

● PATTO TRA RICERCATORI E VITICOLTORI PER PROTEGGERE I GENI DI RESISTENZA

Viti resistenti alle malattie: percorso che deve continuare

La creazione di viti resistenti da incrocio, e più recentemente da editing genetico, è un percorso lungo e difficile destinato a non concludersi nel tempo a seguito del continuo adattamento del patogeno. Per questo i viticoltori devono acquisire le necessarie conoscenze per gestire in modo consapevole la difesa e mantenere l'efficacia delle resistenze incorporate in queste varietà

di **R. Testolin, E. Peterlunger, M. Morgante**

Quanto resistono le varietà resistenti? Se lo chiedono i viticoltori dopo due annate difficili dal punto di vista climatico e fitosanitario. Per rispondere occorre ribadire quanto ricercatori, tecnici e vivaisti vanno dicendo da tempo: le viti presenti sul mercato in questo momento sono resistenti a peronospora, alcune, non tutte, a oidio, mentre non sono per niente resistenti ad altre malattie, che nella viticoltura tradizionale vengono coperte dai trattamenti contro la peronospora, come il black rot.

Ci auguriamo veramente che i viticoltori comprendano come la creazione di viti resistenti sia un processo lungo e difficile, che può intraprendere strade diverse con il progresso della scienza ed è destinato a non concludersi nel tempo, perché pianta e patogeno sono destinati a una lotta senza quartiere, entrambi con l'obiettivo di sopravvivere, come ricorda Darwin parlando dell'adattamento degli esseri viventi al mutare del contesto in cui vivono. Ed ecco allora il primo messaggio importante per i viticoltori: **le varietà di vite resistenti licenziate in questi anni non sono resistenti a tutto e potrebbero non essere resistenti per sempre.**

La lettura del testo che segue servirà a comprendere la complessità del problema e l'importanza che i viticoltori acquisiscano le conoscenze necessarie per gestire in modo consapevole la difesa delle varietà resistenti e per mantenere l'efficacia delle resistenze incorporate in queste varietà.

Dagli ibridi produttori diretti...

Con l'arrivo in Europa delle crittogame portate dal Nuovo Mondo (peronospora, oidio e black rot) è iniziata una frenetica attività di ricerca di resistenze nelle viti americane e uno spettacolare programma di **incroci, condotto nelle Americhe prima e in Europa poi,**

per inserire questi geni di resistenza nelle viti europee. Hanno così avuto origine i cosiddetti ibridi franco-americani, raccontati molto bene da Luigi Bavaresco in numerose pubblicazioni (Bavaresco e Squeri, 2022).

La particolarità di questi ibridi è di essere il prodotto di una prima generazione di incrocio – una F1 direbbe un genetista – quindi con caratteristiche intermedie tra le viti europee e le viti americane utilizzate come genitori portatori di resistenza.

Si tratta di materiali che hanno permesso ai contadini europei del tempo di continuare a contare sul vino. Tuttavia, si tratta di varietà di vite di qualità scadente, bandite a un certo punto dalle amministrazioni dei vari Paesi europei, con l'intento di salvaguardare il patrimonio viticolo europeo.

...ai reincroci su vinifera

La scarsa qualità dei vini ottenuti con gli ibridi produttori diretti, stimola i ricercatori a mettere in atto una serie di programmi di **reincrocio degli ibridi su vinifera per migliorare la qualità delle uve mantenendo le caratteristiche di resistenza.** I programmi, condotti fuori dai riflettori per oltre un secolo in vari Paesi soprattutto del Centro e dell'Est Europa (Germania, ex-Jugoslavia ora Serbia, Ungheria, ex Cecoslovacchia ora Repubblica Ceca e Slovacchia, Moldavia, Ucraina ecc.) hanno portato alla costituzione di varietà e selezioni, che definiremmo qui, di seconda generazione, caratterizzate da una sempre migliore qualità delle uve e dei vini prodotti, tanto che alcune entrano nella coltivazione di uva da vino in alcuni Paesi. Ricordiamo tra le varietà a bacca bianca Merzling, un incrocio ottenuto nel 1960 da Zimmermann a Friburgo (Germania), Bianca la varietà ottenuta da



Viti resistenti a peronospora messe a dimora e lasciate sul terreno per tutta la stagione, prive di qualsiasi trattamento. È una situazione che non si dovrebbe mai vedere e la lettura di questo articolo dovrebbe aiutare a comprenderne le ragioni



