



ACCADEMIA DEI GEORGOFILI

OSA-NEWS

Osservatorio Scientifico per l'Agricoltura

GIUGNO - 2025

PIANTE COLTIVATE ERBACEE E ARBOREE (fisiologia, genetica, biotecnologia)

 [The emerging roles of WOX genes in development and stress responses in woody plants](#)
Plant Science, 349, Dicembre 2024

Le piante legnose rappresentano la più grande biomassa al mondo, sviluppata in realtà a partire da piccole quantità di cellule staminali. La programmazione e la riprogrammazione di queste cellule staminali influenzano significativamente lo sviluppo plastico e l'adattamento ambientale delle piante legnose. I geni WOX (WUSCHEL-related homeobox) costituiscono una famiglia di fattori di trascrizione omeodominio-specifici delle piante che svolgono funzioni chiave nello sviluppo vegetale, tra cui la struttura embrionale, il mantenimento delle cellule staminali e la formazione degli organi. Esistono anche prove emergenti a supporto del loro coinvolgimento nelle risposte allo stress, sebbene non sia noto se queste funzioni siano mediate dalle cellule staminali. La ricerca precedente si è concentrata principalmente sulla famiglia di proteine WOX nelle piante non legnose, come *Arabidopsis thaliana* e *Oryza sativa*. Il ruolo dei geni WOX nella regolazione delle cellule staminali delle piante legnose è meno compreso, in parte a causa dei loro lunghi cicli vitali, delle grandi dimensioni fisiche e delle difficoltà nell'ottenere alberi transgenici. Recenti progressi nei protocolli di trasformazione in varie specie arboree hanno iniziato a rivelare le funzioni dei WOX nelle piante legnose. In questo articolo riassumiamo le attuali conoscenze sui WOX nell'embriogenesi, nell'organogenesi e nelle risposte allo stress, evidenziando una rete molecolare emergente incentrata sui WOX nelle piante legnose.

 [The transcription factor OsNAC5 regulates cadmium accumulation in rice](#)
Ecotoxicology and Environmental Safety, 285, 15 Ottobre 2024

Il cadmio (Cd) è un metallo pesante pericoloso che minaccia la salute umana attraverso il consumo di riso contaminato. Per mitigare l'accumulo di Cd nei chicchi di riso, è fondamentale ridurre l'assorbimento. Tuttavia, i meccanismi trascrizionali che regolano l'assorbimento di Cd nel riso rimangono in gran parte sconosciuti. Questa ricerca identifica il fattore di trascrizione OsNAC5 in *Oryza sativa* come un regolatore positivo del gene trasportatore del Cd OsNRAMP1, influenzandone così l'assorbimento. OsNAC5 è espresso prevalentemente nelle radici, risiede nel nucleo ed è sovraregolato dal perossido di idrogeno (H₂O₂) indotto dal Cd. L'eliminazione di OsNAC5 si traduce in una riduzione delle concentrazioni di Cd sia nei germogli che nelle radici e aumenta la sensibilità al Cd.

L'espressione di OsNRAMP1, potenziata dallo stress da Cd, dipende da OsNAC5. OsNAC5 si lega ai motivi "CATGTG" nel promotore di OsNRAMP1, attivandone l'espressione. La perdita di funzione di OsNAC5 porta a una riduzione dell'accumulo di Cd nei chicchi di riso. I risultati della ricerca forniscono informazioni sulla regolazione trascrizionale della risposta allo stress da Cd nel riso e propongono strategie biotecnologiche per ridurre l'assorbimento di Cd nelle colture.

