, sono state catalogate. Questo livello di dettaglio permetterà di identificare con maggiore precisione i geni responsabili delle caratteristiche che rendono unica e desiderabile la 'Golden Delicious', di tracciare con maggior precisione l'origine di tali caratteristiche nel *pedigree* (albero genealogico) della varietà e di analizzare in modo più approfondito anche il comportamento dinamico, in termine di espressione dei geni, dei due aplotipi in risposta ai processi di matu-

razione e agli stress biotici e abiotici. La conoscenza del genoma della 'Golden Delicious' offre numerose opportunità per migliorare la qualità e la produttività delle mele in tutto il Trentino. Ad esempio, attraverso tecniche di selezione assistita da marcatori molecolari, è possibile identificare e selezionare piante con caratteristiche desiderabili, come una maggiore resistenza alle malattie o una migliore capacità di conservazione. Inoltre, la sequenza del genoma può essere utilizzata per sviluppare nuove varietà di mele con caratteristiche innovative, come ad esempio un sapore più intenso o una maggiore resistenza ai cambiamenti climatici.

PAROLE CHIAVE: genoma, aplotipi, 'Golden Delicious'

LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*



Il microbioma della collezione di mirtillo

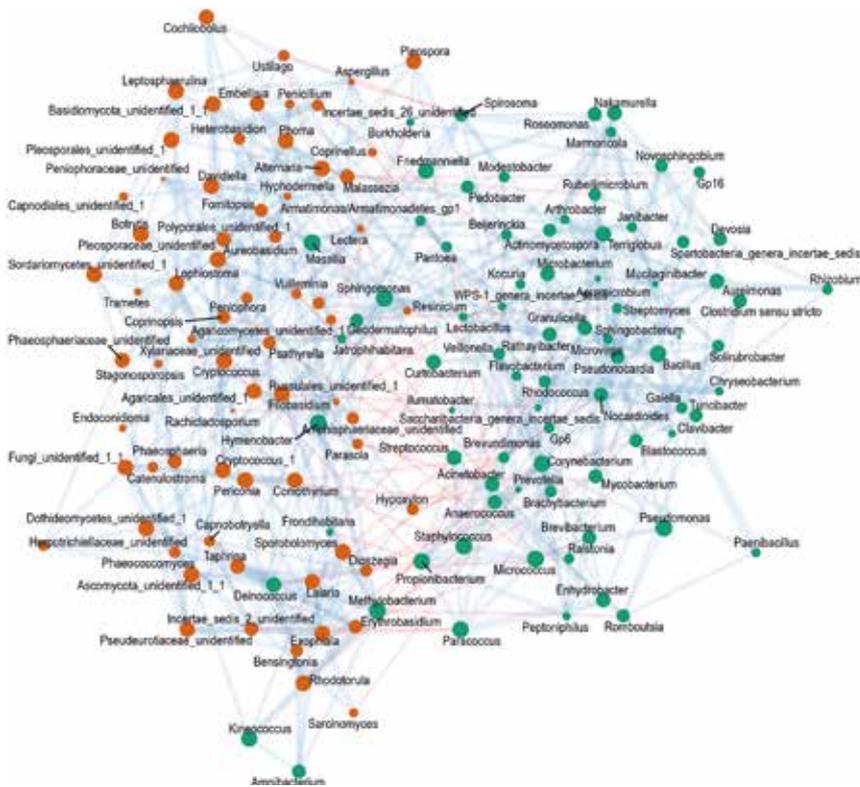


.....
CLAUDIO DONATI
MATTEO GIESE
BRIAN FARNETI

Le piante ospitano una vasta gamma di microrganismi, tra cui batteri e funghi, che formano complesse comunità note come microbiomi. Questi microbiomi svolgono un ruolo cruciale per la salute e lo sviluppo delle piante. Ogni tessuto vegetale offre un insieme specifico di condizioni ambientali che influenzano la composizione della comunità microbica che lo colonizza. La struttura e la composizione dei microbiomi delle piante sono determinate da diversi fattori, tra cui l'interazione con la pianta ospite, fattori ambientali e climatici. Comprendere come le piante regolano la composizione del microbioma nei diversi compartimenti è un passo fondamentale per poterlo manipolare al fine di incrementare la produttività e la resilienza a stress abiotici, come la siccità, e a patogeni.

Abbiamo iniziato una caratterizzazione completa dei microbiomi che colonizzano i diversi tessuti delle piante di mirtillo che appartengono alla collezione FEM. In un primo studio, ci siamo concentrati sulla parte aerea delle piante, analizzando foglie, superficie e polpa dei frutti. Abbiamo osservato come la composizione delle comunità microbiche presenti su una pianta di mirtillo varia a seconda di fattori quali il patrimonio genetico della pianta e il tessuto considerato. Per ciascun tessuto, abbiamo identificato un gruppo di taxa (unità tassonomiche) presenti in diverse piante, che costituiscono un nucleo (core) di specie specifiche per quel tessuto. Questi taxa rappresentano la frazione dominante di ogni microbioma e si mantengono stabili in due anni consecutivi di campiona-

.....
Piante di mirtillo della collezione FEM



Schema dei microbiomi che colonizzano le foglie delle piante di mirtillo della collezione FEM

mento, mostrando una significativa sovrapposizione tra le comunità microbiche presenti su foglie e superficie dei frutti e, in misura minore, nella polpa del frutto.

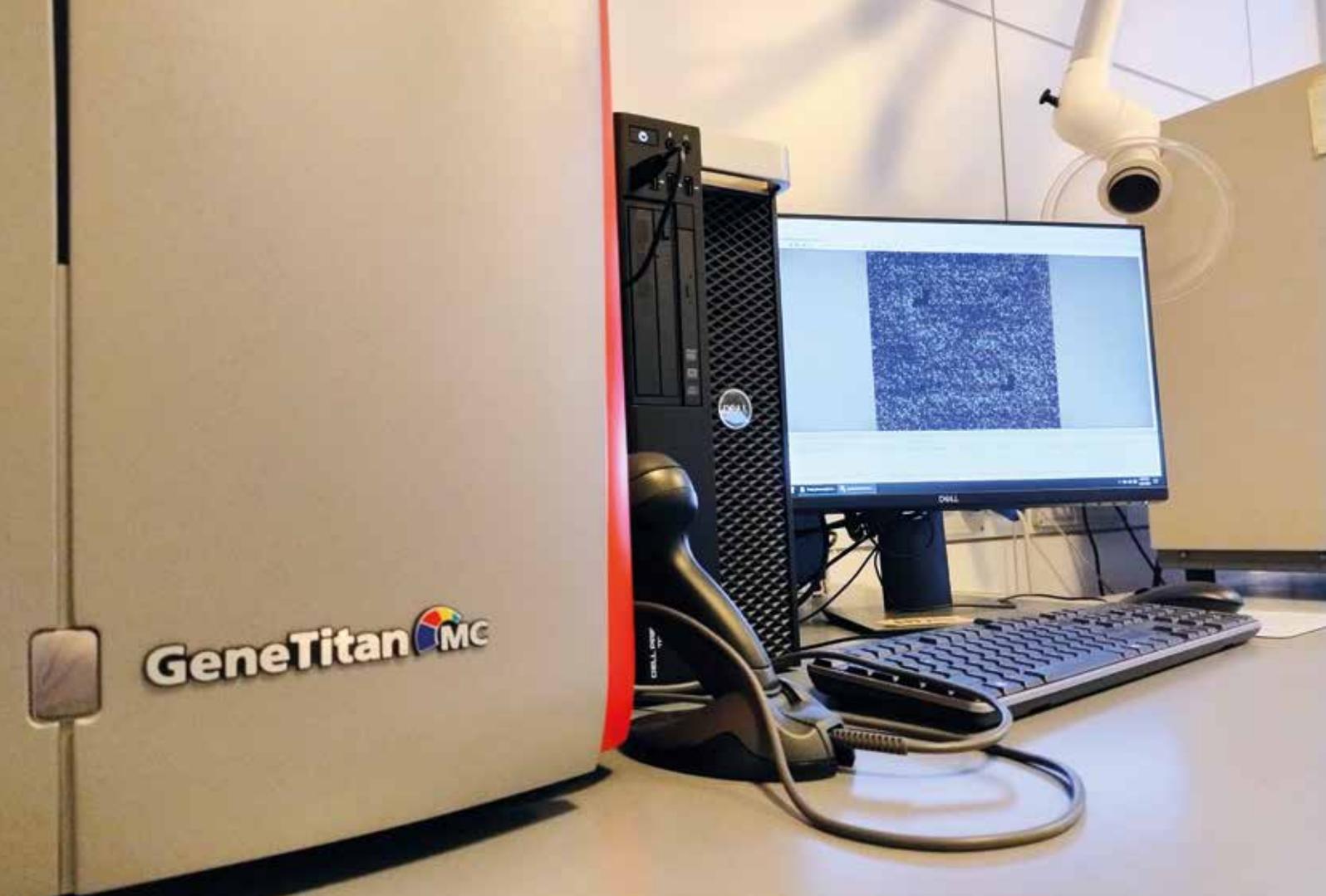
Dai risultati ottenuti emerge chiaramente la notevole diversità microbica presente nelle piante di mirtillo, con diverse parti della pianta che ospitano comunità microbiche distinte. Un altro aspetto fondamentale è l'influenza del genotipo della pianta sulla composizione del suo microbioma: il patrimonio genetico del mirtillo gioca un ruolo significativo nel determinare quali microrganismi lo colonizzano. Inoltre, in ogni tessuto analizzato è stato identificato un nucleo di taxa che rappresenta la frazione dominante del microbioma, evidenziando la presenza di un gruppo di microrganismi

chiave comuni a diverse piante. Infine, nonostante il microbioma possa subire variazioni nel tempo, i gruppi core di microrganismi mostrano una relativa stabilità, suggerendo un loro ruolo funzionale importante e duraturo per la pianta.

La comprensione dei fattori che determinano la composizione del microbioma del mirtillo apre nuove prospettive per lo sviluppo di strategie innovative volte a migliorare le rese delle colture e a proteggere le piante dalle malattie. Attraverso la manipolazione mirata delle comunità microbiche associate ai mirtilli, si potrebbe potenzialmente incrementarne la resistenza a parassiti e patogeni, riducendo la necessità di trattamenti chimici e migliorando al contempo la qualità e le caratteristiche organolettiche dei frutti.

PAROLE CHIAVE: microbioma delle piante
LISTA SPECIE CITATE: *Vaccinium* spp.





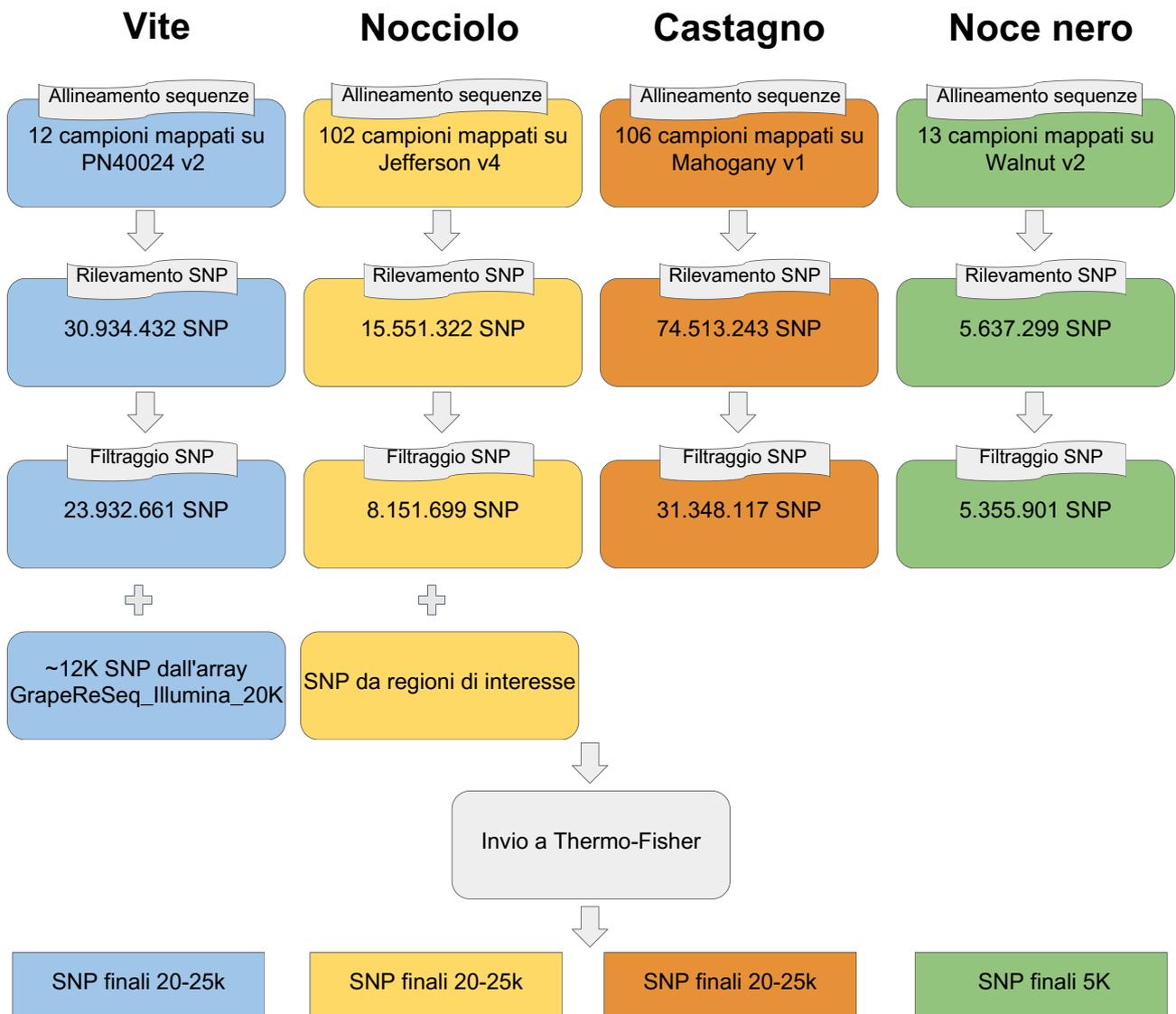
Sviluppo di un nuovo array di genotipizzazione per vite, noce nero, castagno e nocciolo



.....
DIEGO MICHELETTI
MICHELA TROGGIO
LUCA BIANCO

Gli array di genotipizzazione sono strumenti potenti che consentono l'analisi simultanea di migliaia di varianti genetiche distribuite sul genoma. Sono ampiamente utilizzati in molte orticole e specie arboree per diverse applicazioni, come studi di diversità genetica o di associazione e, sempre più spesso, per accelerare i programmi di miglioramento genetico. Presentiamo qui lo sviluppo di un nuovo array di genotipizzazione ad alta processività, basato sulla piattaforma ThermoFisher Axiom, progettato per quattro specie arboree di rilevanza economica: vite, noce nera, castagno e nocciolo. Questo array multispecie incorpora oltre 70.000 polimorfismi a singolo nucleotide (SNP) selezionati per catturare la diversità genetica all'interno di ciascuna specie e facilitare

la genotipizzazione ad alta risoluzione. Lo sviluppo di questo array ha coinvolto il sequenziamento dell'intero genoma di 12-106 accessioni per genere, consentendo l'identificazione e la selezione di SNP di alta qualità rappresentativi della variabilità genetica. Per l'identificazione e il filtraggio degli SNP è stata utilizzata una pipeline bioinformatica standardizzata. L'array comprende tra 20.000 e 25.000 SNP per vite, nocciolo e castagno e circa 5000 SNP per noce nera. Prodotto sulla piattaforma ThermoFisher, questo strumento offre una soluzione economica per la genotipizzazione ad alta processività. Questa piattaforma fornisce un potente strumento per far progredire la ricerca genetica e i programmi di miglioramento in queste importanti specie arboree. Consente



studi di associazione genome-wide (GWAS) per identificare loci genetici associati a tratti agronomici chiave e supporta la costruzione di mappe genetiche ad alta densità, essenziali per la selezione assistita da marcatori (MAS), accelerando lo sviluppo di cultivar migliorate con caratteristiche desiderabili.

L'array è stato sviluppato attraverso una collaborazione guidata dalla Fon-

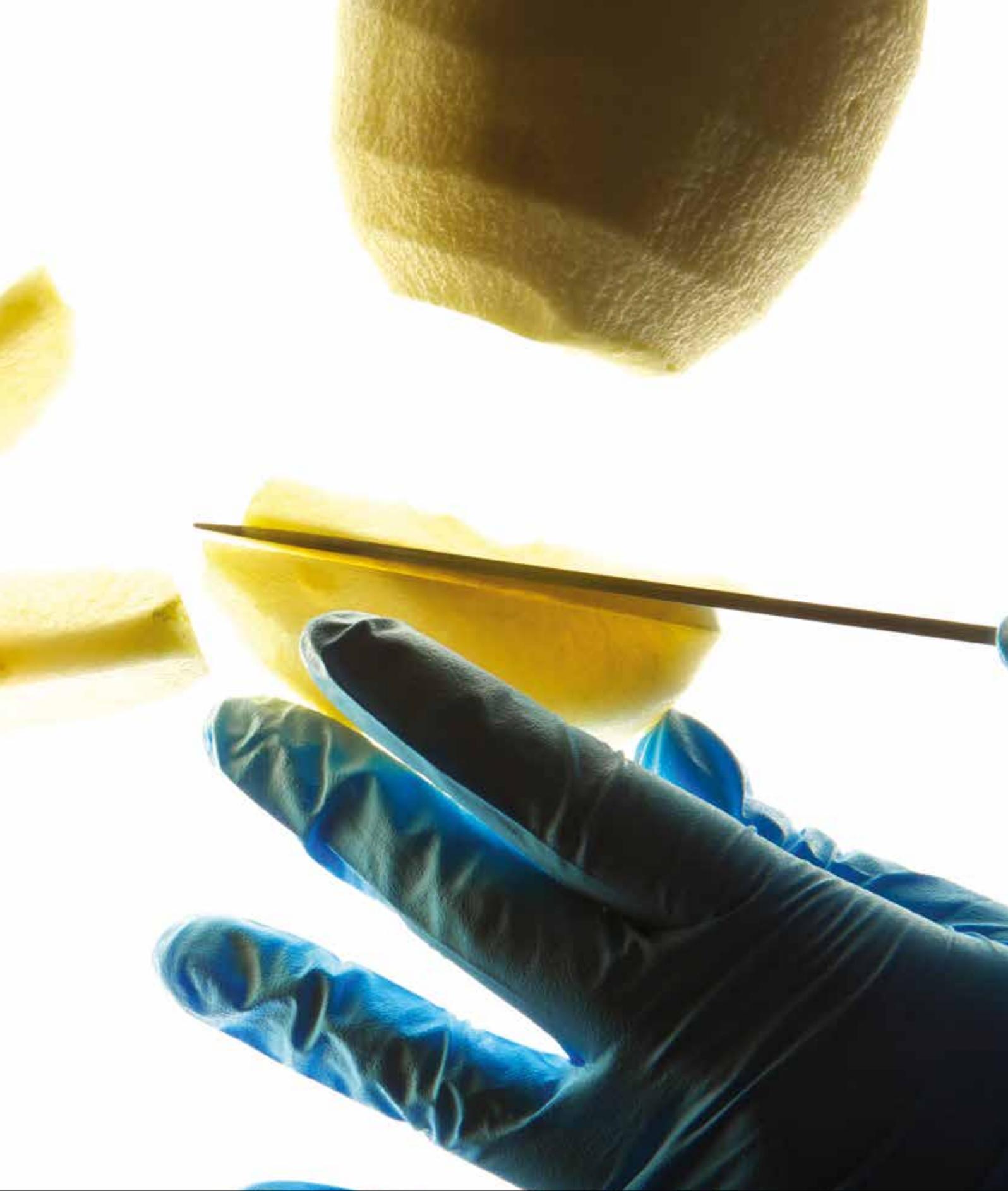
dazione Edmund Mach, con i contributi di istituzioni come l'Università di Bologna, l'Università Politecnica delle Marche, l'Università di Torino, il CNR, l'Università del Missouri, The American Chestnut Foundation, Oregon State University, USDA, Rutgers University e l'Università della California Davis. L'array è disponibile esclusivamente tramite la piattaforma di genotipizzazione FEM.

Schema della selezione degli SNPs per l'array

PAROLE CHIAVE: genotipizzazione, SNPs, breeding, mappe di associazione

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*, *Corylus avellana*, *Castanea sativa*, *Juglans nigra*





ALIMENTI E NUTRIZIONE



Alla scoperta del mais trentino: come le varietà locali influenzano la qualità di farina e polenta



MICHELE PEDROTTI

Il mais è uno dei cereali più coltivati al mondo, con una vasta gamma di varietà che ne determinano specifici utilizzi, sia culinari che industriali. Originario delle Americhe, il mais vitreo (*Zea mays indurata*) fu introdotto in Veneto poco prima della metà del '500, diventando una base fondamentale dell'alimentazione rurale nell'Italia Settentrionale, dove veniva utilizzato per la preparazione della polenta. In Trentino, la polenta è simbolo di tradizione, cultura e identità locale. Sul territorio trentino si coltivano diverse varietà autoctone di mais vitreo, ciascuna con caratteristiche uniche. Comprenderne le differenze è cruciale per valorizzare il patrimonio culturale e la biodiversità. Questo studio ha esplorato come le varietà locali e le caratteristiche

post-raccolta influenzano la qualità e la composizione nutrizionale della farina e della polenta. L'indagine ha analizzato quattro varietà autoctone (3 trentine e 1 veneta): 'Nostrano di Storo', 'Spin di Caldonazzo', 'Dorothea di Primiero' e 'Marano Vicentino', per un totale di 28 campioni ottenuti da produttori locali. Le analisi sono state condotte presso la piattaforma Composti Volatili della Fondazione Edmund Mach, concentrandosi su proprietà fisiche, composizione macronutrizionale e profilo aromatico. Le analisi hanno mostrato differenze significative nel profilo degli acidi grassi, che si riflettono anche nel profilo aromatico con variazioni che dipendono dalla varietà e dai processi di cottura. La cottura della polenta ha mostrato di indurre cambiamenti, tra

Diverse varietà di mais vitreo

cui la formazione di nuovi composti aromatici e la riduzione di altri, principalmente a causa dell'evaporazione. Alcune classi di composti aromatici, determinanti per la qualità finale, sono risultate più concentrate nel prodotto cotto. È interessante notare come sia i campioni di farina che di polenta precotta siano risultati più poveri di composti aromatici dopo la cottura industriale, confermando la superiore qualità organolettica della polenta preparata con farina cruda. Lo studio evidenzia differenze qualitative significative tra le varietà di mais vitreo, sottolineando l'impor-

tanza delle varietà tradizionali trentine. Inoltre, ha messo in luce come la cottura modifichi sia le caratteristiche nutrizionali che qualitative, preservando almeno parzialmente le peculiarità delle varietà locali. Questi risultati contribuiscono a valorizzare e preservare le varietà autoctone di mais, promuovendo la diversità e l'unicità dei prodotti alimentari tradizionali. Tale ricerca rappresenta un passo importante per approfondire la conoscenza di un alimento simbolo della tradizione trentina, sostenendo al contempo la salvaguardia del patrimonio agroalimentare locale.