Foto 1 Bacò noir (Bacò n. 1), ibrido franco-americano di prima generazione ottenuto negli Stati Uniti da un incrocio Folle blanche x *V. riparia* nel 1902 e divenuto popolare in Europa all'inizio del secolo scorso. Con Isabella (o Fragolino), Noah e Clinton ha rappresentato una importante fonte energetica e di reddito per i contadini europei nella prima metà del secolo scorso

J. Cszmazia e L. Bereznai in Ungheria nel 1963 dopo cinque generazioni di reinincrocio su *vinifera* e diffusa nei Paesi dell'Est Europa su alcune migliaia di ettari, Petra un incrocio del 1991 del gruppo di P. Cindrić dell'Università di Novi Sad (Serbia) e così via.

Tra le varietà a bacca rossa, ricordiamo Saperavi Severnyi ottenuta in Russia da Potapenko e collaboratori nel 1947, Rondo ottenuta nel 1964 da H. Becker dell'Università di Geisenheim, Regent ottenuta nel 1967 da G. Alleweldt del JKI di Geilweilerhof (Germania) e diffuso in Germania e altri Paesi del Centro Europa. Potremmo continuare con altre varietà, figlie, nell'ultima generazione, di Cabernet Sauvignon, Merlot, vari Pinot, Glera, Riesling, Traminer, Grenache, che hanno trovato qualche diffusione in Europa (Torregrosa et al., 2024).

Il tallone d'Achille di queste varietà sta nel fatto che la peronospora è controllata da un unico gene di resistenza. Ora, peronospora e oidio – ma vale per tutti i patogeni fungini che colpiscono le piante coltivate – mutano in continuazione dando origine a nuovi ceppi e a volte succede che mutino al gene di avirulenza che permette alla pianta ospite di riconoscere il patogeno (Cadle-Davidson et al., 2011, Gessler et al., 2011). **Il risultato è il superamento della resistenza da parte di quel determinato**

TABELLA 1 - Geni di resistenza a peronospora e oidio per i quali sono stati segnalati fenomeni di superamento da parte di ceppi del patogeno

Gene	Patogeno	Aree in cui il fenomeno è stato segnalato	Fonte
Rpv3	Peronospora	Isolati di peronospora raccolti nel Sud della Germania e in Svizzera. Testati in laboratorio varietà R e non R	Kast et al., 2000
		Repubblica Ceca, area di Lednice. Osservazioni di campo e test di laboratorio	Peressotti et al., 2010
		Svizzera, Soyhieres, in un vigneto in cui sono stati eseguiti trattamenti fitosanitari inadeguati negli ultimi 3 decenni	Wingerter et al., 2021
Rpv10	Peronospora	Germania	Paineau et al., 2022
Rpv12	Peronospora	Ungheria	Paineau et al., 2022
		Svizzera, Soyhieres, in un vigneto in cui sono stati eseguiti trattamenti fitosanitari inadeguati negli ultimi 3 decenni	Wingerter et al., 2021
Run1	Oidio	New York e regioni Sud-orientali degli Stati Uniti, dove l'oidio è originario	Feechan et al., 2015

ceppo fungino (Dussert et al., 2019). Un esempio molto noto in letteratura è il superamento della resistenza di Bianca, varietà resistente a peronospora e portante il gene *rpv3.1*, avvenuto nella Repubblica Ceca: un fenomeno descritto già da una quindicina di anni (Peressotti et al., 2010). Un altro gene di resistenza superato, per ora solamente negli Stati Uniti, è *run1* (Feechan et al., 2015), mentre arrivano le prime segnalazioni del superamento della resistenza dei geni *rpv10* ed *rpv12* da parte di alcuni ceppi di peronospora in varie parti d'Europa (Kast et al., 2000; Wingerter et al., 2021; Paineau et al., 2022). Allora, che fare?

Alcuni geni di resistenza (tabella 1) a peronospora sono utilizzati da più di 100 anni e per ora apparentemente non sono stati superati dal patogeno, ma è solo una questione di tempo. **Se la scienza non ci mostrerà altre strade, dovremo imparare a gestire ondate epidemiche di ceppi virulenti che potranno in condizioni particolari svilupparsi su varietà altrimenti resistenti, siano esse varietà che portano una sola resistenza di tipo monogenico o varietà che portano due o più resistenze monogeniche combinate** ma che comunque non impediscono totalmente al patogeno di completare il suo ciclo vitale e di riprodursi.