[The physiology of plants in the context of space exploration](#)

Communications Biology vol. 7: 1311 (2024)

Lo stress che l'ambiente spaziale può indurre sulla fisiologia vegetale è di natura sia abiotica che biotica. L'ambiente spaziale abiotico è caratterizzato da radiazioni ionizzanti e alterazioni di gravità, campo geomagnetico (GMF), pressione e condizioni di luce. Le interazioni biotiche includono sia interazioni patogene che benefiche. Nell'articolo viene delineato un quadro generale degli effetti dei fattori spaziali abiotici e biotici sulla fisiologia vegetale. Le conoscenze necessarie per il successo delle future missioni spaziali porteranno a una migliore comprensione degli aspetti fondamentali delle risposte fisiologiche delle piante, fornendo così strumenti utili per il miglioramento genetico delle piante e le pratiche agricole sulla Terra.

SUOLO, ACQUA, ATMOSFERA

[Revisiting the soil carbon saturation concept to inform a risk index in European agricultural soils.](#)

Nature Communications (2025) 16: 2538

Uno dei serbatoi potenziali di carbonio è il suolo, il cui contributo al raggiungimento della neutralità carbonica può essere assai rilevante. La recente normativa europea (Reg. EU 2024/3012) ha incluso la carbonicoltura (carbon farming) e fissato termini e metodi di calcolo dei benefici delle attività antropiche, incluso lo stoccaggio del carbonio nel suolo. Il contenuto totale di carbonio organico del suolo (SOC) è stato a lungo utilizzato per la valutazione dello stoccaggio di questo elemento nel suolo, ma stime più affidabili si ottengono separando il SOC nelle due sue componenti: carbonio totale delle particelle organiche (POC) e quello composto da molecole organiche di basso peso molecolare di derivazione vegetale o microbica che vengono stabilizzate dalla matrice del suolo (MAOC). Proprio questa seconda componente costituisce la frazione del SOC più resiliente e fornisce una migliore stima in quanto tiene conto dei meccanismi di formazione e stabilizzazione. La capacità teorica massima di MAOC è legata ai siti minerali di legame (binding sites), che una volta saturati non possono più assorbire C. Diventa perciò fondamentale riuscire a calcolare il MAOC saturo e quello ancora saturabile ai fini di una stima della capacità di stoccaggio del carbonio nei suoli agricoli. Gli autori dell'articolo si sono proposti di calcolare la capacità effettiva del MAOC mediante una metodologia a gruppi (cluster), che ha consentito di considerare le variabili pedo-climatiche dei suoli agricoli europei, superando alcuni limiti del metodo più frequentemente adottato che è quello di mettere in relazione il MAOC con il contenuto di particelle fini del suolo. Sono state utilizzate 4 fonti di dati: il contenuto SOC riportato nell'indagine LUCAS; le variazioni di SOC riportate in lavori sperimentali; misure spettroscopiche nel visibile e vicino infrarosso; frazioni di misure SOC. Dopo aver dimostrato che il livello di saturazione di MAOC dipende dal cluster e risente dalla vulnerabilità SOC, è stato formulato un indice di rischio SOC che ha evidenziato che tra 43 e 83 Mha di suoli agricoli sono ad alto rischio SOC, prevalentemente nelle zone fresche e umide. Il grado di saturazione di MAOC diventa quindi un utile indice di vulnerabilità dei suoli, inteso come capacità di stoccare carbonio, e fornisce informazioni fondamentali per valutare gli effetti di politiche volte a preservare e accumulare carbonio nel suolo.

NORMATIVA

 *Regulation (EU) 2024/3012 of the European Parliament and of the Council of 27 November 2024 establishing a Union certification framework for permanent carbon removals, carbon farming and carbon storage in products/ Regolamento (UE) 2024/3012 del Parlamento Europeo e del Consiglio del 27 novembre 2024 che istituisce un quadro di certificazione dell'Unione per gli assorbimenti permanenti di carbonio, la carboniocoltura e lo stoccaggio del carbonio nei prodotti (2024).*