PAROLE CHIAVE: mais vitreo, polenta, volatiloma

LISTA SPECIE CITATE: *Zea mays indurata*





Biosintesi di diidrocalcone e arbutina in un ibrido melo-pero



SIMON MIRANDA
MICKAEL MALNOY
STEFAN MARTENS

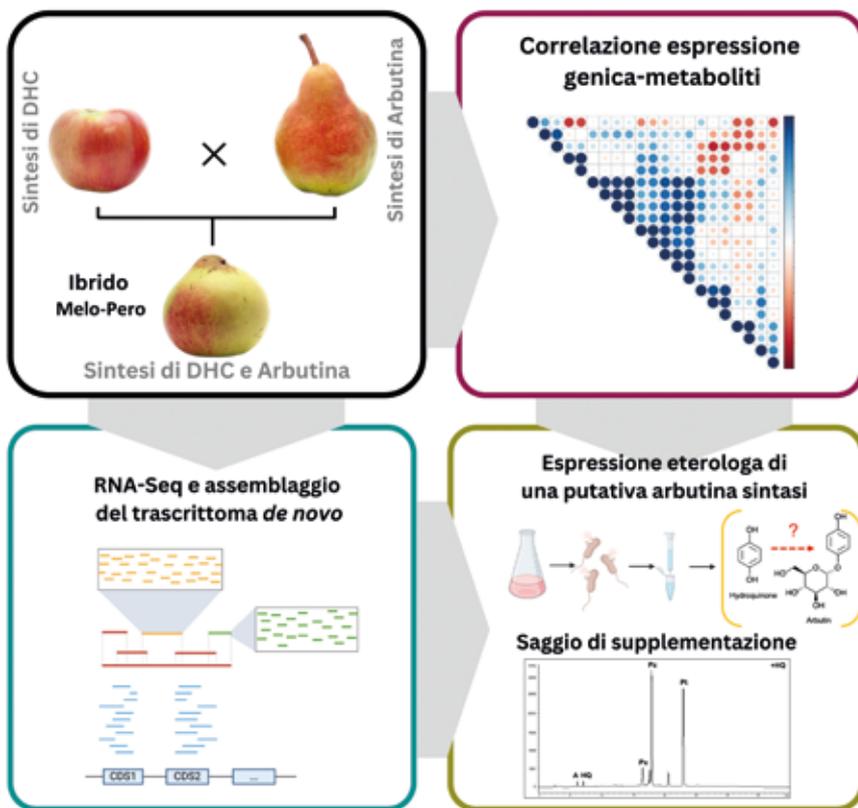
Mela, pera e ibrido melo-pera
(foto M. Malnoy)

Il melo (*Malus x domestica* Borkh.) e il pero (*Pyrus communis* L.) sono colture di grande valore, note per le loro proprietà benefiche sulla nutrizione e la salute umana. Nonostante le evidenti differenze, entrambe appartengono alla famiglia delle Rosaceae e sono specie strettamente correlate. I meli e i peri accumulano composti naturali distintivi, rari in natura, con molteplici proprietà e utilizzi. Il melo si distingue per l'accumulo di floridzina, una molecola appartenente alla classe dei diidrocalconi. Il pero, invece, è caratterizzato dall'arbutina, un composto naturale.

I diidrocalconi, come la floridzina, presentano proprietà anticancerogene, antiossidanti e neuroprotettive e sono stati utilizzati nella medicina tradizionale come rimedio antipiretico. Studi recenti hanno dimostrato

che la floridzina può proteggere contro il diabete bloccando il trasporto di glucosio. L'arbutina, invece, è stata utilizzata nella medicina tradizionale come trattamento antisettico naturale per le infezioni urinarie ed è oggi impiegata nell'industria cosmetica come schiarente per la pelle.

Nei vegetali, i benefici che l'arbutina e i diidrocalconi possono apportare rispettivamente ai peri e ai meli non sono ancora del tutto chiari. Si è ipotizzato che possano essere coinvolti nella difesa delle piante contro infezioni come il colpo di fuoco batterico (*Erwinia amylovora*) e la ticchiolatura (*Venturia inaequalis*). La floridzina, l'arbutina e i loro precursori (floreitina e idrochinone) potrebbero agire come molecole antiossidanti, migliorando la risposta delle piante a queste malattie. Tuttavia, i geni responsabili della produ-



I geni sono stati identificati da un trascrittoma *de novo* ottenuto per l'ibrido melo-pero e caratterizzati tramite analisi di espressione e biochimiche

zione di questi metaboliti specializzati non sono ancora completamente noti. La Fondazione Edmund Mach dispone di una collezione unica di germoplasma che conserva un ibrido ottenuto dall'incrocio tra un melo come genitore femminile e un pero. Precedenti ricerche hanno dimostrato che questo ibrido presenta caratteristiche intermedie tra i due genitori, sia per il background genetico sia per il profilo metabolico. Nel nostro ultimo studio, abbiamo utilizzato questa risorsa genetica unica per assemblare un tra-

scrittoma *de novo* dell'ibrido. Questo strumento, combinato con analisi molecolari, ci ha permesso di individuare geni potenzialmente coinvolti nella biosintesi di questi composti, gettando le basi per future conferme dei loro ruoli fisiologici. Attualmente, stiamo utilizzando l'editing genetico presso FEM per studiare ulteriormente i geni candidati individuati. Si ringraziano Marion Koop, Andrea Angeli e Jorge Lagrèze, per il loro contributo al presente lavoro.

PAROLE CHIAVE: melo, pero, ibrido, composti naturali
LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*, *Pyrus communis*





Come conservare il profumo del Gewürztraminer: il ruolo del pH e della temperatura nei vini aromatici

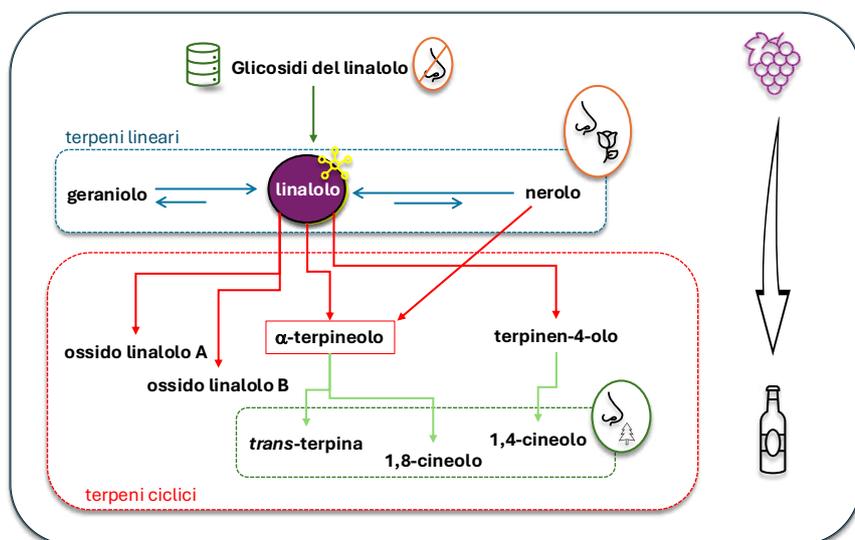


SILVIA CARLIN
PANAGIOTIS ARAPITSAS
FULVIO MATTIVI

Questo studio si concentra sul Gewürztraminer (o Traminer aromatico), un vino di grande importanza per il Trentino-Alto Adige: emblematico del territorio altoatesino, trova una significativa produzione anche in Trentino. Il Gewürztraminer è caratterizzato da un profilo aromatico inconfondibile, con note di rosa, litchi e spezie. La ricerca descritta fornisce solide evidenze scientifiche sull'influenza determinante del pH e della temperatura di conservazione sulla definizione e la stabilità degli aromi del vino. Lo studio esplora le dinamiche dei composti volatili nel vino, analizzando come i terpenoidi - componenti chiave del profilo aromatico del Gewürztraminer - si modificano nel tempo in diverse condizioni di

temperatura e pH. Attraverso un rigoroso approccio teorico, sono stati descritti in dettaglio i processi di interconversione dei terpeni, ovvero le loro trasformazioni chimiche, che avvengono simultaneamente e influenzano in modo significativo le caratteristiche sensoriali del vino. Il modello teorico sviluppato rappresenta un avanzamento significativo nello studio dei terpeni nel vino. I risultati sperimentali, ottenuti su un campione di vini forniti dalla Fondazione Edmund Mach, evidenziano come pH più elevati e temperature di conservazione più basse siano essenziali per preservare i terpenoidi e, di conseguenza, per mantenere a lungo l'aroma tipico del Gewürztraminer. Questa ricerca offre una migliore comprensione scientifica

Grappoli di Gewürztraminer



Reazioni di trasformazione dei terpeni nel vino

degli aromi del vino e fornisce indicazioni pratiche per la conservazione ottimale di uno dei vini simbolo della nostra regione. Attualmente, sono disponibili sul mercato tipologie di Traminer con pH superiore al valore standard di 3-3.5. La sperimentazione condotta suggerisce che valori di pH intorno a 3.8 potrebbero allungare la vita del vino di 8-10 anni.

Questo lavoro è il risultato della collaborazione di un'equipe interdisciplinare di ricercatori della Fondazione Edmund Mach, del Prof. Graziano Guella dell'Università di Trento e dell'Università West Attica di Atene ed è stato recentemente pubblicato sulla prestigiosa rivista Food Research International, segnando una svolta cruciale per la ricerca enologica.

PAROLE CHIAVE: terpenoidi, cinetiche, vino
LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*





Il processo decisionale dei consumatori europei sulle etichette delle date di scadenza degli alimenti e le implicazioni sullo spreco alimentare domestico



MICHELE PEDROTTI
ISABELLA ENDRIZZI

Stime recenti di Eurostat indicano che ogni anno nell'UE vengono generati oltre 58 milioni di tonnellate di spreco alimentare (SA), equivalenti a 131 kg per abitante. Si stima che il 53-54% dello SA avvenga a livello domestico, corrispondente a 70-79 kg di SA per persona all'anno. I consumatori possono scartare cibo per vari motivi, tra cui modalità di conservazioni non ottimali, mancato utilizzo di avanzi di cibo sia a casa che nella ristorazione, acquisti eccessivi e interpretazione errata o uso improprio della data di scadenza. Le etichette che riportano le date di scadenza emergono quindi come un fattore importante, in grado di influenzare il comportamento dei

consumatori e le decisioni di scartare il cibo. Questo evidenzia la necessità di sensibilizzare i consumatori per ridurre lo SA, nonché di comprendere meglio come la conoscenza, l'attenzione e l'uso delle date di scadenza variano tra i consumatori. A tal fine, abbiamo condotto uno studio per identificare modelli di comportamento dei consumatori europei nei confronti delle date di scadenza e il loro impatto sulle decisioni di SA.

Lo studio ha coinvolto 1.507 consumatori (54,6% donne, età media = 44,9 anni) provenienti da sei paesi (Belgio, Francia, Germania, Italia, Spagna e Svezia). I partecipanti hanno completato un questionario onli-

ne per valutare la loro conoscenza, attenzione e uso comportamentale delle date di scadenza, i comportamenti relativi allo SA domestico, i fattori socio demografici e le abitudini di gestione alimentare.

I risultati indicano che il 75,2% dei consumatori europei comprende la differenza tra le diciture "da consumarsi entro" e "da consumarsi preferibilmente entro," e oltre l'80% ne identifica correttamente il significato. Un aumento della conoscenza è correlato a una riduzione dello SA domestico, ma questo fattore da solo non è sufficiente a ridurre significativamente i livelli di spreco. Una maggiore consapevolezza di comportamento nei confronti delle date di scadenza è emersa come un predittore significativo e positivo di riduzione del SA.

Lo studio ha identificato due gruppi distinti di consumatori: "Guidati dall'informazione", che si affidano alle etichette per la gestione del cibo, e "Guidati dalla percezione", che si fidano maggiormente degli aspetti sensoriali per prendere decisioni di consumo. Questa segmentazione offre spunti preziosi per sviluppare interventi mirati a migliorare l'uso delle date di scadenza e per ridurre lo SA domestico.

Questa indagine evidenzia l'importanza delle nostre azioni quotidiane e ci ricorda che, come cittadini, possiamo davvero fare la differenza in quanto ridurre lo SA domestico è un primo passo fondamentale verso un sistema alimentare più sostenibile.

Si ringrazia Danny Clicerì (Università di Trento) per la preziosa collaborazione.



Più del 50% dello spreco alimentare avviene a livello domestico



PAROLE CHIAVE: spreco alimentare, data di scadenza, consumatore



Impronta metabolomica NMR per la differenziazione del riso italiano bianco e integrale convenzionale e biologico



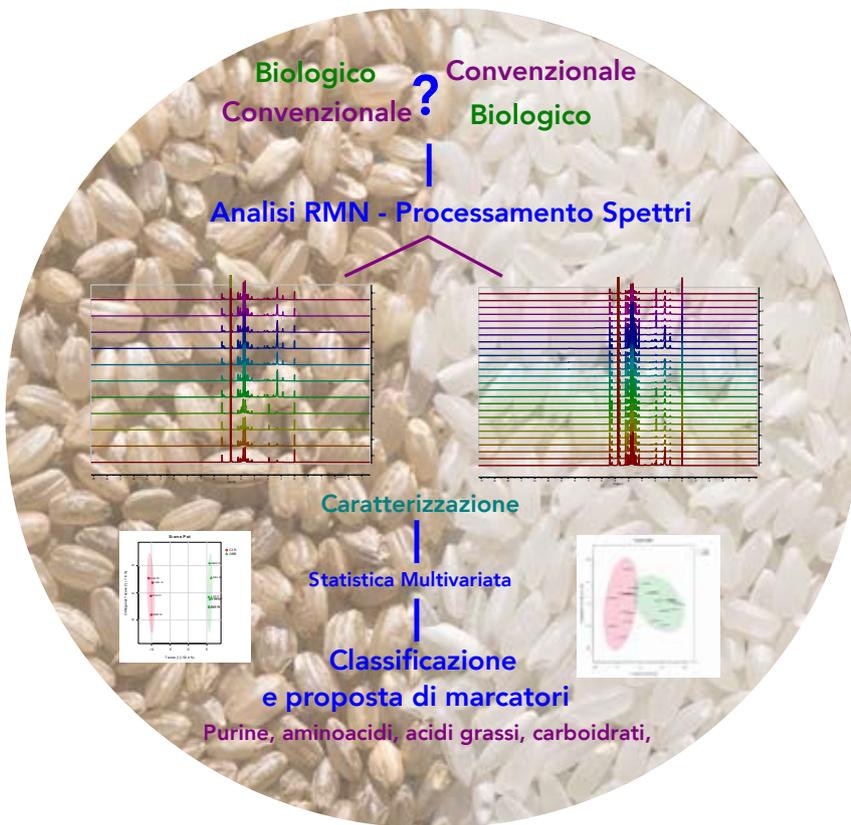
FEDERICO BRIGANTE
PAVEL SOLOVYEV
LUANA BONTEMPO

Il riso è una fonte importante di nutrienti alimentari, come carboidrati, vitamine e minerali, e presenta differenze significative nelle proprietà nutrizionali e sensoriali a seconda del grado di raffinazione. Nella produzione di riso integrale, viene rimossa solo la parte più esterna del chicco. Di conseguenza, il riso integrale presenta un contenuto significativamente maggiore di nutrienti presenti nella crusca e nel germe (tra cui acidi grassi essenziali, fibra alimentare, tiamina, altre vitamine del gruppo B e minerali) rispetto al riso bianco, che subisce la rimozione di queste componenti durante il processo di lucidatura. L'obiettivo di questo studio è stato classificare il riso integrale e bianco

di origine italiana in base al sistema di coltivazione (biologico e convenzionale) mediante un approccio metabolomico *untargeted* basato sulla risonanza magnetica nucleare d'idrogeno e proporre un set di metaboliti candidati per la validazione e lo sviluppo di futuri test di autenticazione.

Attraverso analisi statistiche multivariate, è stato selezionato un set di metaboliti discriminanti tra i diversi tipi di riso italiano. Tale set comprendeva β -Glucosio, α -Glucosio, asparagina e glutammato/glutamina.

L'asparagina e il glutammato/glutamina hanno mostrato una maggiore intensità relativa nei campioni di riso biologico, mentre il β -Glucosio nei campioni di riso convenzionale. È in-



Flusso di lavoro seguito nella ricerca

.....

teressante notare che l' α -Glucosio è risultato il solo metabolita con una maggiore intensità relativa sia nei campioni di riso integrale biologico sia in quelli di riso bianco convenzionale. Questa osservazione potrebbe essere attribuita a fattori quali il grado di raffinazione, il sistema di coltivazione e/o a differenze intrinseche tra le varietà di riso, come la diversa distri-

buzione degli anomeri del glucosio. Il saccarosio e l' α -Maltosio sono stati identificati come metaboliti discriminanti per il riso integrale, con una maggiore intensità nel riso integrale convenzionale. Lo scyllo-inositolo (un tipo di zucchero) invece è risultato un metabolita discriminante per il riso bianco, con una maggiore intensità nei campioni di riso bianco convenzionale.

PAROLE CHIAVE: metabolomica, sistemi di coltivazione, riso biologico

LISTA SPECIE CITATE: *Oryza sativa*



Kefir innovativo a base di cereali: equilibrio tra qualità nutrizionale e profilo aromatico



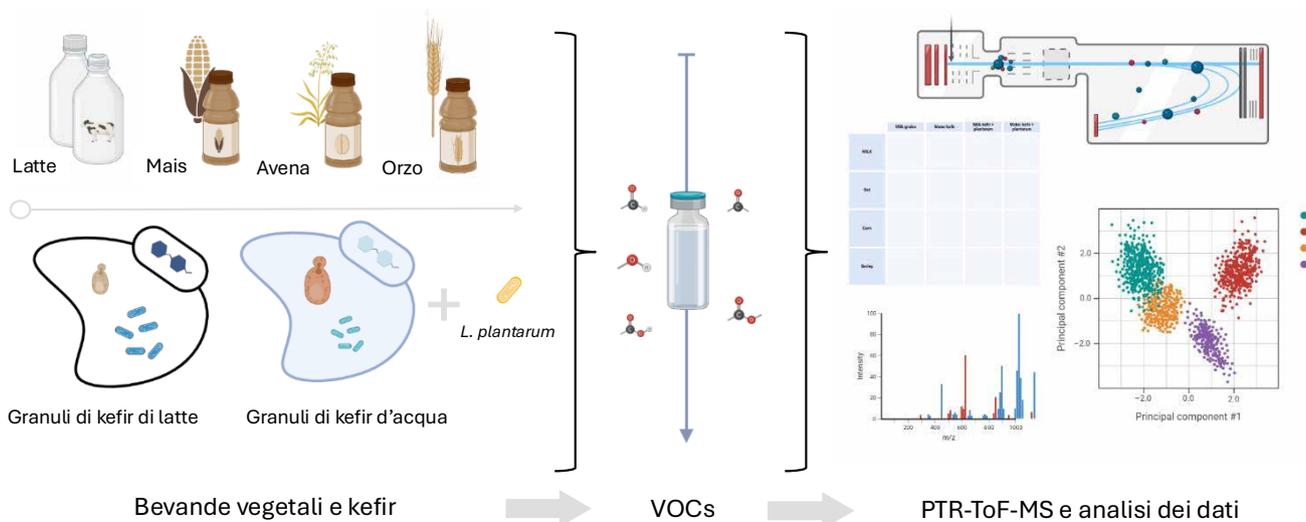
MARTINA MORETTON
IULIA KHOMENKO
ANTONIA CORVINO

Le bevande funzionali rappresentano un segmento in rapida espansione tra le categorie alimentari emergenti. Il kefir di latte, una bevanda fermentata tipica della regione caucasica, è riconosciuto per le sue proprietà benefiche, in grado di promuovere la salute umana. Tradizionalmente, viene prodotto grazie alla fermentazione con granuli di kefir, comunità simbiotiche di batteri lattici, lieviti e altri microrganismi. Simile al kefir di latte, il kefir d'acqua, seppur con una diversa composizione microbica, è un'altra bevanda fermentata tradizionale. Innovazioni recenti mirano a creare prodotti simili al kefir, ma con proprietà sensoriali, nutrizionali e funzionali migliorate, privilegiando l'uso di ingredienti vegetali e un maggiore contenuto di fibre rispetto al kefir tradizionale.

In questo contesto, i composti organici volatili (VOCs) sono utili per monitorare i bioprocessi, valutare la qualità delle matrici e fungere da biomarcatori sensoriali. La spettrometria di massa a iniezione diretta, in particolare la proton-transfer-reaction accoppiata a spettrometria di massa a tempo di volo (PTR-ToF-MS), consente un'analisi diretta, ecologica e in tempo reale dei VOCs, rendendola ideale per il monitoraggio della fermentazione.