Foto 2 Rondo (a sinistra) è una varietà di vite a bacca nera, ottenuta per incrocio controllato nel 1964 che presenta tratti piuttosto vicini a *vinifera*, ma porta un solo gene di resistenza a peronospora (*rpv10*). Bianca (a destra) è una varietà ottenuta nel 1963 dopo cinque generazioni di reinincrocio su *vinifera* e diffusa nei Paesi dell'Est Europa su alcune migliaia di ettari. Porta il gene di resistenza a peronospora *rpv3*

TABELLA 2 - Varietà di uva da vino con almeno due geni di resistenza a peronospora e un gene di resistenza a oidio ⁽¹⁾

Cultivar	Anno	Paese di origine	Geni R a peronospora	Geni R a oidio
A bacca bianca				
Seyval blanc	n.r.	Francia	<i>rpv3.2, rpv3.3</i>	<i>ren3, ren9</i>
Calardis blanc	2000	Germania	<i>rpv3.1, rpv3.2</i>	<i>ren3, ren9</i>
Bronner ⁽²⁾	2009	Germania	<i>rpv3, rpv10</i>	<i>ren3</i>
Floreal	2018	Francia	<i>rpv1, rpv3</i>	<i>run1, ren3</i>
Sauvignac	2018	Svizzera	<i>rpv3.1, rpv12</i>	<i>ren3, ren9</i>
Voltis	2018	Francia	<i>rpv1, rpv3</i>	<i>run1, ren3</i>
Pinot iskra ⁽²⁾	2020	Italia	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>ren3, run1</i>
Selenor	2021	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Opalor	2022	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Resilia	2023	Italia	<i>rpv1, rpv3, rpv12</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Exelys	2024	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Pàlma ⁽²⁾	n.r.	Ungheria	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1</i>
A bacca rosata				
Trasemis	2022	Italia	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
A bacca nera				
Monarch	2004	Germania	<i>rpv3.3, rpv10</i>	<i>ren3, ren9</i>
Prior ⁽²⁾	2004	Germania	<i>rpv3.1, rpv3.3</i>	<i>ren3, ren9</i>
Cabernet cortis ⁽²⁾	2013	Germania	<i>rpv3.3, rpv10</i>	<i>ren3, ren9</i>
Artaban	2018	Francia	<i>rpv1, rpv3</i>	<i>run1, ren3</i>
Vidoc	2018	Francia	<i>rpv1, rpv3</i>	<i>run1, ren3</i>
Pamerzs	2019	Ungheria	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1</i>
Pinot kors ⁽²⁾	2019	Italia	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1</i>
Pinot regina ⁽²⁾	2019	Ungheria	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1, ren3</i>
Coliris	2021	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Lilaro	2021	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Sirano	2021	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Calys	2024	Francia	<i>rpv1, rpv10</i>	<i>run1, ren3, ren9</i>
Borsmenta	n.r.	Ungheria	<i>rpv1, rpv12</i>	<i>run1</i>

⁽¹⁾ Le varietà sono ordinate per anno di registrazione o di diffusione.

⁽²⁾ Varietà già presenti nel registro italiano. **n.r.** = non riportato.

La piramidazione delle resistenze

La ricerca di nuove fonti di resistenza ha dato nel frattempo frutti copiosi, grazie soprattutto ai rapporti dei ricercatori delle ex repubbliche sovietiche con i colleghi cinesi. Questi scambi avevano permesso di scoprire resistenze a peronospora anche in viti di origine cinese, arricchendo così la tool-box (la cassetta degli attrezzi, come si dice in gergo) dei breeders.

Attualmente sono riportati 35 fattori di resistenza a peronospora e una quindicina di fattori di resistenza a oidio, ai quali si aggiungono alcuni geni di resistenza ad altre avversità come *Agrobacterium*, fillossera, malattia di Pierce causata da un batterio del genere *Xylella* e black rot, importato anch'esso dalle Americhe e divenuto un problema solamente in questi ultimi anni.

La combinazione di più geni di resi-

stenza a un determinato patogeno nello stesso individuo (piramidazione, la chiamano i genetisti) può allungare i tempi di superamento delle resistenze. I ricercatori ne sono consci e hanno iniziato da tempo a piramidare diversi geni di resistenza (Eibach et al., 2007; Mestre et al., 2013; Feechan et al., 2015; Zini et al., 2019).