Gazzetta Ufficiale Unione Europea, Novembre 2024

Dopo un lungo iter, è stato emanato a fine novembre 2024 il Regolamento Europeo che stabilisce la terminologia e i metodi di calcolo per la certificazione volontaria degli assorbimenti di carbonio, la carboniocoltura e lo stoccaggio di questo elemento nei prodotti. Il Regolamento è uno strumento importante per il raggiungimento dell'obiettivo della neutralità climatica dell'Unione entro il 2050 e riguarda tutte le attività antropiche, non solo quelle agricole. Allo stesso tempo le implicazioni per l'agricoltura europea, e per alcune filiere in particolare, sono di grande rilievo. Dal punto di vista terminologico, il Regolamento chiarisce che il carbonio biogenico comprende la biomassa vivente, la lettiera, il legno morto, la materia organica morta, i suoli minerali e i suoli organici elencati nell'allegato I del Reg. (UE) 2018/841. Inoltre, per assorbimento permanente del carbonio si intendono le pratiche o i processi che catturano e immagazzinano carbonio biogenico per diversi secoli, mentre la carboniocoltura comprende le pratiche o i processi svolti per almeno cinque anni che determinano la cattura e lo stoccaggio temporaneo di carbonio (atmosferico o biogenico) in comparti di carbonio biogenici o la riduzione delle emissioni dal suolo. Infine, lo stoccaggio del carbonio nei prodotti comprende pratiche o processi che catturano e immagazzinano carbonio atmosferico o biogenico per almeno 35 anni in prodotti di lunga durata. L'unità di misura è la tonnellata metrica di CO₂ equivalente del beneficio netto di assorbimento permanente certificato del carbonio legato ad un'attività di assorbimento e verificata da un sistema di certificazione; pertanto, l'unità di riduzione delle emissioni dal suolo corrisponde ad una tonnellata metrica di CO₂ equivalente in termini di riduzione certificata delle emissioni dal suolo generata dalla carboniocoltura e registrata da un sistema di certificazione. Per quanto riguarda il calcolo, il beneficio netto in termini di assorbimento temporaneo del carbonio è quantificato sottraendo le emissioni dirette ed indirette di gas a effetto serra durante l'intero ciclo di vita dell'attività dal totale degli assorbimenti ottenuti per effetto della attività stessa depurati del totale di carbonio assorbito nel contesto di riferimento (livello base). Proprio la determinazione del livello base, la cui scala geografica non è stata ancora definita, diventa quindi decisiva ai fini del calcolo dei benefici associati alle attività di rimozione del carbonio, ma su questo il legislatore non si è ancora pronunciato.

 *Modifica della Direttiva Habitat (92/43/CEE "Habitat")*

Commissione Europea, Marzo 2025

In occasione dell'entrata in vigore del declassamento dello status di protezione del lupo il 7 marzo u.s. ai sensi della Convenzione di Berna, la Commissione europea ha proposto una modifica mirata degli allegati IV e V della Direttiva Habitat. Ciò allineerà la Direttiva al cambiamento dello status di protezione del lupo (passato da "strettamente protetto" a "protetto") che era stato approvato il 6 dicembre 2024 dal Comitato permanente della Convenzione di Berna e proposto dall'UE.