Questo studio ha esaminato il profilo volatile di nuove bevande fermentate a base di cereali - orzo, mais, avena - utilizzati come substrati fermentabili, confrontando i risultati con quelli ottenuti dal kefir tradizionale a base di latte. Ogni fermentazione è stata condotta con e senza l'aggiunta di *Lacto-*

PTR-ToF-MS in uso: analisi automatica dei composti volatili in kefir di latte e bevande fermentate a base di cereali



plantibacillus plantarum, un microrganismo selezionato per la sua capacità di produrre riboflavina. La tecnica PTR-ToF-MS ha consentito un monitoraggio continuo delle variazioni del volatiloma durante la fermentazione. Lo studio ha permesso di determinare il profilo volatile associato ai microbiomi, identificando composti di interesse tecnologico e sensoriale, e di analizzare l'interazione tra lo starter (la coltura microbica utilizzata per la fermentazione) e la matrice fermentata nello sviluppo dei VOCs. L'obiettivo di questo lavoro è molteplice: dalla formulazione di nuovi

prodotti funzionali di alta qualità nutrizionale alla valutazione sensoriale, passando per il monitoraggio della fermentazione e all'uso dei VOCs per analizzare diverse combinazioni di microrganismi e matrici alimentari. L'approccio tecnologico integrato proposto in questo studio si dimostra utile per lo sviluppo di prodotti fermentati innovativi in grado di soddisfare le nuove esigenze dei consumatori. Ricerca sostenuta da OnFoods e finanziata dall'Unione Europea Next-Generation EU (PNRR-MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.3-D.D. 1550 11/10/2022, PE00000003).

Analisi dei VOCs in bevande fermentate a base di latte e cereali

PAROLE CHIAVE: VOCs, bevande fermentate, alimenti funzionali

Metil salicilato (MeSA) nei vini bianchi italiani: un potenziale aromatico nascosto



DOMENICO MASUERO
SILVIA CARLIN
FULVIO MATTIVI

Il metil salicilato (MeSA) nella sua forma libera è un composto aromatico che contribuisce alla tipicità di alcuni vini, conferendo note che talvolta risultano balsamiche e che possono richiamare anche sfumature fruttate dolci. Questa molecola si trova in concentrazioni elevate in particolare in una pianta chiamata *wintergreen* (del genere *Gaultheria*), ma anche in altre piante come *Camellia*, *Polygala*, *Filipendula* e *Passiflora*, dove contribuisce all'aroma balsamico-dolce percepibile sensorialmente.

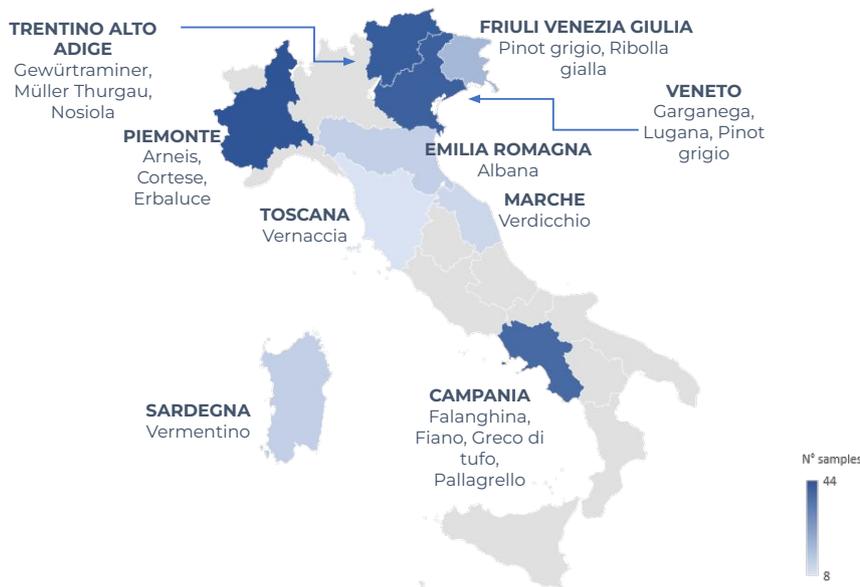
Tuttavia il più delle volte il MeSA si trova legato a uno o più carboidrati, formando varie forme glicosilate.

Lo scopo di questo studio è stato condurre una valutazione completa del contenuto di MeSA presente in alcune delle varietà di vino bianco italiane più rappresentative. In particolare, si sono analizzati sia il MeSA libero (quello che percepiamo senso-

rialmente) usando una tecnica chiamata GC-MS/MS, sia il MeSA legato ai carboidrati (glicosilato), usando una tecnica chiamata UHPLC-MS/MS, che permette di distinguere diverse forme di questo legame (monoglicosilate, diglicosilate e triglicosilate). Si sono analizzati 246 campioni di vino monovarietali ottenuti da 18 varietà provenienti da 9 regioni italiane.

Le analisi hanno confermato che i glicosidi di MeSA sono presenti in concentrazioni rilevanti nei vini Verdicchio e Lugana. Inoltre hanno permesso di misurarli per la prima volta in tutte le altre varietà, come nella varietà Erbaluce che presenta concentrazioni piuttosto elevate di questo composto in forma legata. Le forme più comuni sono risultate il monoglucoside (MeSA-glucoside) e i diglucosidi (MeSA-gentiobioside e MeSA-viulotoside), mentre la forma triglicosilata non è stata rilevata in nessun caso.





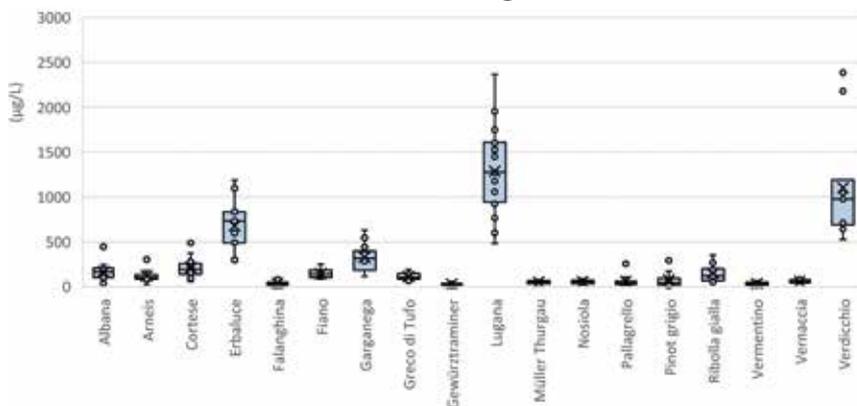
Mapa dell'Italia con la distribuzione regionale delle varietà e dei campioni

Oltre a confrontare le diverse varietà, ci si è occupati di valutare anche l'evoluzione del MeSA durante l'invecchiamento del vino, sottoponendo un sottoinsieme di campioni di ciascuna varietà ad un protocollo di invecchiamento accelerato. Il contenuto delle forme glicosilate è risultato positivamente associato a un aumento del contenuto di MeSA libero durante l'invecchiamento. Questo significa che, con il tempo, le molecole si "rompono" e liberano il MeSA, che quindi diventa percepibile sensorialmente. Secondo l'esperimento, 'Lugana', 'Verdicchio'

ed 'Erbaluce' sono le cultivar che rilasceranno la quantità più alta di MeSA libero nel corso degli anni, con un effetto che sembra essere favorito da un pH basso. Il rilascio di questo potenziale nascosto potrebbe arricchire ulteriormente il bouquet aromatico del vino che potrebbe essere importante sia per l'apprezzamento del consumatore che per il valore aggiunto della bottiglia.

Il lavoro è frutto di una ricerca curata dalla Fondazione Edmund Mach in collaborazione con sei atenei italiani (Bologna, Napoli, Padova, Torino, Trento e Verona).

Somma dei MeSA glicosidi



Boxplot delle concentrazioni totali di glicosidi di MeSA nelle varietà considerate

PAROLE CHIAVE: metil salicilato, aroma, glicosidi

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*





Monitoraggio non invasivo dei composti volatili organici per studiare il metabolismo del microbiota intestinale *in-vitro*



ANDREA DELL'OLIO
IULIIA KHOMENKO
EMANUELA BETTA

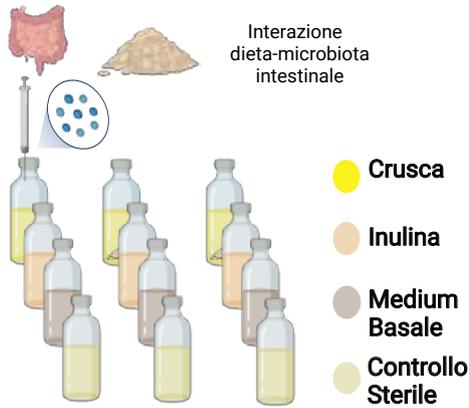
Analisi SPME-GC-MS di un campione intestinale arricchito con crusca di avena. L'ago SPME (testa rossa) estrae i composti volatili dallo spazio di testa del vial in vetro, dove si accumulano i metaboliti volatili prodotti dal campione

Questo studio ha implementato un approccio innovativo e non invasivo per monitorare i composti organici volatili (VOCs) durante la fermentazione *in vitro* di fibre alimentari da parte del microbiota intestinale umano. Sono stati analizzati due substrati: l'inulina, un noto prebiotico solubile, e la crusca d'avena, una matrice ricca di fibre insolubili con potenzialità prebiotiche. I substrati sono stati incubati in un mezzo intestinale minimo (un terreno di coltura che simula l'ambiente intestinale) con un inoculo fecale stabilizzato (una preparazione di feci utilizzata per introdurre il microbiota). Le tecniche analitiche utilizzate, HS-SPME-GC-MS (Headspace-Solid Phase Microextraction accoppiata con

Gas Chromatography - Mass Spectrometry) e PTR-TOF-MS (Proton Transfer Reaction-Time of Flight Mass Spectrometry), hanno permesso di monitorare in modo dettagliato e continuo l'evoluzione temporale dei VOCs senza interferire con i processi biologici in atto. Grazie all'applicazione del metodo statistico RM-ASCA (Repeated Measures-ANOVA Simultaneous Component Analysis), è stato possibile discriminare chiaramente i profili metabolici generati dai diversi substrati studiati.

I risultati ottenuti hanno evidenziato un incremento significativo di acidi grassi a catena corta (SCFA, Short-Chain Fatty Acids) e media (MCFA, Medium-Chain Fatty Acids) durante la

Campionamento non invasivo dei composti volatili organici (VOCs)

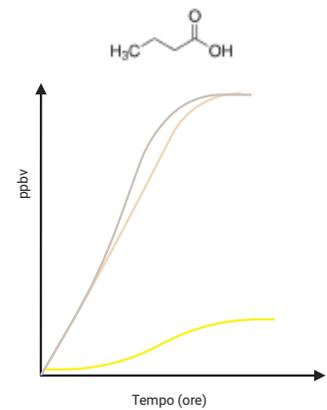


Analisi diretta dei VOCs

Proton Transfer Reaction - Time of Flight - Mass Spectrometry [PTR-ToF-MS]



Profilo longitudinale dei VOCs



fermentazione della crusca d'avena, confermando il suo potenziale prebiotico. Per quanto riguarda l'inulina, è stata osservata una cinetica diversa, caratterizzata da una produzione più lenta ma costante di VOCs specifici come alcoli e aldeidi. Il momento più distintivo per quanto riguarda il profilo volatilomico (l'insieme dei composti volatili) è stato registrato dopo 12 ore di fermentazione, suggerendo un punto critico per la valutazione delle interazioni tra microbiota e substrati. Questo studio dimostra come l'analisi temporale dei VOCs possa offrire nuove prospettive nello studio delle

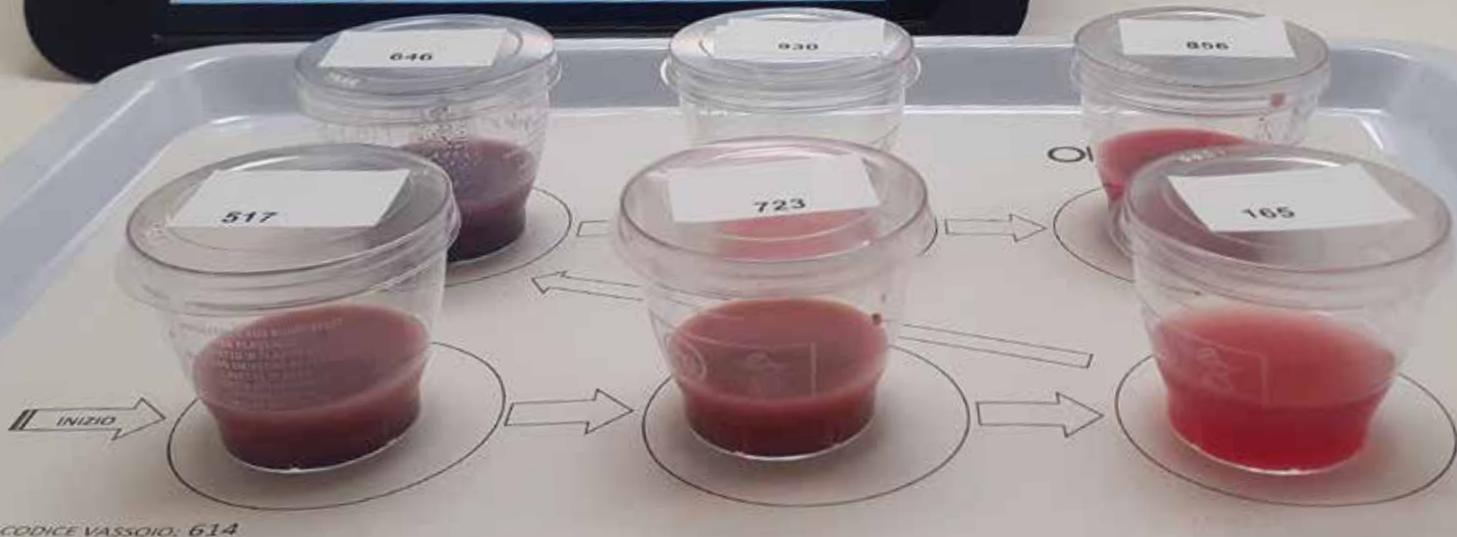
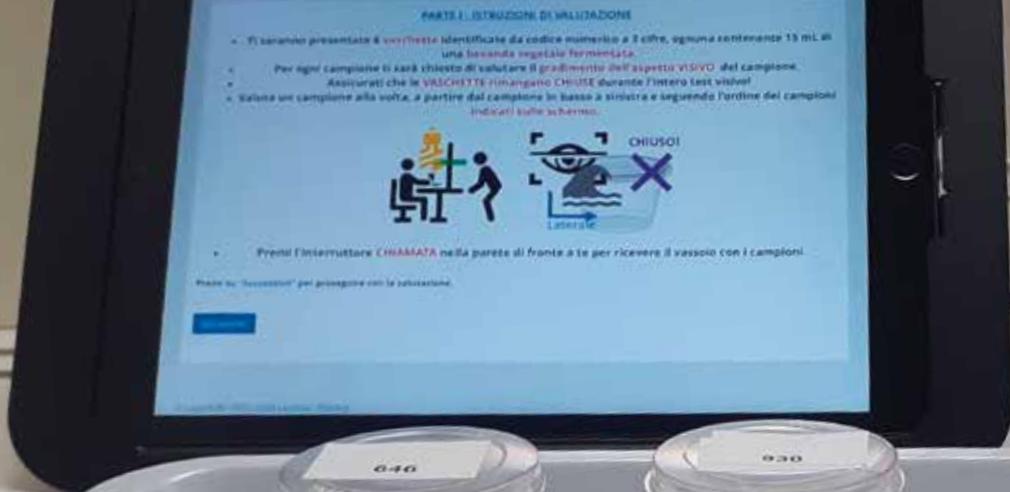
interazioni tra microbiota e fibre alimentari. L'approccio utilizzato può essere applicato non solo per comprendere meglio le dinamiche metaboliche, ma anche per valutare in modo efficace nuovi prebiotici e investigare più in generale l'interazione tra matrici alimentari e microbiota intestinale. Questi risultati rappresentano un passo avanti significativo verso una comprensione più dettagliata e applicabile del metabolismo del microbiota, aprendo nuove possibilità di ricerca e sviluppo nel campo degli alimenti funzionali e della nutrizione personalizzata.

Sinistra: Campionamento non invasivo dei composti organici volatili (VOCs) in un modello in-vitro. Centro: Schema del sistema PTR-TOF-MS, utilizzato per un monitoraggio continuo e ad alta sensibilità dei VOCs. Destra: Tracciamento longitudinale dei VOCs con un esempio di profilo temporale di produzione di acido propionico, espresso in parti per miliardo per volume (ppbv), in funzione del tempo di incubazione

PAROLE CHIAVE: microbiota intestinale, prebiotici, VOCs

LISTA SPECIE CITATE: *Homo sapiens*





Sviluppo di nuove bevande fermentate a base di castagne e quinoa come fonte di fibre e polifenoli



GIORGIA SECCHI
ANDREA MANCINI
ELENA FRANCIOSI

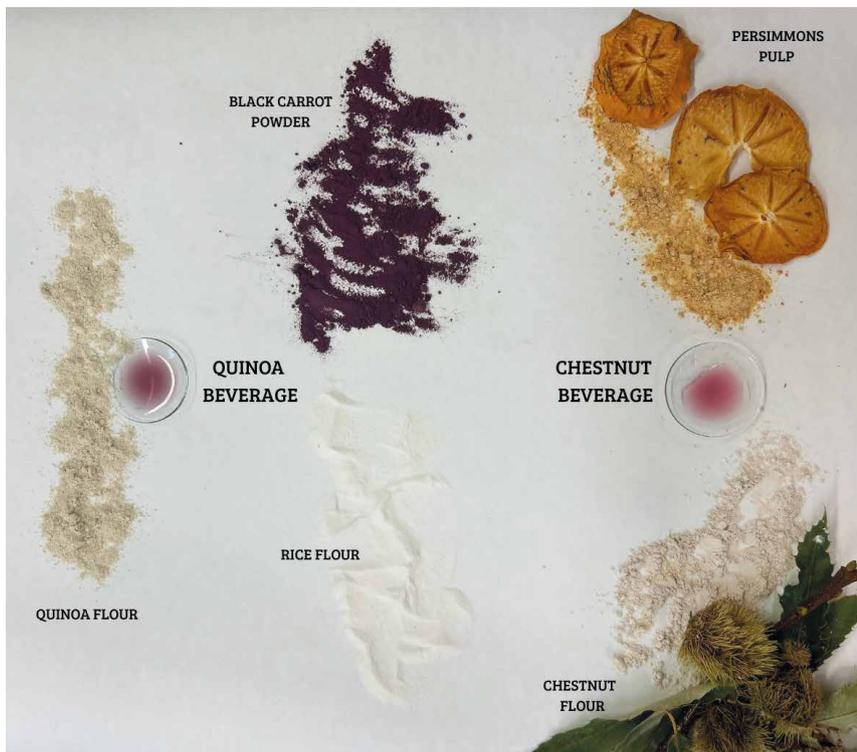
La crescente attenzione verso un'alimentazione sana e sostenibile ha incentivato lo sviluppo di prodotti che combinano gusto, benefici per la salute e innovazione. Questo studio si è focalizzato sulle bevande fermentate, note per i loro benefici probiotici e la capacità di migliorare la biodisponibilità dei nutrienti, utilizzando castagne e quinoa come ingredienti chiave principali. La farina di castagne, ottenuta dal frutto del castagno diffuso in Trentino, è una preziosa fonte di carboidrati complessi, fibre, minerali e polifenoli antiossidanti. La farina di quinoa, ricavata dai semi della quinoa, è apprezzata per il suo straordinario profilo nutrizionale, che comprende proteine vegetali di alta

qualità, fibre e flavonoidi bioattivi. La formulazione delle bevande prevede l'aggiunta di farina di riso (2%) come base, polpa di cachi disidratati (4%) per apportare fibre e zuccheri naturali, e polvere di carota nera disidratata (1%) per aumentare il contenuto di polifenoli e migliorare il colore. Le bevande sono state fermentate con un ceppo commerciale *Lactobacillus casei* (fornito da SACCO) attraverso un processo controllato, con l'obiettivo di migliorarne le qualità organolettiche e nutrizionali. La fermentazione ha quindi arricchito le bevande di probiotici, migliorando la digeribilità dei nutrienti complessi e riducendo i potenziali anti-nutrienti. Per valutare la qualità del prodotto in

Analisi sensoriale delle bevande fermentate con metodo flash-profile

momenti differenti della fermentazione (tempo zero, 24h, 48h e 7giorni), sono state condotte diverse analisi. Il contenuto di polifenoli totali è stato quantificato utilizzando il metodo di Folin-Ciocalteu; la composizione della comunità microbica è stata valutata tramite conta su piastra, la composizione chimica è stata analizzata con spettroscopia di risonanza magnetica nucleare (NMR) (analisi eseguita da F. I. Brigante). Sono stati inoltre esaminati i composti volatili (analisi eseguita da M. Moretton), e infine, è stata valutata l'accettabilità pilota e il profilo sensoriale descrittivo tramite il metodo flash-profile (valutazione eseguita da B. D. Galli). I risultati hanno evidenziato che la fermentazione migliora l'apprezzamento

sensoriale e favorisce lo sviluppo di descrittori di interesse. Grazie al loro profilo nutrizionale e ai benefici per la salute, le bevande fermentate a base di farina di castagne e quinoa rappresentano un'interessante novità nel campo degli alimenti funzionali. Questa ricerca rappresenta un promettente punto di partenza per ulteriori sviluppi futuri, con la possibilità di ottimizzare le formulazioni e approfondire lo studio degli ingredienti per migliorare le proprietà organolettiche, nutrizionali e l'accettabilità del prodotto da parte dei consumatori. Ricerca sostenuta da ONFoods e finanziata dall'Unione Europea Next-Generation EU (PNRR-MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.3-D.D. 1550 11/10/2022, PE00000003).