Ma qui le scuole si dividono. Tedeschi e francesi tendono a piramidare quante più resistenze possibili fino a due per peronospora e oidio rispettivamente nel programma francese Resdur1 e fino a 3 nel programma Resdur3 iniziato nel 2008; la scuola italiana ritiene più interessante piramidare non più di due resistenze e variare piuttosto in combinazioni diverse i geni utilizzati nei diversi piani di incrocio. Il tema è molto dibattuto nella comunità scientifica. Qui vogliamo solo ricordare che piramidare geni attraverso incroci convenzionali vuol

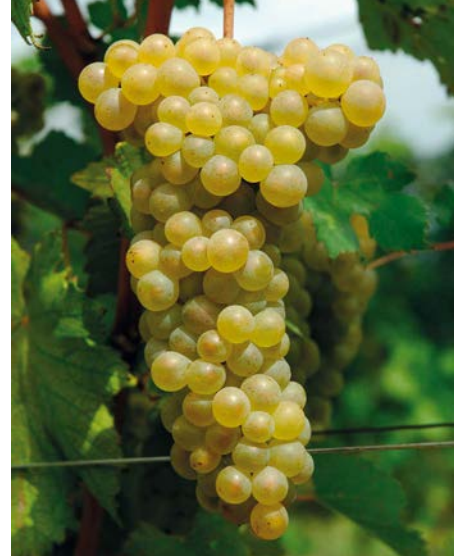


Foto 3 Solaris e Soreli (nella **foto**) sono due interessanti varietà di uva da vino a bacca bianca ottenute rispettivamente all'Università di Friburgo (Germania) e all'Università di Udine. Entrambe portano due resistenze piramidate a peronospora (*rpv3* e *rpv10* per Solaris, *rpv3* e *rpv12* per Soreli). Nessuna delle due porta apparentemente resistenze note a oidio

dire anche portarsi dietro geni che non interessano o che possono peggiorare la qualità dei vini.

Ci sono geni e geni

L'isolamento e lo studio di questi geni ha permesso di scoprire che, pur essendo geni che danno spesso il riconoscimento ospite-patogeno avviando la reazione di ipersensibilità e la morte cellulare programmata, non tutti hanno la stessa capacità di controllare la malattia (Cadle-Davidson 2008, Possamai et al., 2020).

Rpv3 e *rpv12* sono due geni di resistenza a peronospora molto usati nei primi incroci. Mentre *rpv3*, isolato da specie di vite americane, manifesta nelle singole componenti (*rpv3.1*, *rpv3.2*, *rpv3.3*) una resistenza un po' debole (soprattutto *rpv 3.3*) nei confronti fatti con inoculi artificiali e nelle osservazioni di campo, *rpv12* continua a manifestare una resistenza più robusta a peronospora; una buona resistenza a peronospora è mostrata anche da *rpv10*, un gene identificato assieme a *rpv12* in *Vitis amurensis*, una vite asiatica; infine, molti geni di resistenza a peronospora identificati di recente hanno efficacia sensibilmente ridotta e possono essere considerati dei modificatori, cioè geni in grado di contribuire ad aumentare la resistenza, ma inefficaci da soli nel dare difese accettabili per un agricoltore (Di Gaspero et al., 2012; Cadle-Davidson 2008; Zini et al., 2019; Possamai e

Wiedemann Merdinoglu, 2022).

Tra i geni di resistenza a oidio, *run1* proveniente da *V. rotundifolia* è a tutt'oggi molto efficace, fatta eccezione per un'area negli Stati Uniti dove la resistenza sembra essere stata superata, mentre i geni della serie *ren*, presentano resistenze non sempre soddisfacenti soprattutto nei confronti delle infezioni tardive di oidio (Feechan et al., 2015).

Le ragioni della diversa efficacia dei geni di resistenza noti sta probabilmente nel fatto che alcuni riconoscono geni di avirulenza, comuni a un'ampia gamma di ceppi del patogeno. Ricordiamo che un patogeno come la peronospora porta normalmente da alcune decine ad alcune centinaia di effettori, cui appartengono anche i geni di avirulenza. Alcuni di questi che presentano elevata conservazione nei vari ceppi del fungo e codificano per funzioni essenziali per il processo di infezione da parte del patogeno potrebbero rappresentare target ideali per geni di resistenza che siano più durevoli nel tempo (Brilli et al., 2017; Chepsergon et al., 2021).