La proposta di declassamento presentata dalla Commissione Europea a dicembre 2023 si è basata su un'analisi approfondita dello status del lupo nel territorio dell'Unione ed è stata poi adottata dal Consiglio a settembre 2024. In seguito, la Commissione, a nome dell'UE, ha depositato la proposta di modifica al Segretariato della Convenzione di Berna che ne ha poi deciso l'approvazione. La proposta della Commissione offrirà una maggiore flessibilità agli Stati membri nella gestione delle popolazioni locali di lupi, in modo che questi possano adottare misure adattate alle circostanze delle varie regioni. Il lupo rimarrà comunque una specie protetta. Le misure di conservazione e gestione degli Stati membri dovranno quindi comunque raggiungere e mantenere uno status di conservazione favorevole. Inoltre, gli Stati membri avranno la possibilità eventualmente di mantenere un livello più elevato di protezione di questo grande carnivoro, se ritenuto necessario ai sensi della legislazione nazionale. La Commissione ha comunque sottolineato l'importanza di attuare misure appropriate di prevenzione per ridurre la predazione del bestiame. Continuerà quindi ad aiutare gli Stati membri e le parti interessate nella progettazione e nell'attuazione di queste misure attraverso finanziamenti e altre forme di sostegno. Sia secondo la Convenzione di Berna che secondo la Direttiva Habitat dell'UE, se una specie è "protetta" (invece di "strettamente protetta"), la caccia può essere autorizzata tenendo conto della conservazione delle popolazioni. La caccia di tali specie deve essere attentamente regolamentata dagli Stati membri, che sono comunque tenuti a garantire il raggiungimento e il mantenimento di uno status di conservazione favorevole per le popolazioni nelle varie regioni biogeografiche. Gli Stati membri dovranno comunque continuare a monitorare lo stato di conservazione di queste specie e comunicarlo regolarmente alla Commissione (ogni sei anni). La proposta è stata approvata dal Parlamento Europeo con 371 voti favorevoli, 162 contrari e 37 astensioni. Per entrare in vigore, il progetto di legge necessita ora dell'approvazione formale del Consiglio, che ha adottato lo stesso testo il 16 aprile 2025. La direttiva entrerà in vigore 20 giorni dopo la sua pubblicazione sulla Gazzetta Ufficiale dell'UE. Gli Stati membri avranno quindi 18 mesi di tempo per conformarsi.

FUNGHI E AMBIENTE

Fungal impacts on Earth's ecosystem

Nature, vol. 638 (2025)

Nel corso dell'ultimo miliardo di anni, il regno dei funghi ha subito un'enorme espansione evolutiva, comprendente oggi oltre due milioni di specie, di cui più del 95% non è ancora stato descritto. Oltre ai ben noti macrofunghi e lieviti, i funghi costituiscono un gruppo di organismi eterotrofi capaci di metabolizzare quasi ogni forma di carbonio organico, giocando un ruolo cruciale nei cicli biogeochimici attraverso la decomposizione della materia organica e il conseguente sequestro del carbonio negli ecosistemi terrestri. Le applicazioni biotecnologiche dei funghi comprendono ambiti che spaziano dalla produzione alimentare e di biocarburanti fino alla sintesi di composti farmacologici, tra cui antibiotici e sostanze psicoattive. Tuttavia, le infezioni fungine rappresentano una crescente minaccia per la salute degli ecosistemi agricoli, naturali e umani, in parte esacerbata dalla mobilità antropica e animale e dai cambiamenti climatici in corso. Le indagini genomiche stanno rivelando la reale portata della biodiversità.

Il regno dei funghi svolge un ruolo cruciale nell'approccio One Health, evidenziando l'interconnessione tra uomo, ambiente e altri organismi. I funghi benefici rappresentano risorse ancora poco sfruttate per la salute umana e ambientale, con applicazioni come agenti di biocontrollo contro patogeni di piante e insetti dannosi, fonti di composti farmaceutici e materiali innovativi. La produzione di metaboliti secondari, come la ciclosporina e la psilocibina, sottolinea il potenziale medico ancora in espansione.

Inoltre, i funghi contribuiscono a soluzioni climatiche: trasformano la biomassa in biocarburanti, rimuovono inquinanti ambientali e permettono lo sviluppo di materiali sostenibili, come i bio-composti a base di micelio. Con il cambiamento climatico che altera rapidamente l'ecologia fungo-ospite, è urgente adottare un approccio multidisciplinare per studiare e valorizzare il regno fungino.

[Trichoderma strain-dependent direct and indirect biocontrol of Fusarium head blight caused by Fusarium graminearum in wheat](#)

Microbiological Research, vol, 296, (2025)

La fusariosi della spiga del frumento (FHB), causata da numerose specie fungine appartenenti al genere *Fusarium* (tra le quali *Fusarium graminearum*), rappresenta una delle principali malattie del grano, non solo per le perdite produttive che comporta, ma anche per i problemi legati alla sicurezza alimentare, poiché gli agenti causali producono micotossine, come il deossinivalenolo (DON), metaboliti secondari estremamente tossici per l'uomo e gli animali.