PAROLE CHIAVE: bevande fermentate, castagne, quinoa

LISTA SPECIE CITATE: *Lactobacillus casei*, *Castanea sativa*, *Chenopodium quinoa*



La spettrometria di massa ad alta risoluzione per lo screening del profilo lipidico dell'uva



MAR GARCIA-ALOY
DOMENICO MASUERO
PIETRO FRANCESCHI

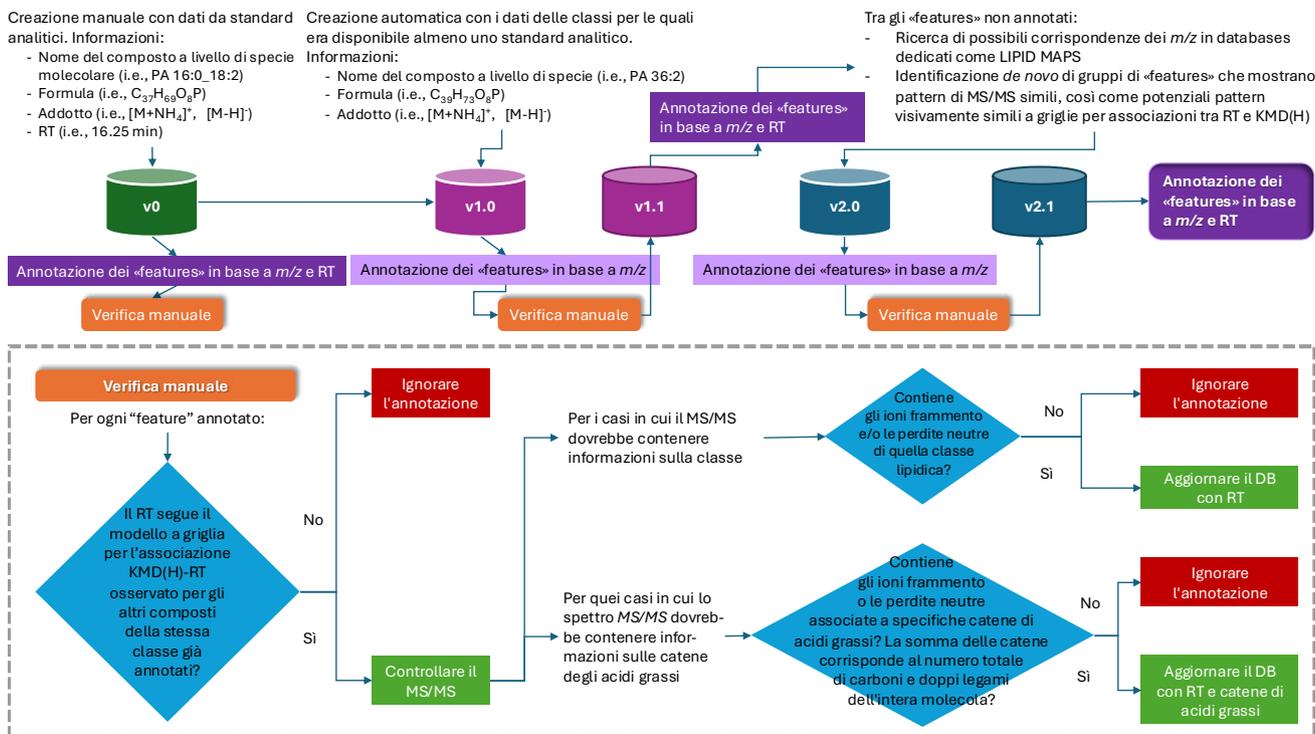
HPLC-ORBITRAP XL (Spettrometro di Massa ad Alta Risoluzione): Sistema cromatografico liquido ad alta prestazione (HPLC) accoppiato a spettrometro di massa Orbitrap ad alta risoluzione, progettato per l'analisi untargeted di metaboliti primari e secondari in campioni biologici (umani e animali) ed in matrici vegetali

I lipidi sono componenti essenziali delle membrane delle cellule vegetali e svolgono un ruolo fondamentale in molte funzioni vitali, come la crescita, lo sviluppo e la risposta a situazioni di stress. Nell'uva, in particolare, i lipidi sono una fonte di nutrimento essenziale per il metabolismo dei lieviti durante il processo di produzione del vino, e pertanto ne influenzano in modo significativo le proprietà sensoriali.

L'obiettivo di questo studio è stato sviluppare un metodo innovativo basato sulla spettrometria di massa ad alta risoluzione, per analizzare in dettaglio la composizione lipidica dell'uva, una sorta di "impronta digitale" (*fingerprinting*) dei suoi lipidi. È stato progettato un sistema, una "pipeline", che consente il profiling se-

mi-quantitativo del lipidoma mediante l'identificazione semi-automatica e accurata delle specie lipidiche, integrando diverse proprietà chimiche complementari. Questo approccio prevede la creazione di un database interattivo, che contiene sia dati teorici che risultati sperimentali, e che può essere applicato allo studio di diverse tipologie di campioni biologici.

La metodologia sviluppata è stata applicata alla caratterizzazione del lipidoma dell'uva, e ha permesso di ottenere una visione più completa della sua composizione, rivelatasi particolarmente complessa: la maggior parte dei composti annotati appartiene alle classi dei (liso)glicerofosfolipidi e glicerolipidi, sebbene siano stati rilevati anche acidi grassi liberi, idrossiceramidi ed esteri di sitosterolo.



L'applicazione della pipeline ha consentito di caratterizzare con un livello di dettaglio senza precedenti la diversità compositiva del lipidoma dell'uva, spingendosi fino alla descrizione di composti che non appartengono alle classi lipidiche considerate "classiche". Ad esempio, è stato possibile identificare una serie di glicerofosfati metilati mai osservati prima nell'uva. Un'altra classe lipidica non convenzionale rilevata nei campioni analizzati è

costituita dai monogalattosildiacilgliceroli acilati. I risultati ottenuti dimostrano che l'approccio proposto è potenzialmente in grado di aumentare le nostre potenzialità analitiche nel campo della lipidomica, favorendo una migliore comprensione della biologia dell'uva. In sintesi, questo lavoro propone una strategia per la profilazione lipidomica approfondita dell'uva, trasferibile e adattabile ad altre specie.

Flusso di lavoro seguito nella costruzione del database che viene successivamente utilizzato per l'annotazione dei composti

.....

PAROLE CHIAVE: lipidomica, uva, spettrometria di massa
 LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*





Verificare l'autenticità dell'olio essenziale di lavanda: un approccio innovativo



ALBERTO RONCONE
MAURO PAOLINI
LUANA BONTEMPO

Due recenti studi, coordinati dall'unità di Tracciabilità, hanno sviluppato una combinazione di metodi analitici avanzati per caratterizzare e distinguere l'olio essenziale di lavanda da quello di lavandula (ibrido non commestibile) e per individuare eventuali adulterazioni con composti sintetici. Per l'analisi dei composti organici volatili (VOCs) ed i loro rapporti isotopici ($\delta^{13}\text{C}$ e $\delta^2\text{H}$) è stata impiegata una tecnica combinata che accoppia la gascromatografia con spettrometria di massa tandem (GC-MS/MS) e la gascromatografia con spettrometria di massa isotopica (GC-IRMS). Il metodo GC-MS/MS sviluppato ha permesso la quantificazione di 71 VOCs in entrambi gli oli essenziali, riducendo il tempo di analisi del 60% rispetto ai metodi convenzionali. La tecnica GC-IRMS,

inoltre, ha fornito i rapporti isotopici di 32 VOCs per il carbonio e 30 per l'idrogeno.

L'olio essenziale di lavanda è caratterizzato principalmente dalla presenza di monoterpeni e loro derivati, come il linalolo e l'acetato di linalile, che gli conferiscono il tipico profumo dolce e floreale. L'olio di lavandula, invece, presenta concentrazioni maggiori di eucaliptolo e canfora, responsabili di un aroma più pungente.

Le frodi commerciali possono consistere non solo nella sostituzione dell'olio pregiato con uno di minor valore (come l'olio di lavandula), ma anche nell'adulterazione di un olio di bassa qualità mediante l'aggiunta di composti sintetici. In quest'ultimo caso, si utilizza un olio base neutro a cui vengono addizionati composti

Olio essenziale di lavanda

che mimano la composizione chimica dell'olio originale.

In tali circostanze, basandosi esclusivamente sull'analisi qualitativa e quantitativa dei VOCs, la distinzione dal prodotto autentico può risultare estremamente complessa. L'analisi isotopica, in questo contesto, si rivela cruciale: i rapporti isotopici dei VOCs sintetici differiscono significativamente da quelli naturali; pertanto, la misurazione di tali rapporti permette di identificare le adulterazioni.

Nello studio, sono stati creati artificialmente campioni adulterati e il metodo ha identificato correttamente tutti quelli contenenti oltre il 15% di VOCs di origine sintetica. Le ana-

lisi hanno inoltre rivelato che alcuni oli commerciali etichettati come "olio essenziale di lavanda" erano in realtà miscele contenenti olio di lavandula e composti sintetici.

Questi studi dimostrano che l'approccio combinato di spettrometria di massa convenzionale e spettrometria di massa isotopica rappresenta un significativo progresso nell'autenticazione degli oli essenziali. Le tecniche sviluppate consentono di distinguere l'olio di lavanda dall'olio di lavandula e di rilevare le adulterazioni con composti sintetici. Questo approccio analitico, inoltre, può essere applicato ad altri oli essenziali e prodotti naturali per garantirne l'autenticità.

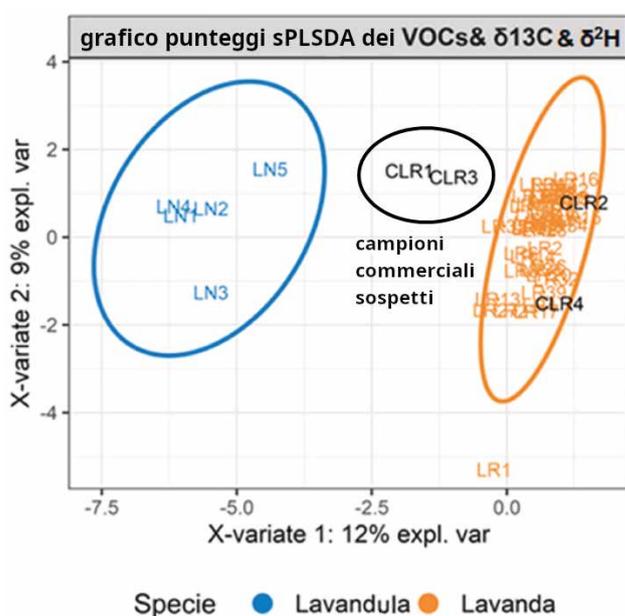


Grafico dei punteggi sPLSDA dei VOCs e degli isotopi stabili

.....

PAROLE CHIAVE: oli essenziali di lavanda, IRMS, VOCs

LISTA SPECIE CITATE: *Lavandula angustifolia*, *Lavandula intermedia*



Verso abitudini alimentari più salutari negli adolescenti



LARA FONTANA
LEONARDO MENGHI
ISABELLA ENDRIZZI

Durante l'anno scolastico 2023-24, le studentesse e gli studenti del Centro di Istruzione e Formazione di FEM hanno partecipato a uno studio approfondito sulla percezione, le preferenze e i comportamenti alimentari degli adolescenti, nonché sui vari fattori biologici (come la genetica e il microbioma), non-biologici (come l'ambiente sociale e culturale) e psicologici (come le emozioni e le credenze) che influenzano le scelte e le preferenze alimentari.

Questa attività si inserisce nell'ambito di due progetti di ricerca finanziati dall'Unione Europea e promossi dalla Fondazione Edmund Mach e dall'Università di Trento: il progetto PRIMA PROMedLIFE, focalizzato sullo sviluppo di alimenti mediterranei innovativi per promuovere la salute, e lo Spoke 2 dell'ecosistema iNEST (PNRR), dedicato alla nutrizione e alla salute.

Le attività sperimentali hanno previsto sessioni di valutazione sensoriale nel laboratorio, dove i ragazzi hanno assaggiato e valutato snack innovativi a base di ingredienti mediterranei

(sviluppati dai partner PROMedLIFE) e due alimenti modello (succo di pompelmo e budino al cioccolato) progettati per evocare quattro intensità crescenti del gusto dolce.

Sono state inoltre raccolte informazioni tramite questionari validati per la misurazione di tratti psicologici legati all'alimentazione, e campioni biologici (saliva e tamponi linguali) per analisi metagenomiche e genetiche, con l'obiettivo di comprendere l'influenza del microbioma orale sulla percezione individuale di gusti e sapori e il suo impatto sulle scelte alimentari degli adolescenti.

Le attività sperimentali hanno incluso un intervento di quattro settimane con la distribuzione di barrette come alternativa salutare alla merenda tradizionale durante la ricreazione, affiancato da programmi di educazione alimentare. L'intervento ha previsto lo sviluppo di moduli didattici interattivi sull'alimentazione sana, con focus su qualità della dieta e sostenibilità. Per superare la neofobia alimentare, ovvero la riluttanza a provare nuovi cibi, sono state proposte attività sensoriali che hanno incoraggiato i giovani a esplorare nuovi sapori e ad ampliare le loro scelte alimentari.

La replica dello studio in Grecia e in Tunisia permetterà una valutazione internazionale dei risultati, fornendo una prospettiva più ampia sull'efficacia dell'intervento.

La scuola si è dimostrata un contesto ideale per sperimentare strategie atte a promuovere scelte alimentari più consapevoli e sostenibili e per fornire dati preziosi per la ricerca scientifica nel campo dell'alimentazione adolescenziale grazie al confronto quotidiano, alle opportunità educative e alla partecipazione attiva di studenti/esse e dei/delle loro insegnanti.

Studenti e studentesse durante le lezioni di educazione sensoriale



PAROLE CHIAVE: abitudini alimentari, adolescenti, educazione alimentare

Nutri il tuo microbiota per combattere lo stress con la dieta psicobiotica

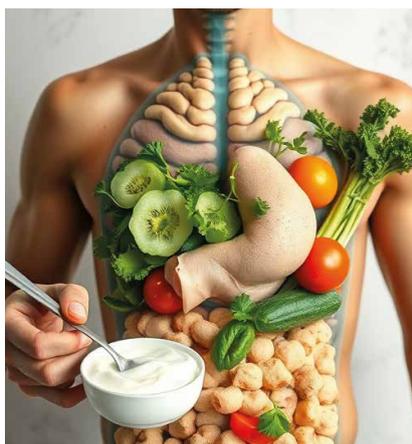
Il microbiota intestinale umano è composto da oltre 500 specie di batteri, lieviti e virus che coesistono in uno stato di equilibrio. Il microbiota svolge numerose funzioni per la salute umana, come proteggere la mucosa intestinale, regolare le difese immunitarie contro i patogeni, aiutare la digestione e modulare le funzioni cognitive e psichiche attraverso l'asse intestino-cervello. Quando tale equilibrio si modifica, si instaura uno stato di infiammazione cronica a bassa intensità che può manifestarsi inizialmente con disturbi intestinali e, a lungo termine, predisporre all'insorgenza di diverse patologie, anche di grave entità.

In questo studio è stato valutato l'effetto di una dieta psicobiotica, basata su un elevato consumo di alimenti fermentati e prebiotici, per favorire l'equilibrio intestinale e promuovere il benessere psicofisico. L'innovatività dello studio consiste nella valutazione dell'impatto di un intero approccio dietetico, basato sulla combinazione sinergica di diversi componenti alimentari, a differenza della maggior parte degli studi che si focalizzano sull'effetto di un singolo alimento.

Ventiquattro persone adulte sane, reclutate nell'area di Cork (Irlanda) tra il 2018 e il 2021, sono state istruite al consumo di alimenti fermentati per un periodo breve di 4 settimane. Un gruppo di controllo composto da ventuno partecipanti ha ricevuto istruzioni relative a una dieta standard.

Le persone che maggiormente hanno aderito alla dieta psicobiotica hanno mostrato una tendenza alla riduzione dello stress percepito, sebbene non siano state riscontrate differenze statisticamente significative tra i

due gruppi al termine dell'intervento. La dieta psicobiotica ha indotto lievi modifiche nel profilo microbico, suggerendo che un periodo di quattro settimane sia sufficiente per innescare cambiamenti, ma che un periodo più prolungato potrebbe essere necessario per osservare variazioni più evidenti. Sono state osservate alcune modifiche nel profilo lipidico fecale, indicative di un potenziale miglioramento della salute intestinale. Parallelamente, la riduzione di alcuni cataboliti tossici urinari generati dal metabolismo del triptofano, noti per il loro potenziale impatto neurotossico, suggerisce un possibile beneficio a lungo termine per la salute mentale. Nonostante le limitazioni date dalla dimensione del campione e dalla breve durata dello studio, che non consentono di stabilire una relazione causale definitiva tra dieta, modifiche del microbiota e stress percepito, i risultati ottenuti suggeriscono il potenziale di approcci nutrizionali basati sul consumo di alimenti fermentati e prebiotici nella prevenzione e nel trattamento di problematiche legate alla salute mentale.



ANDREA ANESI
FULVIO MATTIVI
URSKA VRHOVSEK

PAROLE CHIAVE: dieta psicobiotica, microbiota umano, salute mentale

LISTA SPECIE CITATE: *Homo sapiens*







AGROSISTEMI E BIOECONOMIA





Approccio duale NBT: cisgenesi ed editing genetico per migliorare la resistenza a più patogeni nel melo



SIMON MIRANDA
VALERIA GUALANDRI
MICKAEL MALNOY

Il colpo di fuoco batterico, una malattia devastante causata dal batterio gram-negativo *Erwinia amylovora*, rappresenta una grave minaccia per molte piante della famiglia delle Rosaceae, in particolare per il melo (*Malus × domestica* Borkh). Allo stesso modo, la produzione di mele è soggetta a malattie fungine come la ticchiolatura, causata da *Venturia inaequalis*, e l'oidio. Allo stato attuale queste patologie sono gestite mediante l'applicazione intensiva di antibiotici e fungicidi durante la stagione di crescita, in assenza di altre opzioni più sostenibili. Per affrontare questa sfida, gli approcci di miglioramento genetico, mirati a geni legati alla suscettibilità e alla resistenza, offrono una promettente strada per sviluppare cultivar di melo più resilienti. Le Nuove Tecniche

di Breeding (NBT), come l'editing genetico CRISPR/Cas9 e la cisgenesi, si sono affermate come strumenti con un notevole potenziale per contribuire a questi miglioramenti. È incoraggiante notare che in alcune regioni i quadri normativi stanno ora orientandosi verso l'esclusione di editing genetico e cisgenesi dalle tradizionali normative sugli OGM, accelerandone potenzialmente l'adozione. Nel nostro studio, abbiamo utilizzato una cassetta genetica rimovibile per editare, simultaneamente, tre geni di suscettibilità al colpo di fuoco batterico e un gene di suscettibilità all'oidio in due cultivar commerciali di melo. Inoltre, abbiamo applicato la cisgenesi per introdurre un gene di resistenza alla ticchiolatura (*Rvi12*), proveniente da una specie selvatica

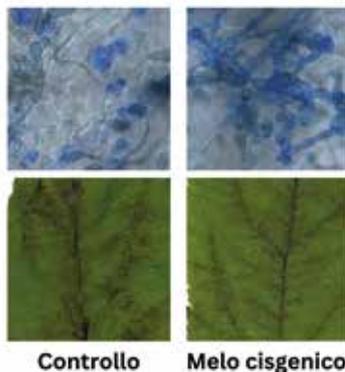
Micropropagazione di melo in cultura
in vitro



Colpo di Fuoco



Ticchiolatura



I sintomi del colpo di fuoco batterico (a sinistra) e della ticchiolatura (a destra) possono essere ridotti rispettivamente mediante l'editing genetico dei geni di suscettibilità e l'introduzione di un gene di resistenza tramite cisgenesi

di melo. Abbiamo ottenuto linee rigenerate di melo e valutato l'efficienza dell'editing genetico sui geni bersaglio. Le linee risultanti hanno mostrato profili di editing variabili, con modifiche che vanno da un singolo gene fino a tutti i geni di suscettibilità mirati. Inoltre, abbiamo valutato i livelli di espressione del gene *Rvi12* nelle linee cisgeniche, nonché il numero di copie di cassette inserite.

Le linee selezionate sono state sottoposte a test di infezione per il colpo di fuoco batterico, la ticchiolatura e l'oi-

dio. I nostri risultati hanno mostrato una significativa riduzione della progressione del colpo di fuoco batterico nelle linee con modifiche a tutti i geni di suscettibilità. I risultati preliminari dell'inoculazione di *V. inaequalis* indicano che i sintomi della ticchiolatura possono essere ridotti in diverse linee cisgeniche. Questi risultati evidenziano il potenziale dell'editing genetico e della cisgenesi per sviluppare cultivar di melo più resistenti a diversi patogeni, aprendo la strada a una produzione di mele più sostenibile.

PAROLE CHIAVE: colpo di fuoco, ticchiolatura, editing genetico

LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*, *Erwinia amylovora*, *Venturia inaequalis*



Cuticola e parete cellulare: una barriera fondamentale per la difesa della vite da stress abiotici e biotici



CARLOTTA PIRRELLO
STEFANIA PILATI
GIULIA MALACARNE

Nella foglia e nel frutto della vite, la cuticola e la parete cellulare delle cellule epidermiche rappresentano la prima barriera fisica contro l'ingresso del patogeno e regolano gli scambi gassosi tra pianta ed ambiente ester-

no. La loro caratterizzazione a livello molecolare è quindi fondamentale per sviluppare approcci innovativi per la difesa della vite da stress biotici e abiotici, in linea con gli obiettivi della viticoltura sostenibile, che mira alla riduzione della dipendenza dai fungicidi chimici e a promuovere pratiche agricole rispettose dell'ambiente.

Nel lavoro di dottorato di Jorge Lagreze (FEM-Università di Trento), sono stati identificati e caratterizzati geni di vite coinvolti nel rimodellamento della parete cellulare durante l'interazione della vite con *Botrytis cinerea*. In particolare, sono state studiate le Pectin Metil-esterasi (PME). Lo spegnimento e la sovra-espressione del gene *VviP-ME10*, la cui espressione risulta significativamente indotta dalla presenza del fungo, hanno evidenziato il suo ruolo



Grappolo infetto da botrite

cruciale nella resistenza alla botrite. La modulazione dell'integrità della pectina da parte di VviPME10 non solo rafforza la parete cellulare, fungendo da barriera fisica, ma può anche agire come meccanismo di segnalazione che migliora la capacità della pianta di riconoscere e rispondere alla presenza del patogeno.