Resta da dire che le varietà resistenti di ultima generazione portano un determinato gene di resistenza, durante il processo di reincrocio e di rimozione dei rimanenti segmenti di genoma selvatico possono avere perso qualche componente minore del sistema di resistenza multigenico rispetto ai loro ancestrali selvatici più resistenti, nel caso ad esempio in cui siano presenti geni modificatori che agiscono sul gene di resistenza principale (Di Gaspero et al., 2012; Folia et al., 2020).

Certamente, una volta che geni R ed effettori saranno isolati e descritti con cura, i breeders ne terranno conto nello scegliere i geni da utilizzare nei loro piani di incrocio.

I geni di suscettibilità e l'interferenza a RNA

Finora abbiamo parlato di geni di resistenza, ma i ricercatori stanno esplorando un'altra strada che renderebbe le viti invisibili al patogeno. Si tratta dei cosiddetti **geni di suscettibilità (S-genes)**, il cui prodotto viene usato dal patogeno per avviare il processo di infezione della specie ospite. La perdita di funzione di questi geni presenti nella pianta, impedisce al patogeno di riconoscere l'ospite (Pirrello et al., 2021).

Il primo gene di suscettibilità è sta-

ALCUNI MESSAGGI AI VITICOLTORI

E veniamo ad alcuni messaggi per i viticoltori, ai quali si rivolge questo articolo.

Il primo messaggio è che anche i **viticoltori devono fare la loro parte, adottando razionali strategie di difesa, calibrate sulle varietà resistenti.** Mettere a dimora una vite resistente e non trattarla per niente con fungicidi vuol dire, per esempio, esporla ad altre malattie, come il black rot, che nella viticoltura tradizionale non compare perché controllato da alcune sostanze attive usate contro peronospora e oidio.

Un secondo messaggio importante è **non diffondere su ampia scala la stessa varietà, perché ciò favorisce la selezione di ceppi resistenti del patogeno.** L'abbiamo sperimentato nella Repubblica Ceca, dove la diffusione su migliaia di ettari di Bianca, che porta un solo gene di resistenza a peronospora (*rpv3*) ha favorito l'insorgenza di ceppi di peronospora resistenti a quel gene. I breeders dovranno costituire nuove varietà combinando geni di resistenza diversi e i viticoltori dovranno utilizzarle nei loro vigneti. È un'alleanza strategica, che può salvaguardare

per lungo tempo le varietà resistenti, che vengono diffuse mano a mano sul mercato.

Le varietà con qualche gene di resistenza descritte in letteratura o presenti nelle banche dati sono oltre 250, mentre quelle effettivamente oggetto di commercializzazione in Europa sono una settantina. Di queste, poche, meno di una trentina, portano almeno due geni di resistenza a peronospora e almeno un gene di resistenza a oidio. Un elenco senza pretesa di completezza è riportato in *tabella 2*. Per quanto riguarda la resistenza all'oidio, la scelta di un solo gene, come condizione sufficiente, ha considerato la minor incidenza della malattia in alcune regioni vitivinicole e la maggior facilità di controllo del patogeno con prodotti di difesa.

I viticoltori dovrebbero cercare di **scegliere in modo consapevole una varietà che abbia dimostrato nel tempo di possedere un livello di resistenza appropriato in condizioni di coltivazione simili a quelle in cui si andrà a utilizzarla**, tendendo a preferire varietà con resistenze multiple. ●

to scoperto alcune decine di anni fa in orzo (MLO - Mildew Locus O) ma geni analoghi di suscettibilità a oidio, ma anche a peronospora, sono indagati da almeno una decina di anni anche in vite (Pessina et al., 2016). Sono interessanti, ma difficili da trattare, anche perché una pianta non può avere sviluppato un gene di suscettibilità per favorire il patogeno; potrebbe averlo selezionato per altre funzioni che per ora non conosciamo. I risultati iniziali sono promettenti ma sarà necessario svolgere una sperimentazione di campo approfondita e prolungata per essere certi che non vi siano effetti indesiderati in aggiunta a quelli previsti di resistenza o tolleranza al patogeno.