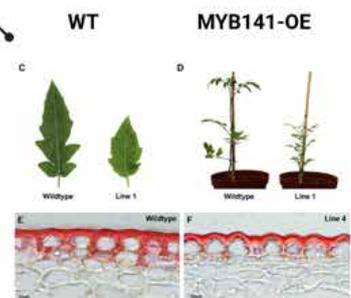
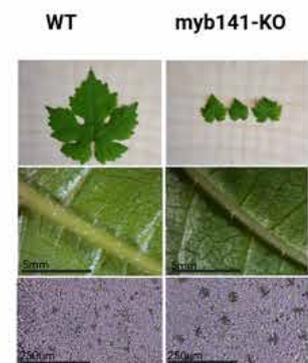
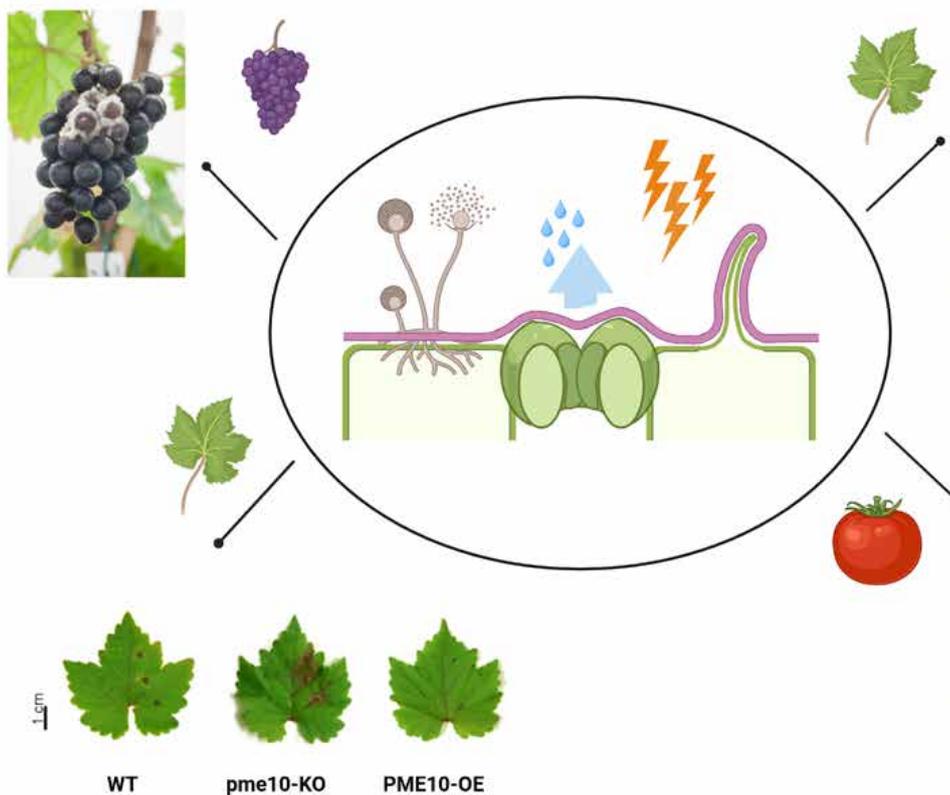
È stato inoltre studiato l'effetto di VviERF45, un regolatore dell'espressione genica, sulla struttura della cuticola: le foglie di viti sovra-esprimenti VviERF45 mostrano una ridotta deposizione di cere superficiali. Successivamente, è stato identificato un altro regolatore, VviMYB141, che influenza non solo la composizione delle cere (fenotipo osservato su frutto di pomodoro, utilizzato come sistema modello), ma anche la formazione di tricomi e la dimensione delle cellule epidermiche, incluse le cellule guardia degli stomi (fenotipo osservato

in foglie di vite). Mentre la cuticola del frutto influenza la qualità dell'uva limitando l'avvizzimento e la marcescenza durante la conservazione e il trasporto, questi tratti morfologici influenzano la traspirazione fogliare e, di conseguenza, l'efficienza dell'uso dell'acqua da parte della pianta. Tali fattori possono diventare rilevanti in situazioni di stress idrico, rese più frequenti dai cambiamenti climatici.

In conclusione, *VviPME10* rappresenta un nuovo e promettente marcatore molecolare per la resistenza della vite alla botrite, con significative implicazioni sia per la biologia vegetale di base che per la ricerca agricola applicata. Gli studi in corso sulla biosintesi della cuticola potrebbero identificare ulteriori candidati utili per generare o selezionare piante più tolleranti allo stress idrico o per la produzione di uva con una migliore conservabilità.

Rappresentazione dei principali risultati ottenuti dalla caratterizzazione di geni di vite coinvolti nel rimodellamento di parete PME 10 e nella regolazione della composizione in cere della cuticola e della formazione di tricomi e delle cellule dell'epidermide *MYB141*

Botrite su grappolo



PAROLE CHIAVE: parete cellulare, cuticola, stress biotici ed abiotici

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*, *Botrytis cinerea*





Disturbi post-raccolta in melo: uno studio comparativo sul riscaldamento superficiale nelle varietà 'Granny Smith' e 'Ladina'



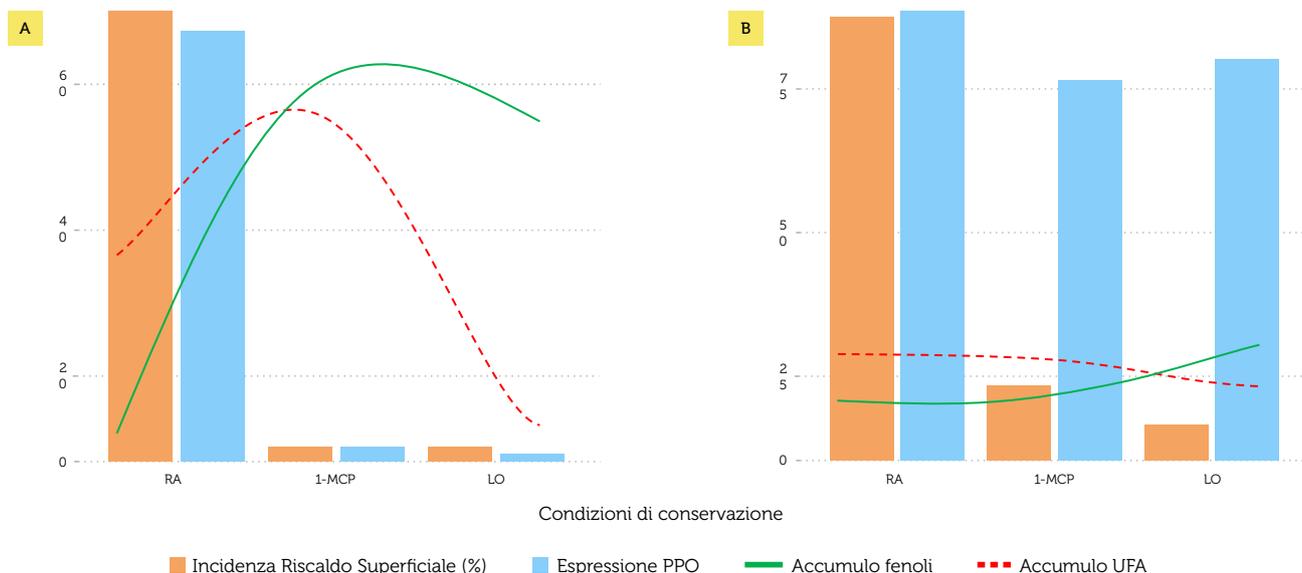
LORENZO VITTANI
FRANCESCA POPULIN
NICOLA BUSATTO

Il contrasto al riscaldamento superficiale, un danno da freddo che colpisce il frutto del melo durante la conservazione, rappresenta una sfida per il mantenimento della qualità post-raccolta. Questo disturbo, caratterizzato dalla comparsa di macchie scure sulla buccia e causato da stress ossidativo, ne compromette l'accettabilità da parte dei consumatori. Questo studio, condotto in collabora-

zione con Fabrizio Costa (Università di Trento), indaga i meccanismi molecolari e metabolici che influenzano l'insorgenza del riscaldamento nelle varietà 'Granny Smith' e 'Ladina', valutando l'efficacia di due trattamenti preventivi: l'applicazione di 1-metilciclopropene (1-MCP) e la conservazione in atmosfera a basso regime di ossigeno (LO). I risultati hanno mostrato differenze specifiche tra le due varietà: in

Effetto della frigoconservazione sulla qualità delle mele. A sinistra: una mela appena raccolta. A destra: una mela dopo un lungo periodo di conservazione a bassa temperatura, con evidenti sintomi di riscaldamento superficiale. Nel riquadro un particolare della buccia danneggiata





'Granny Smith' i trattamenti si sono dimostrati efficaci, riducendo l'incidenza del riscaldamento a meno dell'1%. Al contrario, in 'Ladina', i sintomi sono stati riscontrati nel 9-20% dei frutti. 'Granny Smith' è caratterizzata da un accumulo di composti antiossidanti, quali catechine ed epicatechine, che in risposta ai trattamenti contrastano l'insorgere di stress ossidativo. Al contrario, 'Ladina' mostra livelli elevati di acido clorogenico, un composto che, reagendo con l'enzima polifenolossidasi (PPO), causa l'imbrunimento dei tessuti. Mentre l'1-MCP e il basso contenuto di ossigeno riducono l'espressione della PPO in 'Granny Smith', gli effetti sono meno marcati in 'Ladina'. I trattamenti in 'Granny Smith' hanno favorito l'accumulo di acidi grassi insaturi, come l'acido linolenico e oleico, i quali, stabilizzando le membrane cellulari, migliorano la tolleranza al freddo. Al contrario, 'Ladina' ha mostrato livelli maggiori di acidi grassi saturi a lunga catena, che possono destabilizzare le membrane, contri-

buendo alla manifestazione dei sintomi del riscaldamento. I trattamenti hanno determinato una riduzione della produzione di etilene in entrambe le varietà, suggerendo che questo ormone non è direttamente coinvolto nel controllo del disturbo. Questo studio evidenzia l'importanza di utilizzare approcci varietà-specifici nella prevenzione del riscaldamento. Mentre l'1-MCP e il basso contenuto di ossigeno si sono rivelati efficaci per 'Granny Smith', essi hanno offerto una protezione parziale per 'Ladina'. Questi risultati sottolineano il ruolo cruciale degli antiossidanti e degli acidi grassi nel mantenimento della qualità del frutto durante la conservazione. Adattando trattamenti post-raccolta mirati alle caratteristiche specifiche di ogni varietà, i produttori possono ottimizzare la conservazione e preservare la qualità dei frutti. Tali progressi sono fondamentali per ridurre lo spreco alimentare e soddisfare la domanda di frutti di alta qualità.

Incidenza del riscaldamento superficiale (arancione), espressione del gene polifenol-ossidasi (PPO) (blu), accumulo di fenoli (linea continua verde) e di acidi grassi insaturi (UFA) (linea tratteggiata rossa) in due varietà di mele, 'Granny Smith' (A) and 'Ladina' (B), in tre condizioni di conservazione: atmosfera normale (RA), trattamento con 1-MCP e basso contenuto di ossigeno (LO). Il grafico mostra l'interazione tra fattori fisiologici e biochimici nello sviluppo del riscaldamento superficiale e la sua mitigazione attraverso differenti strategie di conservazione

PAROLE CHIAVE: riscaldamento superficiale, post-raccolta, danni da freddo
LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*



FruitDiv: sfruttare il potenziale della diversità genetica delle specie selvatiche di alberi da frutto per promuovere un'agricoltura sostenibile



DAVIDE BUSETTI
LUCA BIANCO
MICHELA TROGGIO

Ricercatori FEM, in collaborazione con l'Università della Basilicata durante le attività di campionamento (campagna 2024) nel Parco Regionale dei Monti Simbruini (sinistra) e nel Parco Nazionale del Pollino (destra)

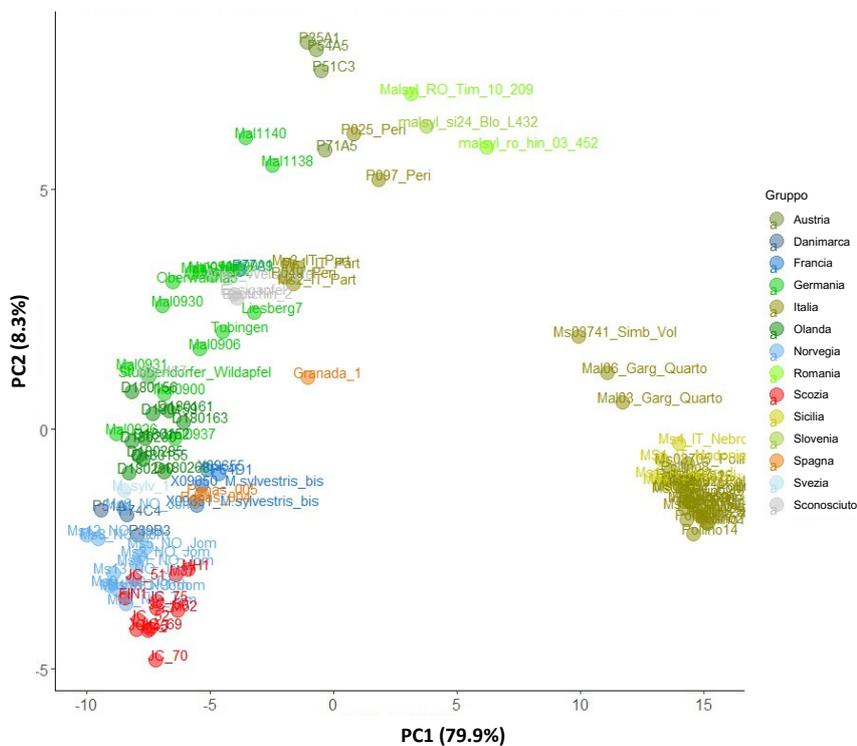
Avviato il 1° gennaio 2024, FruitDiv è un progetto finanziato dall'Unione Europea nell'ambito di *Horizon Europe*, dedicato allo studio e all'utilizzo di specie arboree selvatiche strettamente imparentate con le colture domestiche (*Crop Wild Relatives, CWR*) al fine di incrementare la sostenibilità delle produzioni vegetali. Concentrandosi su pomacee e drupacee, il progetto mira a caratterizzare, conservare e utilizzare la diversità genetica di questi parenti selvatici.

Infatti, i CWR mantengono alcuni caratteri che sono stati persi durante il processo di miglioramento varietale, come l'elevata resistenza ai parassiti e alle malattie, la tolleranza alla siccità e l'adattabilità ai cambiamenti climatici. Sfruttare questa diversità genetica è cruciale per il miglioramento delle colture, favorendo pratiche sostenibili

e aumentando la sicurezza alimentare, in linea con quanto richiesto dal *Green Deal* europeo, con le strategie per la conservazione della biodiversità e la visione *Farm to Fork*, che mirano a ridurre l'uso di agrofarmaci. A causa della longevità degli alberi da frutto e di un paesaggio agricolo dominato da poche cultivar propagate clonalmente, la ricerca e la conservazione dei CWR sono vitali per adattare le colture esistenti ai rapidi cambiamenti globali, incrementandone la base genetica.

L'unità di Genetica e Miglioramento Genetico dei Fruttiferi e l'unità di Biologia Computazionale, in collaborazione con la piattaforma di Metabolomica, sono attivamente coinvolte nelle attività del consorzio, che include 26 istituzioni di 14 paesi europei. Utilizzando tecnologie avanzate di





2D-PCA che mostra la varianza genetica complessiva tra le diverse popolazioni di *Malus sylvestris* campionate fino ad oggi e misurata utilizzando SNP array Axiom® 50K. I campioni italiani sono chiaramente separati dai campioni non italiani, lungo la seconda componente principale (PC2)

genomica e fenomica, gli sforzi della Fondazione Edmund Mach sono principalmente focalizzati sulla caratterizzazione genetica e fenotipica dei CWR di melo, coordinando il campionamento di varie popolazioni di *Malus sylvestris* (il melo selvatico europeo). I dati genetici analizzati sino ad ora hanno individuato nel Parco Nazionale del Pollino uno straordinario sito che ospita popolazioni naturali di *Malus sylvestris* nettamente distinte da quelle presenti nel resto del continente. In più, FEM è anche coinvolta nella gestione e

organizzazione dei grandi volumi di dati generati durante i cinque anni di durata del progetto. Il consorzio collabora inoltre allo sviluppo di nuove strategie di *breeding* che utilizzano i CWR come parentali utili a favorire l'introgressione assistita da marcatori di caratteri di resilienza, resistenza a parassiti e patogeni, mantenendo un'elevata qualità nutrizionale. Integrando metodologie innovative e le attività di numerosi enti di ricerca, FruitDiv mira a sbloccare tutto il potenziale dei CWR degli alberi da frutto, sino ad ora largamente ignorato.

PAROLE CHIAVE: Crop Wild Relatives (CWR), biodiversità, breeding
LISTA SPECIE CITATE: *Malus sylvestris*, *Malus x domestica*





Il cross-breeding, strada per rendere la viticoltura sempre più sostenibile



MARCO STEFANINI
LUCA ZULINI
SILVIA VEZZULLI

La sfida della sostenibilità che la viticoltura sta affrontando in questi anni si basa sulla capacità delle piante di adattarsi ai cambiamenti climatici e di manifestare caratteri di resistenza alle principali malattie. La natura, nella sua evoluzione, ha utilizzato l'incrocio (*cross-breeding*) per ottenere nuovi individui, creando una base per la selezione e la propagazione. In questo modo, la biodiversità di una specie o genere botanico ha potuto sopravvivere nel tempo, offrendo a chi voleva coltivare le piante la possibilità di scegliere quelle con caratteristiche migliori per lo scopo della coltivazione. Il miglioramento genetico della vite con la tecnica dell'incrocio è il sistema più adatto per mantenere elevata la biodiversità, valutando tutti i figli provenienti dalla germinazione dei vinaccioli, secondo l'obiettivo della selezione.

In Fondazione Edmund Mach sono attivi piani di miglioramento genetico della vite finalizzati alla selezione di nuove varietà con caratteristiche di resistenza alle principali malattie fungine, come peronospora, oidio e marciume nero.

I piani di incrocio, in questi anni, prevedono incroci realizzati tra le principali varietà di *V. vinifera*, e genitori che presentano nel loro DNA diverse fonti di resistenza alle malattie fungine (un processo chiamato piramidizzazione delle resistenze). Questo rende sempre più difficile per il fungo superare le barriere di resistenza presenti nelle nuove varietà.

I genitori portatori di resistenze sono selezionati in funzione della quantità di marcatori genetici legati alle diverse resistenze presenti. L'obiettivo è quello di raggiungere il livello più ele-

F1P54 varietà resistente ottenuta da incrocio con Chardonnay



Incroci sottoposti ad infezioni artificiali di peronospora in serra

.....

vato di omozigosi possibile delle diverse resistenze, al fine di aumentare l'efficienza del *breeding* (miglioramento genetico). Gli incroci realizzati tra un genitore resistente e una varietà di *V. vinifera* vengono selezionati fenotipicamente utilizzando ambienti controllati che facilitano lo sviluppo delle malattie fungine, regolando temperatura, umidità e illuminazione. La selezione preserva gli individui che non manifestano malattie e, successivamente, in pieno campo, essi vengono selezionati per la qualità e si verifica il potenziale di resistenza con marcatori molecolari.

I piani di *cross-breeding* prevedono annualmente 100 diverse combina-

zioni di incrocio, la selezione fenotipica di 7-8.000 semenzali, 300 genotipi in campo e 50 microvinificazioni da valutare. Gli incroci tengono presente le esigenze della viticoltura trentina; per esempio, in una popolazione di varietà figlie di 'Chardonnay' sono presenti diverse tipologie di fenologia, di aromi e livelli di acidità che offrono un'ampia scelta all'impianto. Con il Consorzio Innovazione Vite (CIVIT) sono state iscritte al registro nazionale delle varietà di vite quattro varietà resistenti: 'Valnosia', 'Charvir', 'Nermantis' e 'Termantis'.

L'attività si svolge con tutto lo staff dell'unità Fisiologia e Miglioramento Genetico della Vite.

PAROLE CHIAVE: miglioramento genetico della vite, cambiamento climatico, resistenza

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*





Il fitoplasma degli scopazzi del melo: varianti, effettori e patogenicità



MIRKO MOSER
GIULIA CALIA
ALESSANDRO CESTARO

Le piante sono costantemente soggette ad attacchi da parte di organismi patogeni e molte loro malattie sono note da secoli. Tuttavia, nel caso delle fitoplasmosi (malattie causate da fitoplasmi), pur essendo state descritte a livello sintomatologico, l'identificazione della causa della malattia è avvenuta solo negli anni '60, con la scoperta dei fitoplasmi. Questi microorganismi, privi di parete cellulare, colonizzano il floema (la rete di vasi che trasporta la linfa elaborata) causando una varietà di sintomi, dall'ingiallimento fogliare alla deformazione di foglie e fiori, fino a un progressivo declino della pianta.

Per colonizzare e dominare le piante ospiti, i fitoplasmi producono proteine specializzate chiamate effettori, che entrano nelle cellule vegetali e alterano i processi cellulari essenziali,

favorendo il patogeno. Queste proteine influenzano il metabolismo, lo sviluppo e le difese della pianta. Nei loro insetti vettori, i fitoplasmi sembrano modificare la capacità di acquisizione e trasmissione e influire sulla capacità riproduttiva dell'insetto stesso, sebbene i meccanismi coinvolti siano ancora poco chiari.

La variabilità genetica dei fitoplasmi è stata associata a differenze di virulenza e sintomatologia, con la presenza di diversi ceppi che caratterizzano ciascun tipo di fitoplasma. Negli ultimi anni, ci siamo focalizzati sul sequenziamento del genoma di vari ceppi di *Candidatus Phytoplasma mali*, il fitoplasma responsabile degli scopazzi del melo, per studiarne le funzioni con un'attenzione particolare agli effettori. In passato ne sono stati caratterizzati alcuni, ma si ipotizza che il numero

Melo colpito da scopazzi del melo
(foto di Erica Candioli)

totale sia significativamente maggiore. Identificare nuovi effettori è essenziale per comprendere i meccanismi molecolari alla base delle malattie causate dai fitoplasmidi e per analizzare le interazioni con gli insetti vettori.