Resta, infine, un ultimo approccio, quello basato sull'interferenza a RNA (RNAi): **trattare le viti con molecole di RNA che interferiscono con gli RNA messaggeri prodotti dal fungo per invadere la pianta ospite.** I ricercatori sono al lavoro (Marcianò et al., 2021), ma lo studio è ancora lungo prima di arrivare a risultati per il mondo agri-

colo. Lo ricordo solamente per testimoniare l'ampiezza delle strategie di ricerca almeno teoriche nello studio delle relazioni ospite-patogeno in vite.

L'editing del genoma, potenziale da esplorare

I produttori di vini che hanno una visibilità elevata sul mercato mondiale (parliamo ad esempio di Barolo e Chianti, vini prodotti rispettivamente con Nebbiolo e Sangiovese) sono restii ad adottare varietà ottenute per incrocio dai loro vitigni, perché temono di dover rifare la costosa trafila per promuovere sul mercato questi nuovi vini. È comprensibile e per questo vorrebbero piuttosto un Nebbiolo o un Sangiovese resistenti a qualche patogeno o migliorati, per esempio, per il contenuto di antociani, attraverso le tecniche del genome editing.

Il genome editing è una tecnica che nella sua versione più largamente utilizzata permette di modificare la sequenza di un gene in maniera estre-



Foto 4 Le varietà registrate più di recente portano due geni di resistenza a peronospora e due a oidio. Artaban (a **sinistra**) frutto del programma Resdur1 dell'Inra (Francia) porta i geni di resistenza a peronospora (*rpv1* e *rpv3*) e a oidio (*run1* e *ren3*). Pinot Iskra (a **destra**) varietà dell'Università di Udine frutto del programma in collaborazione con l'Istituto di genomica applicata e i Vivai cooperativi di Rauscedo porta i geni di resistenza a peronospora (*rpv1* e *rpv12*) e a oidio (*run1* e *ren3*)

mamente accurata aggiungendo, togliendo o sostituendo singole o poche basi del DNA, senza che resti traccia di quanto è stato fatto, se non la modifica eseguita. **Le modificazioni così ottenute sono indistinguibili rispetto a quelle ottenibili per mutazione spontanea o per mutagenesi indotta da agenti chimici ponendo un problema di tracciabilità dei prodotti dell'editing** che rappresenta il primo vero metodo di biologia molecolare che permette di ottenere gli stessi risultati del miglioramento genetico tradizionale ma in tempi più rapidi ed in maniera più precisa.

Le tecniche di genome editing hanno aperto prospettive affascinanti ai genetisti molecolari e anche nella vite ci sono in Italia alcune università e centri di ricerca all'avanguardia (la Fondazione E. Mach di S. Michele all'Adige, l'Università di Verona e il suo spin-off EdiVite dedicato all'editing genomico, il Centro di ricerca in viticoltura ed enologia del CREA di Conegliano e Turi, l'Istituto per la protezione sostenibile delle piante del Cnr di Torino, l'Istituto di genomica applicata ora Fondazione per la ricerca genomica ed epigenomica di Udine).

Iniziamo ad avere anche i primi risultati, ma ancora una volta i ricercatori si scontrano con le paure alimentate nella società da organizzazioni ostili e spesso prevenute. Per tutto il 2024 l'Italia ha finalmente permesso le sperimentazioni delle piante editate con una procedura semplificata, ma è di qualche mese fa la notizia della distruzione, per un atto di vandalismo,

di alcune piante di riso editate dall'Università di Milano per la resistenza al brusone. Il 30 settembre scorso l'Università di Verona e il suo spinoff EdiVite hanno iniziato la sperimentazione in campo aperto di piante di vite varietà Chardonnay in cui attraverso il genome editing è stato inattivato il gene di suscettibilità a Peronospora ([youtube.com/watch?v=7ut5Aq1Aid0](https://www.youtube.com/watch?v=7ut5Aq1Aid0)). Tale sperimentazione consentirà di valutare in condizioni di campo il grado di resistenza all'infezione del patogeno ed anche eventuali altri effetti non previsti dell'inattivazione del gene. Nel frattempo la Commissione agricoltura del Senato ha esteso anche al 2025 la procedura semplificata per la sperimentazione.