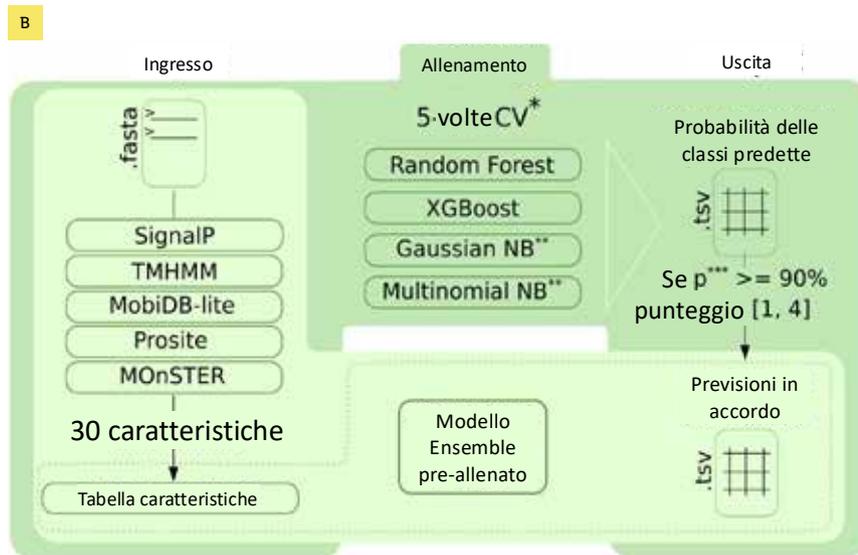
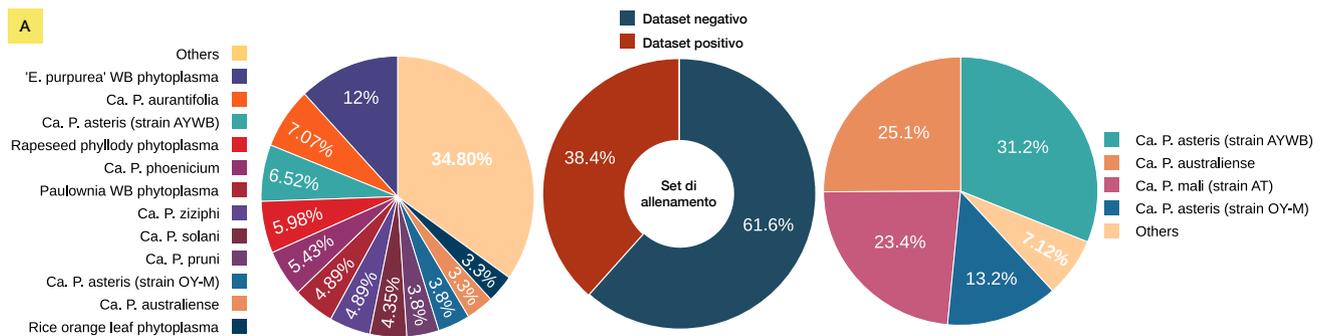
A tal fine, recentemente, abbiamo sviluppato uno strumento bioinformatico avanzato, LEAPH (ensemBLE model for Effector cLAssification in PHytoplasmas), basato su un modello di apprendimento automatico. Questo modello analizza le sequenze proteiche dei fitoplasmidi, predicendo con elevata accuratezza quali proteine abbiano maggiori probabilità di essere effettori. LEAPH apre nuove prospet-

tive, identificando candidati effettori su cui concentrare gli esperimenti per studiarne funzioni e modalità di azione nella pianta ospite.

Nonostante i progressi significativi, la ricerca sui fitoplasmidi e sui loro effettori presenta ancora molte sfide. La complessità delle interazioni tra pianta e patogeno, la variabilità genetica e la mancanza di modelli sperimentali efficaci continuano a rappresentare ostacoli, ma le nuove tecnologie stanno aprendo la strada a importanti scoperte.

Al lavoro hanno contribuito anche i colleghi di FEM Claudio Donati e Diego Micheletti.

Dataset di allenamento e flusso analitico del modello su cui si basa LEAPH



PAROLE CHIAVE: scopazzi del melo, effettori, LEAPH
LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*, *Candidatus Phytoplasma mali*





L'impatto ambientale dei sistemi di allevamento "Spindle" e "Guyot" per il melo nel territorio montano trentino



MOË THAE OO
LUCA TOMASI

Gli impatti ambientali della filiera agroalimentare sono sempre più studiati, date le preoccupazioni legate alla sua sostenibilità. La valutazione del ciclo di vita (Life Cycle Assessment, LCA) è diventata una metodologia chiave per valutare l'impronta ambientale dei sistemi agroalimentari lungo l'intero ciclo di vita dei prodotti. Nelle aree montane, gli approcci di tipo LCA, integrando database commerciali con dati primari locali, consentono di produrre valutazioni accurate.

In Trentino sono stati introdotti sistemi innovativi per la coltivazione delle mele, come il Guyot, per ottimizzare l'uso delle risorse, la resa e la qualità. Tuttavia, la comprensione del loro impatto ambientale rimane limitata. Nell'ambito del progetto PNRR i-NEST è stata cofinanziata una borsa di stu-

dio per un corso di dottorato in Economia Circolare: l'attività prevede il confronto delle prestazioni ambientali dei sistemi di coltivazione Spindle e Guyot, andando a identificare gli hotspot ambientali all'interno della filiera produttiva delle mele per promuovere pratiche sostenibili in Trentino.

In conformità con gli standard ISO 14040/14044, lo studio segue un approccio "dalla culla al cancello", coprendo il processo dai vivai alla consegna delle mele in magazzino (Fig. 1). I dati primari sono stati ottenuti dagli agricoltori, dall'azienda agricola sperimentale FEM e da un'azienda vivaistica, integrati con dati secondari provenienti da fonti come Ecoinvent e WFLCB. Come unità funzionale è stato scelto un kg di mele. Gli impatti derivanti dagli input agricoli sono

Allevamento Guyot



Fig. 1: Confini di sistema dello studio

stati calcolati utilizzando modelli; la modellazione del sistema e l'analisi dell'impatto sono state condotte con SimaPro (v9.6), metodo EF 3.1. I risultati preliminari evidenziano differenze significative dei due sistemi nelle varie categorie di impatto (Fig. 2). Il sistema Spindle mostra un maggiore utilizzo di risorse, tra cui energia, terreno ed acqua, mentre il sistema Guyot presenta un impatto leggermente maggiore sull'eutrofizzazione terrestre e sui cambiamenti climatici a causa del differente impiego di fertilizzanti e di energia. Questi risultati sottolineano la necessità di

strategie di ottimizzazione: meno risorse nel sistema Spindle e migliore impiego dei fertilizzanti e gestione dell'energia nel sistema Guyot. Lo studio può fornire spunti pratici per aumentare la sostenibilità nella coltivazione delle mele in aree montane. I risultati hanno implicazioni più ampie per le colture perenni e possono fornire informazioni utili per le politiche agricole regionali, fornendo un supporto decisionale basato su dati locali, al fine di migliorare le prestazioni ambientali dell'agricoltura di montagna ed allinearsi con gli obiettivi di sostenibilità globale.

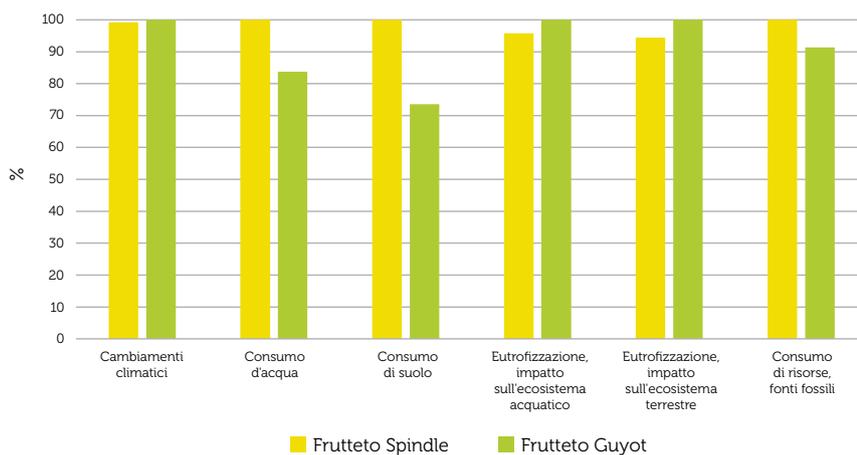
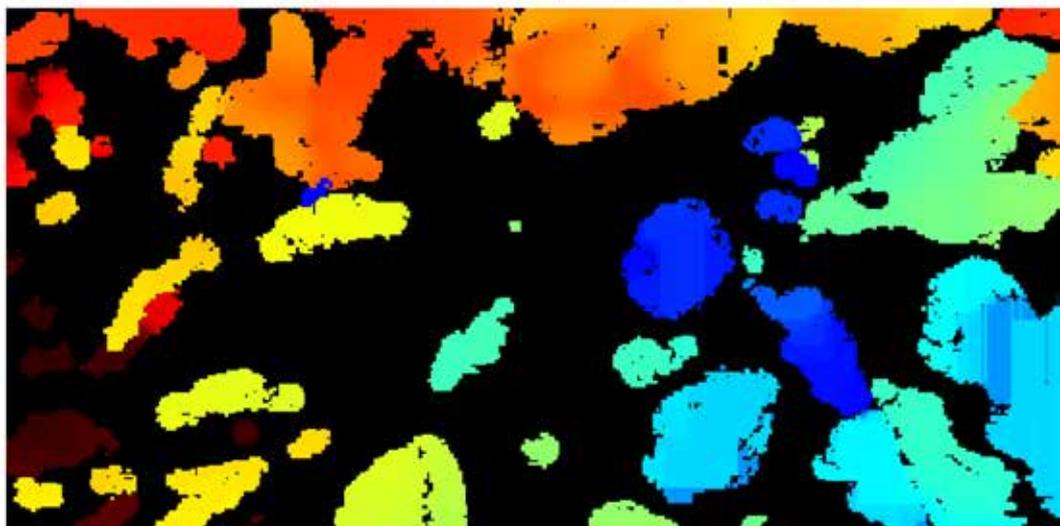
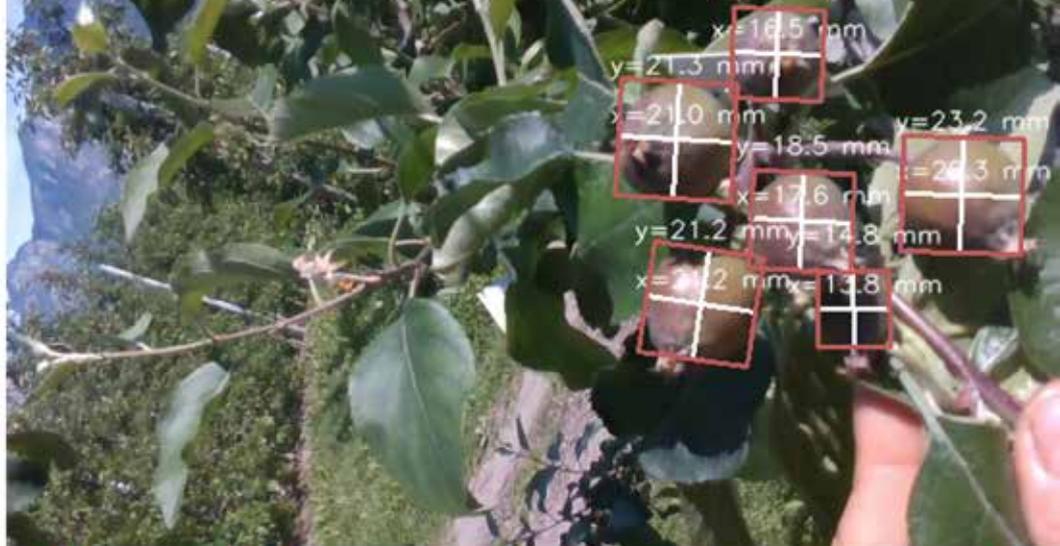


Fig. 2: Differenze tra i due sistemi di coltivazione per alcune categorie di impatto (in percentuale: il valore del 100% è attribuito al sistema più impattante tra i due)

PAROLE CHIAVE: valutazione del ciclo di vita (LCA), sostenibilità, sistemi di allevamento mele

LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*



Le potenzialità della Machine Vision in agricoltura: esperienze in campo



GIORGIO CHECOLA
PAOLO SONEGO
PIETRO FRANCESCHI

A sinistra, un esempio di trappola gialla con i riquadri che evidenziano gli insetti rilevati dal modello AI. A destra, un confronto tra un'immagine RGB con i frutticini di melo identificati e dimensionati, e la relativa immagine di profondità

La computer vision, un'area dell'intelligenza artificiale dedicata all'analisi automatica delle immagini, rappresenta una delle tecnologie più promettenti per l'innovazione in agricoltura. L'unità di Agricoltura Digitale della Fondazione Edmund Mach ha sviluppato significative competenze in questo ambito, con applicazioni specifiche in viticoltura e frutticoltura. In una prima fase, è stato realizzato un modello per il rilevamento automatico degli insetti vettori della flavescenza dorata, una malattia della vite che ogni anno causa ingenti danni alle colture. In collaborazione con gli entomologi Valerio Mazzoni, Alberto Gelmetti e Franca Ghidoni, l'obiettivo era fornire uno strumento che semplificasse il monitoraggio delle trappole cromotropiche gialle, rendendo il processo di identificazione

degli insetti più rapido ed efficiente. Per addestrare il modello di intelligenza artificiale, è stato creato un ampio dataset di immagini digitalizzate di trappole, seguito da un'accurata fase di annotazione degli insetti target, *Scaphoideus titanus* e *Orientus ishidae*. Utilizzando architetture di *deep learning* all'avanguardia, come YOLO (You Only Look Once), è stato sviluppato un modello che è stato poi integrato nella piattaforma DigiAgriApp per supportare gli agricoltori direttamente in campo, consentendo anche l'aggiornamento continuo del dataset secondo i principi della *citizen science*. Parallelamente, è stata avviata un'attività di ricerca sull'applicazione di queste metodologie in frutticoltura, con particolare attenzione alla fenotipizzazione dello sviluppo dei frutti nel



Prototipo di Smart Trap (a sinistra) per l'acquisizione automatizzata di immagini da trappole gialle in campo. A destra, la telecamera di profondità Intel® RealSense™ D435i utilizzata per la stima dei diametri dei frutticini di melo

.....

melo. Il monitoraggio precoce dello sviluppo dei frutti non solo permette di approfondire la conoscenza della fisiologia della pianta, ma può anche fornire un supporto fondamentale per l'ottimizzazione delle pratiche agronomiche di diradamento. La misurazione precisa del diametro dei frutti è un'informazione cruciale, ma risulta particolarmente laboriosa se eseguita manualmente. In collaborazione con l'unità di Sperimentazione in Frutticoltura, rappresentata da Franco Micheli, Damiano Moser e Cristian Iob, è stata sviluppata una metodologia preliminare basata su *deep learning* che consente di ottenere dati relativi al conteggio e alle dimensioni dei frutticini di melo a partire da sem-

plici video. Questo è stato possibile grazie all'impiego di una "telecamera di profondità", un dispositivo comunemente utilizzato nel settore della robotica. Questa tecnologia, basata sull'acquisizione di immagini stereo, permette di calcolare la profondità dell'immagine e quindi di ricavare dati tridimensionali a partire da immagini bidimensionali.

I risultati ottenuti sono promettenti e propongono uno strumento di acquisizione dati che, pur preservando l'affidabilità delle pratiche tradizionali, apre la strada a nuove attività sperimentali, come la valutazione dell'efficacia di fitoregolatori, la stima dell'accrescimento dei frutti e lo sviluppo di modelli predittivi di cascola.

PAROLE CHIAVE: computer vision, rilevamento di insetti, dimensionamento dei frutti, intelligenza artificiale

LISTA SPECIE CITATE: *Scaphoideus titanus*





Migliorare la qualità dei mirtilli mediante una gestione accurata della conservazione in atmosfera controllata



BRIAN FARNETI
MATTEO AJELLI
LARA GIONGO

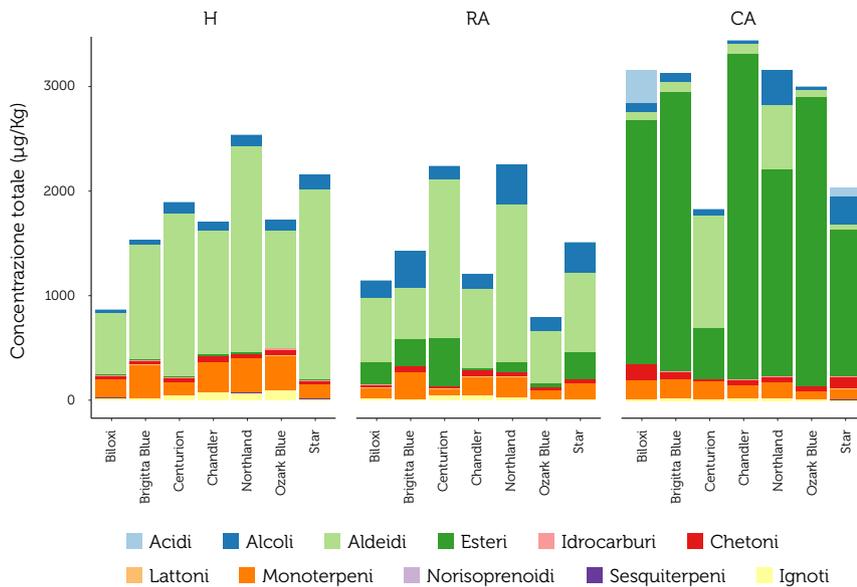
Selezione dei frutti per la prova di conservazione

Questa ricerca esamina l'impatto della conservazione in atmosfera controllata ad alto contenuto di CO₂ (16 kPa) sulla *shelf-life* e la qualità dei frutti di mirtillo (*Vaccinium* spp.), analizzando l'ampia variabilità genetica presente nella collezione di germoplasma della Fondazione Edmund Mach. Lo studio si è focalizzato sugli effetti delle condizioni di conservazione sul profilo dei composti volatili (VOCs), con attenzione alla biosintesi *de novo* degli aromi fruttati (esteri) e alla loro correlazione con i VOCs associati ai processi fermentativi. L'analisi del profilo aromatico è stata condotta mediante due tecniche analitiche complementari: il PTR-ToF-MS (Proton Transfer Reaction - Time of Flight

Mass Spectrometer) e la GC-MS (gascromatografia-spettrometria di massa) con microestrazione in fase solida (SPME).

La ricerca si è articolata in tre esperimenti distinti. Nel primo, sono state analizzate sette cultivar di mirtilli conservati per 42 giorni a 2°C in atmosfera normale e in atmosfera controllata. Il secondo ha coinvolto 39 cultivar per valutare la variabilità genetica in risposta all'atmosfera controllata. Il terzo ha esaminato l'effetto di differenti concentrazioni di ossigeno (1,7 e 12 kPa O₂) su quattro cultivar selezionate.

I risultati hanno evidenziato una significativa variabilità genotipica nei parametri qualitativi, accentuata du-



Cambiamenti nella concentrazione di VOCs, espressa in µg/L di 2-ottanolo, valutati tramite SPME/GC-MS, per ciascuna cultivar di mirtillo ("Biloxi", "Brigitta Blue", "Centurion", "Chandler", "Northland", "Ozark Blue" e "Star") al momento della raccolta ("H") e dopo 42 giorni di conservazione in atmosfera normale ("RA": 2°C, 90% UR, 20,9 kPa O₂ e 0,03 kPa CO₂) e in condizioni di atmosfera controllata ("CA": 2°C, 90% UR, 7 kPa O₂ e 16 kPa CO₂)

rante la conservazione, specialmente in atmosfera modificata. La conservazione in atmosfera controllata ha dimostrato vantaggi significativi rispetto alla sola refrigerazione, limitando il deterioramento della texture e la disidratazione, e migliorando il profilo aromatico. In condizioni di bassa ossigenazione, è stata osservata la sintesi *de novo* di specifici esteri (etil propanoato, etil (2E)-2-butanato, metil isovalerato, etil isovalerato), probabilmente come risposta adattativa allo stress ipossico. In conclusione, la ricerca dimostra che la conservazione in atmosfera controllata non solo prolunga la shelf-life, ma può anche migliorare

la qualità post-raccolta, aumentando quei composti aromatici che conferiscono note fruttate e dolci. Tuttavia, la variabilità delle risposte tra cultivar suggerisce la necessità di protocolli di conservazione personalizzati. Questi risultati forniscono importanti indicazioni per la segmentazione del mercato e il miglioramento genetico del mirtillo, confermando inoltre l'efficacia del PTR-ToF-MS come strumento rapido per la fenotipizzazione aromatica dei frutti. Si ringrazia l'unità Qualità Sensoriale, in particolare Luliia Khomenko, Emanuela Betta e Franco Biasioli, per il supporto nelle analisi biochimiche dei composti volatili.

PAROLE CHIAVE: VOCs, texture, germoplasma
LISTA SPECIE CITATE: *Vaccinium* spp.



Innovazione nel controllo sostenibile di insetti alieni



MARCO VALERIO ROSSI STACCONI
VALERIO MAZZONI

Esemplari adulti di *Ganaspis brasiliensis*
in provetta poco prima del rilascio



Le specie aliene invasive (IAS) sono organismi introdotti al di fuori del loro areale naturale, che danneggiano ambiente, economia e società. Specie come *Drosophila suzukii*, la cimice asiatica (*Halyomorpha halys*) e la cimice delle crocifere (*Bagrada hilaris*) hanno un forte impatto negativo sulle colture agrarie. Per contrastarle, la Fondazione Edmund Mach sviluppa approcci innovativi e sostenibili che combinano manipolazione comportamentale e lotta biologica.

La biotremologia e la chimica ecologica forniscono strumenti avanzati per analizzare i segnali comunicativi e impiegarli per la manipolazione comportamentale degli insetti nocivi. In sinergia col controllo biologico, che si basa sull'utilizzo di nemici naturali specifici, vengono sviluppati metodi più mirati e meno dipendenti dagli agrofarmaci, migliorando la sostenibilità agricola.

Negli ultimi anni, la biotremologia ha aperto nuove strade per il controllo delle IAS: le trappole bimodali per *H. halys* combinano segnali chimici e vibrazionali per aumentare le catture; lo studio dei segnali di accoppiamento di *B. hilaris* consentono di mettere a punto innovative tecniche di interferenza sessuale; le vibrazioni prodotte dalle larve di *D. suzukii* nei frutti, sono state caratterizzate per consentire il rilevamento delle infestazioni in atto. Allo stesso scopo, nell'ambito della chimica ecologica, sono stati studiati i composti volatili usati dai nemici na-

turali di *D. suzukii* per rilevare le larve nei frutti infestati. L'identificazione di tali composti apre la strada a ottimizzare il controllo biologico, sviluppando attrattivi specifici o pianificando rilasci sincronizzati con le fasi di infestazione specifiche.

La FEM ha integrato biotremologia e chimica ecologica, proponendo un nuovo linguaggio scientifico per armonizzare le due discipline. Nel 2024, un articolo sottoscritto dai maggiori esperti dei due settori ha proposto un linguaggio condiviso, con termini come "ferodoni" e "allelodoni" per indicare, rispettivamente, i segnali vibrazionali intra- e interspecifici. Questa standardizzazione terminologica è fondamentale per la comunicazione scientifica e per la successiva normazione e commercializzazione di nuovi prodotti basati su queste tecnologie. Infine, nel controllo biologico, la FEM ha partecipato a due programmi nazionali per il rilascio di nemici naturali non autoctoni. *Trissolcus japonicus*, parassita delle uova di *H. halys*, e *Ganaspis brasiliensis*, parassita delle larve di *D. suzukii*, sono state rilasciate sul territorio trentino e nazionale, rispettivamente dal 2020 e 2021. I risultati hanno mostrato un buon livello di insediamento e diffusione dei nemici naturali, con effetti già visibili nel caso di *T. japonicus*, che ha ridotto la popolazione della cimice asiatica.

Si ringrazia il prof. Gianfranco Anfora (Università di Trento) per la collaborazione.

PAROLE CHIAVE: biotremologia, controllo biologico, protezione delle piante

LISTA SPECIE CITATE: *Drosophila suzukii*, *Halyomorpha halys*, *Bagrada hilaris*



Migliorare la tolleranza alla peronospora della vite con le Tecnologie di Evoluzione Assistita

L'uso di agrofarmaci in viticoltura per il controllo della peronospora sta diventando insostenibile a causa degli elevati costi, dell'impatto sulla salute umana e dei danni ambientali. Pertanto, è necessario sviluppare varietà di viti resistenti, introducendo nel genoma delle viti suscettibili i loci di resistenza derivati da viti selvatiche tramite incrocio, attraverso programmi pluriennali di miglioramento genetico convenzionale (breeding). Tuttavia, questo approccio presenta dei limiti: i patogeni evolvono rapidamente e possono superare i meccanismi di resistenza in tempi relativamente brevi. Inoltre, l'industria vinicola è riluttante a sostituire i vitigni tradizionali con nuove varietà resistenti.

Una promettente alternativa è rappresentata dalle Tecniche di Evoluzione Assistita (TEA), come il *gene editing* con CRISPR/Cas9, che consente di introdurre mutazioni precise e mirate. L'*editing* dei geni di suscettibilità, come i geni *DMR6*, potrebbe portare alla creazione di cloni resistenti durevoli nel tempo, consentendo al contempo il mantenimento dell'identità varietale.

I geni *DMR6* codificano per enzimi implicati nel catabolismo dell'acido salicilico, un regolatore chiave della risposta immunitaria della pianta. Studi recenti hanno dimostrato che l'*editing* dei geni *DMR6* riduce la suscettibilità alla peronospora e ad altre malattie in diverse specie.

Nella vite esistono due geni *DMR6* e tre geni *DMR6-like*; pertanto, è stato necessario analizzare il contributo di ciascun gene alla resistenza e

l'effetto delle mutazioni sul fenotipo della pianta. Nel nostro laboratorio, abbiamo generato viti transgeniche mutate nei geni *DMR6* e *DMR6-like* tramite CRISPR/Cas9. I risultati hanno indicato che solo lo spegnimento simultaneo di due geni *DMR6* è efficace nel ridurre la suscettibilità alla peronospora, aumentando i livelli di acido salicilico endogeno; le mutazioni in uno solo dei due geni non hanno mostrato effetti significativi.

Per valutare l'effettiva efficacia di queste piante nella lotta alla peronospora e verificare l'eventuale comparsa di effetti indesiderati causati dalle mutazioni, sono necessarie ulteriori ricerche, inclusi test in vigneti sperimentali. A questo scopo, stiamo lavorando per produrre, tramite la tecnologia TEA basata su protoplasti, viti di interesse locale più tolleranti alle malattie, ottenendo piante con le mutazioni desiderate ma prive di DNA esogeno.



LISA GIACOMELLI
UMBERTO SALVAGNIN

Viti TEA. Da sinistra a destra: pianta non modificata, pianta con *editing* nel gene *DMR6-1*, pianta con *editing* nel gene *DMR6-2* e pianta con *editing* in entrambi i geni *DMR6-1* e *DMR6-2*



PAROLE CHIAVE: vite, TEA, peronospora

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*, *Plasmopara viticola*





NGT per mitigare lo stress idrico in vite



LORENZA DALLA COSTA
MICKAEL MALNOY

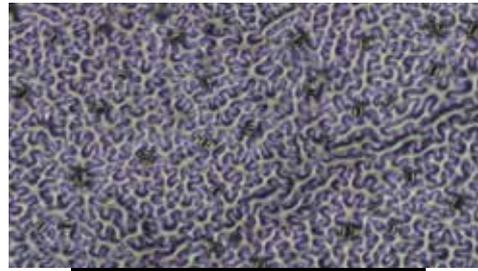
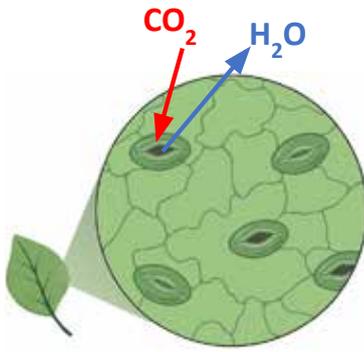
Nel contesto degli attuali cambiamenti climatici, aumentare la resilienza delle piante da frutto alla carenza idrica è essenziale per salvaguardare la qualità dei frutti e la resa produttiva. Per impiegare efficacemente le nuove tecniche genomiche (NGT) per migliorare la tolleranza alla siccità, è fondamentale comprendere i meccanismi molecolari che regolano i caratteri di interesse e identificare i geni chiave coinvolti. Attraverso diversi approcci, due studi di dottorato hanno identificato e caratterizzato funzionalmente potenziali geni candidati per mitigare gli effetti dello stress idrico nella vite.

Nell'ambito del progetto FEM-PhD "Stomalter", co-finanziato dalla FEM e dal gruppo francese Mercier (uno dei maggiori vivaisti viticoli in Europa), Umar Shahbaz ha chiarito il ruolo specifico dei due paraloghi del gene

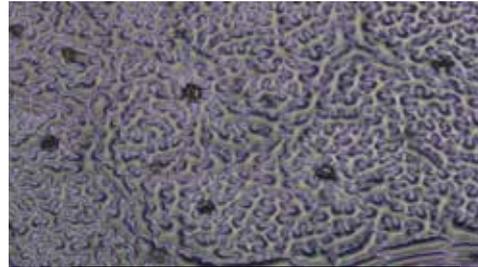
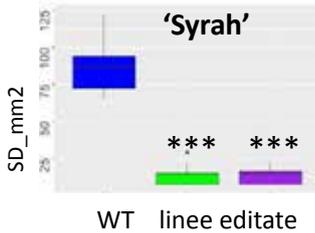
VviEPFL9 nel controllo della formazione degli stomi nella vite. Questo studio ha evidenziato il ruolo principale di *VviEPFL9-2* nella modulazione della densità stomatica nelle foglie mature, dimostrando che una sua riduzione significativa diminuisce la traspirazione e aumenta la tolleranza alla siccità senza compromettere eccessivamente la fotosintesi. Inoltre, le piante editate per *VviEPFL9-2* hanno mostrato un'architettura radicale diversa rispetto alle piante di controllo, suggerendo un coinvolgimento di questo gene non solo nella regolazione degli stomi fogliari, ma anche nello sviluppo del sistema vascolare di radici e fusto.

Nell'ambito di un altro progetto di dottorato, "GrapeSyStress", cofinanziato da FEM e da Concha Y Toro (la più grande azienda produttrice di

Piante in serra e il dottorando
Umar Shahbaz



piante WT



piante editate

A sinistra in alto: rappresentazione schematica degli stomi.

A sinistra in basso: grafico sulla densità stomatica che dimostra come il knock-out del gene *EPFL9-2* nelle piante editate induce una significativa riduzione della densità stomatica.

A destra: immagini di impronte fogliari di pianta WT e pianta editata

.....

vino in Cile), Alvaro Vidal ha sviluppato uno strumento bioinformatico per esplorare ampi set di dati trascrittomici. Lo strumento si basa su una raccolta di dati RNA-seq provenienti da 997 esperimenti e presenti in banche dati pubbliche, che comprendono quattro diversi tessuti (foglia, radice, bacca e germogli), vari livelli di stress idrico e diverse cultivar e portinnesti di vite. L'analisi di questi dati ha evidenziato il gene *Vv/RAFS*, codificante per la raffinosa sintasi (un enzima che sintetizza un noto protettore osmotico, ovvero una sostanza che

aiuta le cellule a mantenere il loro turgore in condizioni di stress idrico), e il fattore di trascrizione che ne regola l'espressione, come promettenti candidati per migliorare la tolleranza alla siccità nella vite.

La caratterizzazione fenotipica e gli esperimenti di stress idrico condotti in serra su piante editate e cisgeniche generate nell'ambito di questi progetti hanno confermato che i geni selezionati rappresentano target promettenti per lo sviluppo, tramite NGT, di varietà di vite e portinnesti resilienti alla carenza idrica.

PAROLE CHIAVE: stress idrico, editing genetico, cisgenesi

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis* spp., *Vitis vinifera*, *Vitis riparia*





Oro verde: il patrimonio di biodiversità viticola conservato presso la Fondazione Edmund Mach

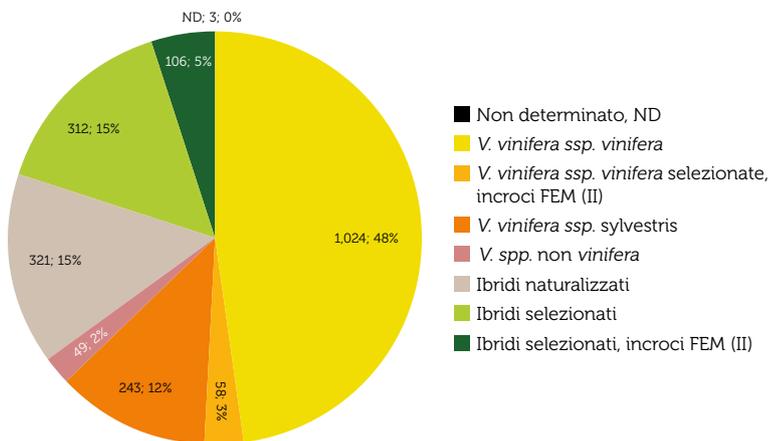


.....
PAOLA BETTINELLI
LAURA COSTANTINI
SILVIA VEZZULLI

Scorcio della collezione di germoplasma della Fondazione Edmund Mach in località Giaroni
.....

Negli ultimi 40 anni, l'unità di Genetica e Miglioramento Genetico della Vite, sotto la guida di Marco Stefanini, si è dedicata alla creazione e alla conservazione di una preziosa collezione di varietà di vite, che oggi conta oltre 3.000 accessioni, mantenute su 4,5 ettari di vigneto. La conservazione di queste varietà è di fondamentale importanza per garantire un futuro sostenibile alla produzione vitivinicola. Con l'aumento delle temperature globali e la comparsa di nuove malattie, la capacità di adattamento delle piante assume un'importanza sempre maggiore. La Fondazione Edmund Mach svolge un ruolo cruciale nel preservare questa diversità genetica, offrendo ai viticoltori l'accesso a varietà resistenti e resilienti.

Questo ricco patrimonio genetico ha permesso alla FEM di ottenere finanziamenti nell'ambito del PNRR per il Centro Nazionale AGRITECH, consentendo la genotipizzazione completa del germoplasma. Attraverso l'utilizzo di nove marcatori microsatelliti universali, riconosciuti dalla comunità scientifica per l'identificazione varietale, sono stati identificati 2.116 profili genetici unici, oltre a 57 varianti somatiche appartenenti a 30 diverse varietà. Tra questi genotipi, sono stati scoperti 928 profili precedentemente sconosciuti, una risorsa unica che arricchisce notevolmente la comunità viticola e valorizza ulteriormente l'impiego nella ricerca e nella conservazione della biodiversità della vite portato avanti fino ad oggi. La collezione include varietà coltivate



Le analisi genetiche hanno permesso di identificare 2.116 profili unici appartenenti alle diverse classi descritte in legenda, nelle proporzioni mostrate dal grafico a torta. *V.* = *Vitis*, genere a cui appartengono le specie di vite; *ssp.* = *subspecies*, subspecies; *spp.* = *species pluralis*, plurale di specie, indica più specie all'interno del genere

.....

comuni e rare, viti selvatiche europee, americane e asiatiche, oltre a un'ampia raccolta di ibridi interspecifici, utilizzati sia come portainnesti sia per l'introgressione di resistenza alle malattie fungine in varietà élite. Un altro risultato significativo del progetto è stato la creazione del database FAIR FEM *Vitis*, sviluppato in collaborazione con l'unità di Biologia Computazionale. Grazie a un accurato lavoro di standardizzazione e digitalizzazione dei dati fenotipici raccolti negli ultimi dieci anni, queste informazioni sono state inserite

nel database, insieme ai dati relativi ai microsatelliti. Questo consentirà, grazie a una seconda fase di genotipizzazione mediante SNP array attualmente in corso, di identificare le determinanti genetiche dei caratteri d'interesse, supportando le scelte del programma di incrocio e aprendo nuove prospettive di ricerca sui meccanismi biologici sottostanti.

Un ringraziamento va alle colleghe Daniela Nicolini e Giulia Betta rispettivamente per il lavoro di produzione dei dati genotipici e di digitalizzazione delle informazioni per il database.

PAROLE CHIAVE: germoplasma, database, vite

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera ssp. vinifera*, *Vitis vinifera ssp. sylvestris*, *Vitis spp. non vinifera*

Simulazioni di modelli di bioeconomia locale per una gestione ottimale degli scarti agro-industriali



DONATO SCRINZI
DANIELA BONA

Circa il 35% degli scarti agro-industriali prodotti in Trentino viene collocato fuori provincia, generando ingenti costi e significative emissioni climalteranti. Una possibile soluzione per ottimizzarne la valorizzazione in loco consiste nell'integrare questi flussi negli impianti agricoli di digestione anaerobica già presenti in molte valli. Questi impianti producono energia rinnovabile da biogas, una miscela costituita di metano e CO₂. Il residuo ottenuto, chiamato digestato, possiede ottime proprietà fertilizzanti e si caratterizza per un ridotto impatto odorigeno e minori emissioni di gas serra al momento dell'impiego agronomico. La co-digestione degli scarti agro-industriali con effluenti zootecnici può avere molti benefici sia in termini energetici che agronomici, ma presuppone una conoscenza approfondita del comportamento delle diverse matrici

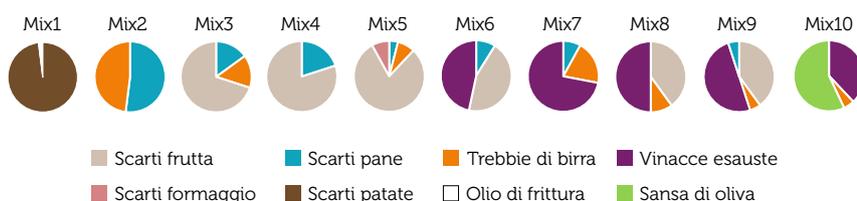
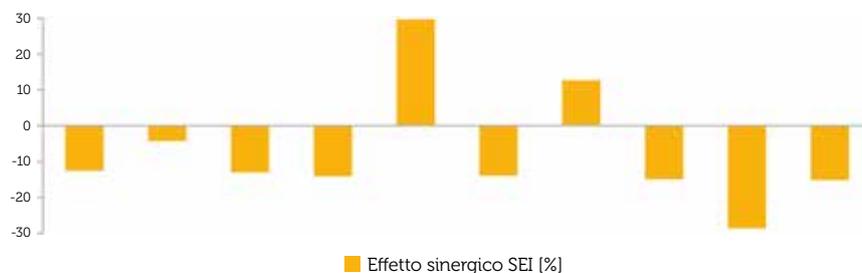
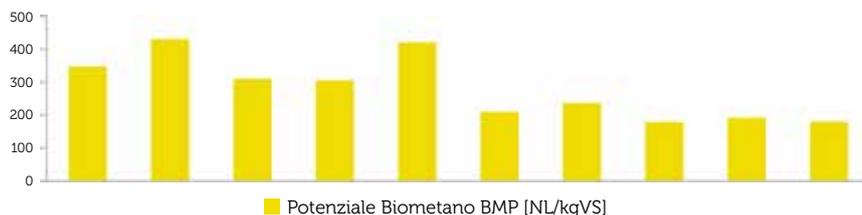
organiche, sia da sole che in miscela tra loro.

Per questo motivo, le principali tipologie di scarti agro-industriali sono state caratterizzate e miscelate in diverse proporzioni, ricalcando i quantitativi rappresentativi di alcune realtà locali, sulla base di quanto emerso dagli studi precedenti, con il supporto di APRIE (Agenzia Provinciale per le Risorse Idriche e l'Energia). Scarti di lavorazione della frutta, della birra, delle patate, dell'industria casearia, della panificazione, della vinificazione e distillazione sono le matrici testate in prove di biometanazione per migliorare le stime di produzione di biogas in co-digestione con reflui zootecnici.

La produzione specifica di biometano di queste biomasse è interessante (compresa tra 270 e 850 NL/kgVS, dove NL sta per Normal Liters e kgVS per chilogrammo di sostan-



Strumentazione di laboratorio utilizzata per le prove di biometanazione (Gas Endeavour, BPC Instruments)



Produzione specifica di biometano ed effetto sinergico delle miscele di scarti testate

za volatile, contro circa 170 NL/kgVS del liquame), tuttavia, essa è influenzata dalla tipologia e dalle percentuali relative di biomasse che vengono miscelate; questo effetto, che si esprime come “effetto sinergico” (un effetto combinato maggiore della somma degli effetti individuali) visibile nel grafico, è importante per poter pianificare rese ed efficienza degli impianti in co-digestione.

Questi risultati costituiscono una base di informazioni utili per futuri studi di fattibilità; inoltre, all’interno del progetto PNRR-INEST, hanno per-

messo di modellare scenari di produzione di biometano in cui i flussi di scarti vengono trattati in impianti locali in codigestione con liquami zootecnici, in alternativa al conferimento fuori provincia. Le stime vedono così incrementata la produzione di metano anche del 62%, favorendo inoltre il recupero di azoto e fosforo che potrebbero sostituire fino al 12% dei fertilizzanti di sintesi oggi impiegati nel territorio provinciale (dati ISTAT 2022) e contribuendo a evitare fino al 96% di emissioni col mancato trasporto fuori provincia.

PAROLE CHIAVE: bioeconomia, agroalimentare, digestione anaerobica





Studio della funzione dei geni e uso delle TEA per la viticoltura di domani



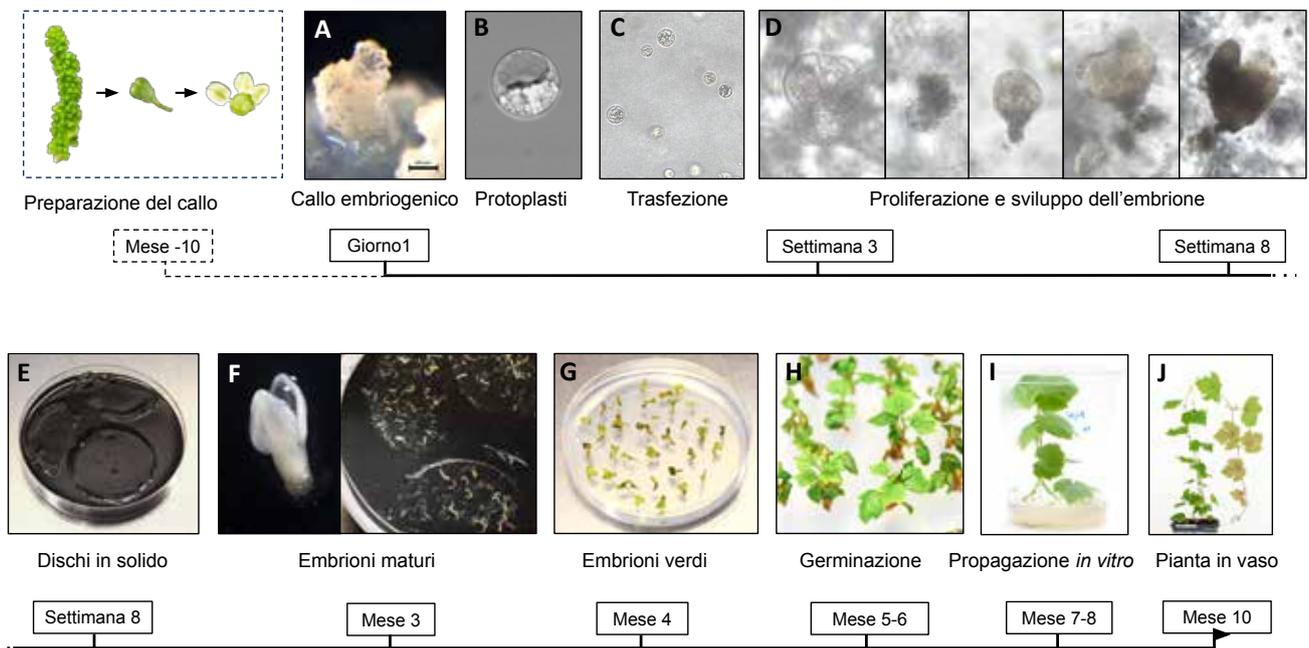
.....
UMBERTO SALVAGNIN
LISA GIACOMELLI
LORENZA DALLA COSTA

Propagazione *in vitro* di piante di vite rigenerate da singola cellula e contenenti le mutazioni desiderate
.....