Non solo varietà resistenti

L'excursus sui programmi di miglioramento genetico della vite per la resistenza ad alcune malattie è stato volutamente breve. Voleva solamente dare l'idea che il problema è complesso, come è complessa la biologia. Del resto, se non riusciamo a combattere definitivamente le malattie batteriche e virali nell'uomo, nonostante i colossali investimenti, ci sarà un motivo. Gli esseri viventi convivono da oltre 400 milioni di anni con i loro patogeni. Così si è evoluto il mondo. Per questo, la costituzione di una varietà resistente a un patogeno non è per sempre. I ricercatori ne sono consci e cercano, piramidando più geni per lo stesso patogeno, di prolungare la durata delle resisten-



Foto 5 Attacco di black rot su grappolo d'uva in una parcella sperimentale di viti resistenti non trattate con fungicidi. È evidente il danno da *Guignardia bidwellii*, un fungo che nella viticoltura tradizionale e in quella biologica viene controllato da alcuni dei trattamenti che si effettuano contro la peronospora

ze nelle varietà che vanno a costituire. Contemporaneamente cercano nuove fonti di resistenza e nuovi meccanismi di resistenza, come i geni di suscettibilità che abbiamo visto, ma sanno che vincono solo battaglie e non la guerra.

Ancora una cosa per concludere. C'è tutto il mondo del microbiota delle piante e del suolo, un esercito di possibili alleati in grado di contrastare molti patogeni (Vannier et al., 2019). Cominciamo a conoscerlo adesso con qualche progetto di ricerca mirato, come MicroBIO guidato dal CREA. Questi potenziali alleati li chiamiamo agenti di biocontrollo, BCA all'inglese (Koldenkova et al., 2022). Lo studio di questo mondo affascinante ci riserverà delle sorprese interessanti, ma è necessario studiare, studiare, studiare.

**Raffaale Testolin
Michele Morgante**

Università di Udine

Istituto di genomica applicata, Udine

Enrico Peterlunger

Università di Udine



Questo articolo è corredato di bibliografia/contenuti extra. Gli Abbonati potranno scaricare il contenuto completo dalla Banca Dati Articoli in formato PDF su: informatoreagrarario.it/bdo

Viti resistenti alle malattie: percorso che deve continuare

BIBLIOGRAFIA

Bavaresco L., Squeri C. (2022), Outlook on disease resistant grapevine varieties. *BIO Web of Conferences* 44, 06001.

Bettinelli P., Nicolini D., Giovannini O. et al. (2023), Breeding for black rot resistance in grapevine: advanced approaches for germplasm screening. *Euphytica* 219: 113.

Brilli M., Si-Ammour A., Asquini E., et al. (2017), A multi-omics study of the grapevine-downy mildew (*Plasmopara viticola*) pathosystem unveils a complex protein coding- and noncoding-based arms race during infection. *Scientific Reports* 8: 757.

Cadle-Davidson L. (2008), Variation Within and Between *Vitis* spp. for Foliar Resistance to the Downy Mildew Pathogen *Plasmopara viticola*. *Plant disease* 92 (11): 1577-1584.

Cadle-Davidson L., Mahanil S., Gadoury DM. et al. (2011), Natural infection of Run1-positive vines by naive genotypes of *Erysiphe necator*. *Vitis*, 50, 173-175.

Chepsergon J., Motaung TE., Moleleki LN. (2021), «Core» RxLR effectors in phytopathogenic oomycetes: A promising way to breeding for durable resistance in plants? *Virulence* 12 (1): 1921-1935.

Di Gaspero G., Copetti D., Coleman C. et al. (2012), Selective sweep at the Rpv3 locus in mildew resistant grapevines. *Theor Appl Genet* 124: 277-286.

Dussert Y., Mazet ID., Couture C. et al. (2019), A High-Quality Grapevine Downy Mildew Genome Assembly Reveals Rapidly Evolving and Lineage-Specific Putative Host Adaptation Genes. *Genome Biol Evol* 11(3): 954-969.

Eibach R., Zyprian E., Welter L., Töpfer R. (2007), The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. *Vitis* 46 (2): 120-124.

Feechan A., Kocsis M., Riaz S. et al. (2015), Strategies for RUN1 deployment using RUN2 and REN2 to manage grapevine powdery mildew informed by studies of race specificity. *Phytopathology* 105 (8), 1104-1113.

Foria S., Copetti D., Eisenmann B. et al. (2020), Gene duplication and transposition of mobile elements drive evolution of the Rpv3 resistance locus in grapevine. *Plant J* 101: 529-542.

Gessler C., Pertot I., Perazzolli M. (2011), *Plasmopara viticola*: a review of knowledge on downy mildew of grapevine and effective disease management. *Phytopathologia Mediterranea* 50, 3-44.

Kast W., Stark-Urnau M., Seidel M. et al., (2000), Inter-isolate variation of virulence of *Plasmopara viticola* on resistant vine varieties. *Bull OILB/SROP* 24: 45-45.

Koledenkova K., Esmaeel Q., Jacquard C. et al. (2022), *Plasmopara viticola* the Causal Agent of Downy Mildew of Grapevine: From Its Taxonomy to Disease Management. *Frontiers Microbiology* 13: 889472.

Marcianò D., Ricciardi V., Marone Fasolo E. et al. (2021), RNAi of a Putative Grapevine Susceptibility Gene as a Possible Downy Mildew Control Strategy. *Front. Plant Sci.* 12:667319.

Mestre P., Merdinoglu D., Wiedemann-Merdinoglu S. et al. (2013), Vers une gestion durable de la résistance de la vigne au mildiou. *Innovations Agro-nomiques* 27: 37-46.

Paineau M., Mazet I., Wiedemann-Mer-

dinoglu S. et al. (2022), The Characterization of Pathotypes in Grapevine Downy Mildew Provides Insights into the Breakdown of Rpv3, Rpv10, and Rpv12 Factors in Grapevines. *Phytopathology*: 112 (10): 1094.

Peressotti E., Wiedemann-Merdinoglu S., Delmotte F. et al. (2010), Breakdown of resistance to grapevine downy mildew upon limited deployment of a resistant variety. *BMC Plant Biology* 10: 147.

Pessina S., Lenzi L., Perazzolli M. et al. (2016), Knockdown of MLO genes reduces susceptibility to powdery mildew in grapevine. *Horticulture research* 3(1): 1-9.

Pirrello C., Zeilmaker T., Bianco L. et al. (2021), Mining grapevine downy mildew susceptibility genes: a resource for genomics-based breeding and tailored gene editing. *Biomolecules* 11, 1-23.

Possamai T., Migliaro D., Gardiman M. et al. (2020), Rpv Mediated Defense Responses in Grapevine Offspring Resistant to *Plasmopara viticola*. *Plants* 9: 781.

Possamai T., Wiedemann Merdinoglu S. (2022), Phenotyping for QTL identification: A case study of resistance to *Plasmopara viticola* and *Erysiphe necator* in grapevine. *Front Plant Sci*: 930954.

Testolin R. (2022), Riflessioni per una frutticoltura e un vivaismo più resilienti. *Rivista di divulgazione di Cultura Agraria* 5: 35-38.

Torregrosa L., Lacombe T., Ojeda H. (eds) (2024), Les nouvelles variétés de vignes tolérantes aux maladies fongiques: Des variétés à fruits pour une viticulture en transition écologique. *France Agricole, Vigne & Vin*: in stampa.

Tosi L. (2020), Genome editing, i primi cloni del futuro sono dietro l'angolo. *Vigne*

& Vini 8.

Vannier N., Agler M., Hacquard S. (2019), Microbiota-mediated disease resistance in plants. PLoS Pathogens 15(6): e1007740.

Wingerter C. et al. (2021), Grapevine Rpv3-, Rpv10- and Rpv12- mediated

defense responses against *Plasmopara viticola* and the impact of their deployment on fungicide use in viticulture. BMC Plant Biol 21:470.

Zini E., Dolzani C., Stefanini M. et al. (2019), R-Loci Arrangement Versus Downy and Powdery Mildew Resistance

Level: A Vitis Hybrid Survey. Int J Mol Sci 20: 3526.

<http://www.colmar.inra.fr/toutes-les-actualites/vignes-des-varietes-resistantes-au-mildiou-et-a-l-oidium>

<https://www.vivc.de/>

L'INFORMATORE AGRARIO

www.informatoreagrario.it



Edizioni L'Informatore Agrario

Tutti i diritti riservati, a norma della Legge sul Diritto d'Autore e le sue successive modificazioni. Ogni utilizzo di quest'opera per usi diversi da quello personale e privato è tassativamente vietato. Edizioni L'Informatore Agrario S.r.l. non potrà comunque essere ritenuta responsabile per eventuali malfunzionamenti e/o danni di qualsiasi natura connessi all'uso dell'opera.