Le nuove Tecnologie di Evoluzione Assistita (TEA), tra cui l'editing genetico con CRISPR/Cas, offrono nuove e promettenti opportunità per il miglioramento genetico di piante di interesse agronomico. In viticoltura, queste tecnologie si sono rivelate preziose sia per la validazione della funzione genica sia per lo sviluppo di viti resilienti, contribuendo a una viticoltura più sostenibile e capace di affrontare le sfide poste dal cambiamento climatico e dai nuovi parassiti. Le TEA mimano i meccanismi naturali che generano variabilità genetica, inducendo piccole mutazioni mirate nel genoma delle viti coltivate. Tuttavia, a differenza dei processi naturali, l'applicazione delle TEA consente ai ricercatori di modificare il genoma della pianta con precisione e in modo mirato.

Il primo passo per il miglioramento genetico della vite mediante editing genomico consiste nell'identificare geni con un ruolo chiave nella regolazione di specifici caratteri di interesse agronomico. Nei nostri laboratori, queste tecniche sono state impiegate, ad esempio, per studiare la funzione del gene *EPFL9*. È stato dimostrato che la sua inattivazione (*silencing*) riduce significativamente la densità stomatica e la traspirazione fogliare, senza impatti significativi sulla fotosintesi, conferendo alle piante maggiore resilienza in condizioni di stress idrico.

Un altro esempio riguarda la famiglia genica delle pectinmetilesterasi (*PME*), i cui membri sono coinvolti nella modificazione della parete cellulare. Studi condotti presso la Fondazione Edmund Mach da Jorge Lagreze e



Giulia Malacarne hanno dimostrato che l'aumento dell'espressione di *Vv-PME10*, significativamente indotto dalla presenza di *Botrytis cinerea* nell'acino maturo, incrementa la resistenza della vite al patogeno fungino.

Una volta validata la funzione dei geni candidati, le tecnologie di editing genomico più avanzate diventano un potente strumento per modificare varietà di interesse, rendendole, in base ai criteri definiti dalla proposta di legge europea sulle TEA, potenzialmente equivalenti alle controparti convenzionali. A tal fine, nei nostri laboratori è

stato sviluppato un protocollo di editing genomico che permette di veicolare il sistema di editing CRISPR/Cas9 sotto forma di complesso ribonucleoproteico, evitando l'impiego di DNA esogeno, in protoplasti (cellule di vite private della parete cellulare) da cui è possibile rigenerare la pianta intera. I ricercatori della FEM stanno applicando queste tecnologie all'avanguardia per incrementare la resistenza a malattie (come oidio e peronospora) o la tolleranza a stress ambientali (come lo stress idrico) in varietà di vite di interesse nazionale e locale.

Schema del processo di uso delle TEA da protoplasto in vite per studi di funzione genica

PAROLE CHIAVE: vite, TEA, sostenibilità

LISTA SPECIE CITATE: *Vitis vinifera*, *Erysiphe necator*, *Plasmopara viticola*, *Botrytis cinerea*





Valorizzazione dei residui di trasformazione della mela: opportunità per un'economia circolare della filiera



SARA BERTOLINI
SILVIA SILVESTRI

Campioni di terreno in cella climatica

In un contesto globale sempre più orientato verso la circolarità e la transizione ecologica, l'agricoltura assume un ruolo chiave, grazie al suo stretto legame con il territorio e alla capacità di sviluppare filiere produttive integrate a livello locale. Proprio in quest'ottica si inserisce il progetto "SMS Green-Bioeconomia circolare: sostenibilità melo-suolo", avviato nel settembre 2022, con l'obiettivo di chiudere il cerchio della filiera frutticola trentina attraverso il recupero e la valorizzazione del "marcomele", il residuo organico derivante dalla trasformazione industriale delle mele. Il marcomele, che rappresenta circa il 20-30% del peso del frutto fresco, possiede caratteristiche chimico-fisi-

che che lo rendono particolarmente adatto a una valorizzazione "a cascata" attraverso diversi processi tecnologici. In particolare, il suo contenuto di solidi totali (circa il 28%, di cui il 98% volatili), la presenza di cellulosa ed emicellulosa (circa il 47% delle fibre totali) e la produzione specifica di metano (314 Nm³/kgSV) lo rendono idoneo a trattamenti biologici come il compostaggio e la digestione anaerobica, ma anche a processi termochimici, come la conversione idrotermica, testata dal Green Processes Engineering Group dell'Università di Trento per ottenere un prodotto ad alto contenuto di carbonio. Attraverso questi processi sono stati ottenuti quattro ammendan-

ti: compost, digestato, hydrochar e hydrochar co-compostato. Sono attualmente in corso test di caratterizzazione per valutarne le proprietà agro-ambientali e definire utilizzi efficaci ed efficienti per la gestione della fertilità dei frutteti trentini. I processi testati si sono dimostrati strategie valide per ridurre i notevoli volumi di questo sottoprodotto. La co-digestione, in particolare, permette di ottenere significativi livelli di produzione di biogas. Un aspetto cruciale è il recupero di questa risorsa, attualmente delocalizzata fuori provincia, in impianti di digestione anaerobica presenti sul territorio, evitando così elevati costi di trasporto e favorendone la valorizzazione a breve distanza.

L'impiego in agricoltura di digestato, compost e co-compost può contribuire significativamente al miglioramento della gestione della sostanza organica del suolo nei frutteti di montagna, promuovendo una filiera



Il progetto "SMS Green" in sintesi

locale preziosa e sostenibile, in linea con le più recenti politiche europee in materia di economia circolare e sostenibilità. Le sperimentazioni in corso studiano gli effetti degli ammendanti sulle comunità microbiche del suolo e sulla dinamica dei nutrienti, con l'obiettivo di comprendere appieno i benefici di questi fertilizzanti di recupero, che si propongono come validi sostituti dei fertilizzanti di sintesi, riducendo l'impatto ambientale dell'agricoltura.

A sinistra la biomassa oggetto di sperimentazione (marcomele) e a destra un cumulo di compostaggio (uno dei processi testati)



PAROLE CHIAVE: bioeconomia, residui trasformazione, ammendanti

LISTA SPECIE CITATE: *Malus x domestica*



Valutazione multi-omica della diversità fenotipica all'interno delle collezioni di germoplasma dei piccoli frutti



BRIAN FARNETI
MARTA DEGASPERI
LARA GIONGO

Analisi non distruttiva dei composti volatili dei frutti

Questa ricerca si concentra sulla caratterizzazione degli attributi qualitativi e nutraceutici delle risorse genetiche di due importanti piccoli frutti: mirtillo e lampone. L'obiettivo principale è duplice: acquisire un profilo metabolomico dettagliato per futuri studi di associazione genica e identificare i genotipi ottimali da impiegare come parentali nei futuri programmi di breeding (miglioramento genetico). Nello studio effettuato sul lampone (*Rubus idaeus*), ci siamo focalizzati sull'impatto dei processi di maturazione e conservazione sulla composizione dei composti organici volatili (VOC). La caratterizzazione completa del profilo aromatico è stata realizzata mediante due tecniche analiti-

che complementari: il PTR-ToF-MS (Proton Transfer Reaction - Time of Flight - Mass Spectrometer) e la GC-MS (gascromatografia-spettrometria di massa) con microestrazione in fase solida (SPME).

I risultati hanno evidenziato un'elevata variabilità qualitativa all'interno della collezione di germoplasma, permettendo l'identificazione di cultivar promettenti per il miglioramento genetico delle caratteristiche organolettiche del frutto. Un dato particolarmente rilevante emerge riguardo alla pratica commerciale della raccolta a maturazione precoce del frutto: questa tecnica, sebbene favorisca la conservabilità, compromette irreversibilmente il profilo aromatico del frutto, con una

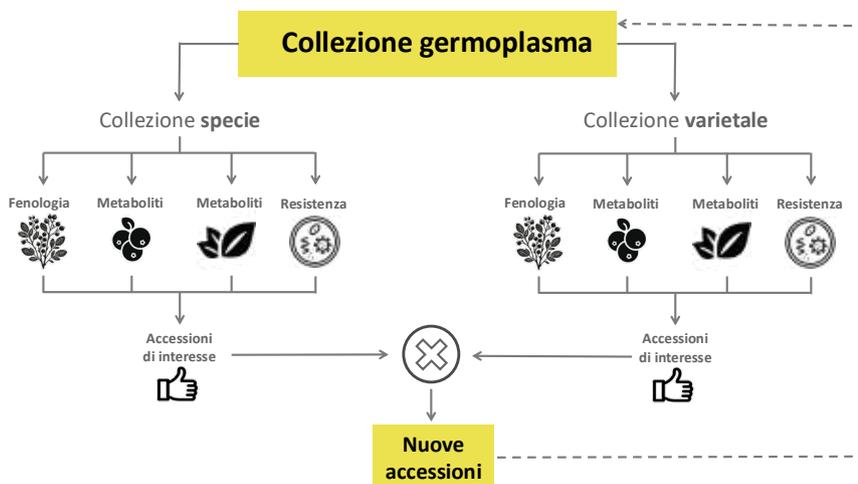


Illustrazione schematica del processo di valutazione fenologica e multiomica utilizzato per identificare e generare nuova variabilità genetica nella collezione di germoplasma di mirtillo

significativa riduzione del contenuto di monoterpeni e norisoprenoidi, due classi di composti volatili fondamentali per la caratterizzazione del profilo aromatico del lampone.

Per quanto concerne il mirtillo (*Vaccinium* spp.), sono state analizzate 77 cultivar rappresentative della variabilità genetica della collezione. Lo studio ha comportato un'analisi sistematica dei metaboliti primari, secondari e dei VOC, sia nelle foglie che nei frutti, valutati al momento della raccolta e dopo la conservazione a freddo. La caratterizzazione metabolomica ha utilizzato tecniche analitiche all'avanguardia: PTR-ToF-

MS e GC-MS per i VOC, UPLC-MS/MS per polifenoli e lipidi, e spettroscopia NMR per i metaboliti primari. Questo approccio integrato ha generato un dataset metabolomico completo, che a nostro avviso sarà fondamentale per ottimizzare i futuri programmi di breeding mirati sia al miglioramento delle qualità organolettiche che all'incremento della resilienza agli stress abiotici e biotici.

Si ringraziano Luliia Khomenko (unità di Qualità sensoriale), Domenico Masuero (unità di Metabolomica) e Pavel Solovyev (unità di Tracciabilità) per il supporto nelle analisi biochimiche dei frutti.

PAROLE CHIAVE: metaboliti primari, metaboliti secondari, VOCs

LISTA SPECIE CITATE: *Rubus idaeus*, *Vaccinium* spp.





Verso un'agricoltura più sostenibile: indagare il meccanismo d'azione di un fungicida innovativo



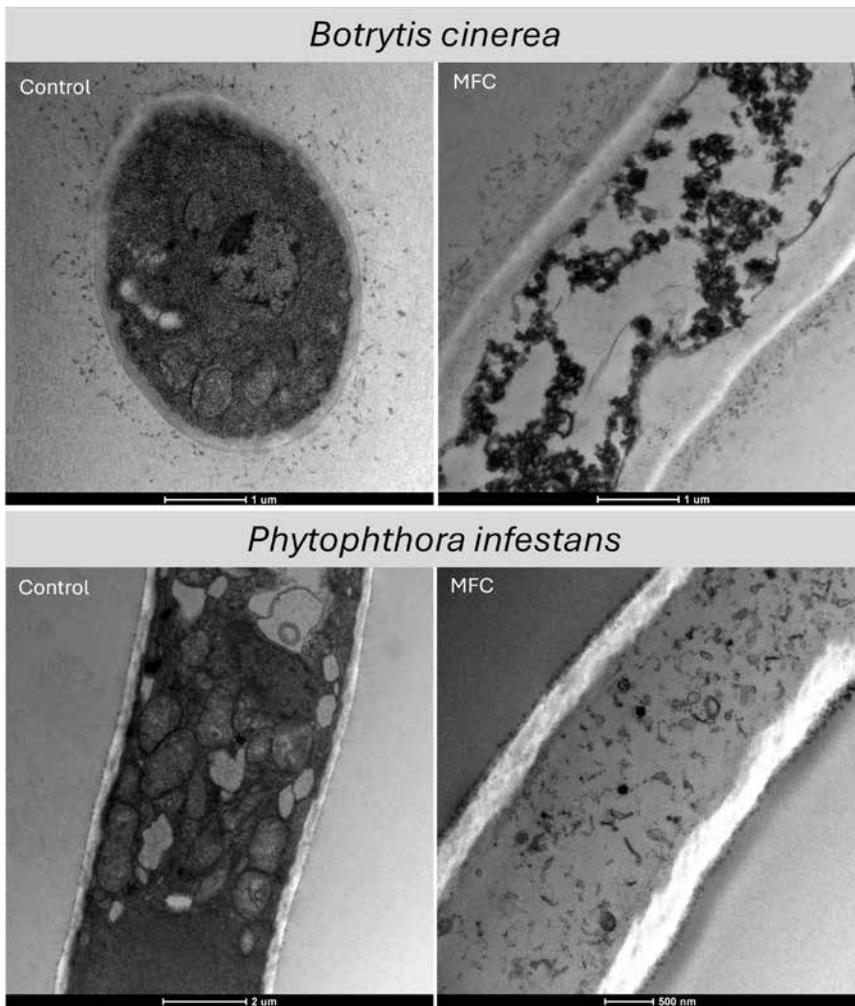
.....
SOFIA MONTANARI
CLAUDIA MARIA OLIVEIRA LONGA

L'uso di agrofarmaci tradizionali per il controllo delle malattie delle piante spesso comporta rischi per la salute umana e per l'ambiente. Di conseguenza, la ricerca si sta concentrando sullo sviluppo di soluzioni alternative più sostenibili. Nuovi fungicidi a base di sostanze naturali stanno emergendo come valide alternative agli agrofarmaci. Tuttavia, per sfruttare appieno il potenziale di questi nuovi prodotti, è fondamentale comprenderne i meccanismi d'azione, al fine di ottimizzare l'efficacia dei trattamenti, ridurre l'uso eccessivo di sostanze chimiche e garantire una protezione sicura per l'ambiente e la salute umana.

Un esempio di fungicida in fase di sviluppo è TEMAP (brevetto BE1026779B), sviluppato in collaborazione con BI-PA,

una PMI belga che sviluppa soluzioni innovative per la protezione delle colture. Questo fungicida è a base di colin pelargonato (CP), una molecola derivata dall'acido pelargonico neutralizzato con colina. Il CP non mostra fitotossicità sulle piante ma ha un'efficace attività fungicida. Per studiare il meccanismo d'azione di questo nuovo principio attivo, sono stati progettati esperimenti mirati a valutarne l'efficacia nelle diverse fasi del ciclo di vita di due patogeni: *Botrytis cinerea* e *Phytophthora infestans*. In particolare, sono stati esaminati due aspetti cruciali: la crescita del micelio e la germinazione delle spore. L'esperimento sulla crescita del micelio ha valutato come il CP influenzi la proliferazione del patogeno durante la fase attiva di sviluppo,

Foglia colpita dalla peronospora della vite
.....



Effetto del colin pelargonato sull'ultrastruttura di *Botrytis cinerea* e *Phytophthora infestans*, con evidenti danni alle cellule

mentre l'analisi della germinazione delle spore ha permesso di verificare l'efficacia nel bloccare la diffusione del patogeno.

A questi esperimenti sono seguite indagini più approfondite per analizzare il danno cellulare indotto dal CP. È stato studiato il rilascio di elettroliti, un indicatore di danno alla membrana plasmatica, e sono stati utilizzati strumenti di microscopia elettronica per osservare eventuali cambiamenti morfologici nelle cellule trattate, come plasmolisi (il distacco del protoplasto dalla parete cellulare) o vacuolizzazione (la formazione di vacuoli all'interno della cellula). Inoltre, per comprendere come il CP modifichi la struttura delle membrane cellulari, è stata impiegata la spettroscopia NMR

(risonanza magnetica nucleare) per analizzare i cambiamenti nella composizione lipidica delle membrane. Questi esperimenti hanno lo scopo di esplorare a fondo il meccanismo d'azione del CP, e di determinare se esistano differenze nelle risposte dei funghi rispetto agli oomiceti (un gruppo di microrganismi simili ai funghi), al fine di ottimizzare l'efficacia del fungicida.

I risultati ottenuti permetteranno di impiegare il CP in modo mirato ed efficiente, favorendo pratiche agricole sostenibili che proteggano l'ambiente e la salute umana, riducendo al contempo la dipendenza dagli agrofarmaci.

Si ringrazia il prof. Michele Perazzolli (Università di Trento) per la collaborazione.

PAROLE CHIAVE: colin pelargonato, biofungicida, fitopatogeni

LISTA SPECIE CITATE: *Botrytis cinerea*, *Phytophthora infestans*, *Vitis vinifera*

LISTE SPECIE

<i>Aedes albopictus</i>	48	<i>Viburnum lantana</i>	44
<i>Aedes japonicus</i>	48	<i>Vitis riparia</i>	114
<i>Aedes koreicus</i>	48	<i>Vitis</i> spp.	114
<i>Apodemus</i> spp.	34	<i>Vitis</i> spp. <i>non vinifera</i>	116
<i>Bagrada hilaris</i>	112	<i>Vitis vinifera</i>	64, 72, 80, 86, 96, 102, 113, 114, 120, 126
<i>Botrytis cinerea</i>	96, 120, 126	<i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i>	116
<i>Candidatus Phytoplasma mali</i>	104	<i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>vinifera</i>	116
<i>Canis lupus</i>	24, 50	<i>Zea mays indurata</i>	68
<i>Capreolus capreolus</i>	24		
<i>Castanea sativa</i>	64, 84		
<i>Cervus elaphus</i>	24, 34		
<i>Chenopodium quinoa</i>	84		
<i>Conocephalum conicum</i>	30		
<i>Copernicia prunifera</i>	26		
<i>Corylus avellana</i>	64		
Cupressaceae	52		
Cyperaceae	32		
<i>Drosophila suzukii</i>	112		
<i>Erwinia amylovora</i>	94		
<i>Erysiphe necator</i>	120		
<i>Fagus sylvatica</i>	38, 44		
<i>Halyomorpha halys</i>	112		
<i>Homo sapiens</i>	82, 91		
<i>Ixodes ricinus</i>	28, 34, 38		
<i>Juglans nigra</i>	64		
<i>Lactobacillus casei</i>	84		
<i>Lavandula angustifolia</i>	88		
<i>Lavandula intermedia</i>	88		
<i>Malus sylvestris</i>	100		
<i>Malus x domestica</i>	42, 60, 70, 94, 98, 100 104, 106, 122		
<i>Marchantia polymorpha</i>	30, 55		
<i>Medicago truncatula</i>	42		
<i>Oryza sativa</i>	76		
<i>Ostrya carpinifolia</i>	38, 52		
<i>Phytophthora infestans</i>	126		
Pinaceae	32		
<i>Plantago lanceolata</i>	54		
<i>Plasmopara viticola</i>	113, 120		
Poaceae	32		
<i>Pyrus communis</i>	70		
<i>Rana temporaria</i>	40		
<i>Rubus idaeus</i>	124		
<i>Rupicapra rupicapra</i>	24		
<i>Scaphoideus titanus</i>	108		
Urticaceae	52		
<i>Vaccinium</i> spp.	62, 110, 124		
<i>Venturia inaequalis</i>	94		

INDICE PAROLE CHIAVE

abitudini alimentari	90	epatiche	30
acque alpine	46	fauna selvatica	50
adolescenti	90	fenologia	36
aerobiologia	32	fitopatogeni	126
agroalimentare	118	foreste	36, 44
alimenti funzionali	78	geni duplicati	42
ambiente alpino	32	genoma	60
ammendanti	122	genotipizzazione	64
anfibi	40	germoplasma	110, 116
aplotipi	60	glicosidi	80
aroma	80	'Golden Delicious'	60
arsenico	55	ibrido	70
bevande fermentate	78, 84	insetti acquatici	58
biodiversità	32, 46, 100	intelligenza artificiale	108
bioeconomia	118, 122	IRMS	88
biofungicida	126	isoprene	26
biotremologia	112	laghi montani	22
breeding	64, 100	LEAPH	104
briofite	55	lipidomica	86
cambiamento climatico	34, 36, 58, 102	mais vitreo	68
castagne	84	mappe di associazione	64
cinetiche	72	marcatori molecolari	30, 54
cisgenesi	114	melo	70
CO ₂	22	metaboliti primari	124
colin pelargonato	126	metaboliti secondari	124
colpo di fuoco	94	metabolomica	76
composti naturali	70	metalli pesanti	42
computer vision	108	metalloidi	42
consumatore	74	metil salicilato	80
controllo biologico	112	microbioma delle piante	62
<i>Crop Wild Relatives (CWR)</i>	100	microbiota intestinale	50, 82
cuticola	96	microbiota umano	91
danni da freddo	98	miglioramento genetico della vite	102
data di scadenza	74	modelli statistici	28
database	116	monitoraggio	44, 48
detossificazione	40, 55	multidisciplinarietà	46
dieta	50	muschi	30
dieta psicobiotica	91	oli essenziali di lavanda	88
digestione anaerobica	118	<i>One Health</i>	28, 34
dimensionamento dei frutti	108	ossigeno	22
dinamica ospite-vettore-patogeno	34	ozono troposferico	44
diversità genetica	40	parete cellulare	96
DNA ambientale	40	pero	70
editing genetico	94, 114	peronospora	113
educazione alimentare	90	piantaggine	54
effetti antropici	24	polenta	68
effettori	104	polline	38, 52
encefalite da zecca	28, 38	post-raccolta	98

praterie	36
prebiotici	82
prodotti erboristici	54
protezione delle piante	112
quinoa	84
relazioni interspecifiche	24
residui di trasformazione	122
resistenza	102
rilevamento di insetti	108
riscaldamento superficiale	98
rischio di estinzione	30
riso biologico	76
salute mentale	91
salute pubblica	38
scopazzi del melo	104
sintomi fogliari visibili	44
sistemi di allevamento mele	106
sistemi di coltivazione	76
SNPs	64
sostenibilità	106, 120
spettrometria di massa	86
sprecare alimentare	74
stabilità ecologica	58
stress biotici ed abiotici	96
stress idrico	26, 114
TEA	113, 120
temperatura	52
terpenoidi	72
<i>texture</i>	110
ticchiolatura	94
trend temporali	52
Trentino	48
uva	86
valutazione del ciclo di vita (LCA)	106
vino	72
vite	113, 116, 120
VOCs	26, 78, 82, 88, 110, 124
volatiloma	68
zanzare aliene invasive	48