Trichoderma è un genere fungino che comprende specie con stili di vita diversi, molte delle quali studiate come agenti di biocontrollo e colonizzatori della rizosfera con effetti benefici per le piante. Questi funghi impiegano diversi meccanismi di azione in grado di sopprimere direttamente i patogeni, tra cui il micoparassitismo, l'antibiosi e la competizione per siti e nutrienti. Inoltre, sono in grado di stabilire una intima relazione con le piante attivando un dialogo molecolare che stimola le risposte di difesa contro stress biotici e abiotici. Questo "cross-talk" tra *Trichoderma* e le piante innesca segnali mediati da fitormoni, preparando le piante a rispondere in modo più rapido ed efficace a successivi attacchi di patogeni o a stress ambientali. È ormai noto che *Trichoderma* attiva le vie biosintetiche dipendenti dall'acido jasmonico (JA), dall'etilene (ET) e dall'acido salicilico (SA).

Diversi ceppi di *Trichoderma* hanno dimostrato efficacia nel biocontrollo di varie specie di *Fusarium* in numerosi patosistemi, tra cui frumento/*Fusarium*. In questo studio tre ceppi di *Trichoderma* hanno inibito la crescita del patogeno ed in particolare due, T25 e T136, hanno mostrato capacità di contenimento della FHB quando applicati direttamente sulle spighe. Tramite PCR quantitativa in tempo reale (qPCR), è stata analizzata l'espressione di otto geni marker correlati con le difese della pianta in spighe di frumento inoculate (o meno) con *Trichoderma* e successivamente infettate con *F. graminearum*. Solo le spighe pretrattate con T25 o T136 hanno mostrato un'attivazione della risposta di difesa dipendente dall'acido salicilico in risposta all'infezione. L'espressione dei geni *tri* di *F. graminearum*, coinvolti nella biosintesi del DON, è stata analizzata tramite qPCR in colture duali con *Trichoderma* su due differenti terreni di coltura e nelle spighe. I risultati dei confronti duali indicano che l'espressione dei geni *tri* dipende sia dal ceppo di *Trichoderma* sia dal tipo di terreno, ma tutti e tre i ceppi hanno ridotto l'espressione del gene *tri5* (codificante per una terpene sintasi) nella pianta. In conclusione, dei tre isolati saggiati, *T. asperellum* T25 ha ridotto la gravità della malattia di oltre il 60% ed è risultato il più efficace agente di biocontrollo, agendo sia attraverso meccanismi diretti di limitazione della crescita del patogeno, sia tramite meccanismi indiretti di attivazione delle difese locali della pianta.

[Emerging antiviral defence systems in fungi](#)

Cell Host & Microbe, vol. 33 (2025)

La stabilità del genoma è fondamentale per la salute e la sopravvivenza di tutti gli organismi viventi, poiché garantisce l'integrità delle informazioni genetiche, supporta l'omeostasi cellulare e facilita l'adattamento ai cambiamenti ambientali e ai processi evolutivi. Le alterazioni nelle sequenze di acidi nucleici possono derivare da disfunzioni interne nella replicazione, nella trascrizione o in altri processi

metabolici degli acidi nucleici, ma possono anche originare da fonti esterne come infezioni virali. Per mantenere la stabilità genomica, gli organismi — tra cui batteri, funghi, piante e animali — hanno sviluppato sistemi complessi di difesa antivirale, come il ben studiato sistema CRISPR-Cas, l'interference RNA (RNAi), il sistema cGAS-STING e altri meccanismi.

I funghi sono suscettibili all'infezione da parte di virus, noti come virus fungini o mycovirus, e questa conoscenza risale a oltre 60 anni fa. La scoperta dei mycovirus è stata fondamentale per il biocontrollo dei patogeni fungini. Diversi importanti meccanismi antivirali nei funghi filamentosi, recentemente caratterizzati, hanno rivelato le complesse interazioni biologiche tra funghi e virus.

Partendo dall'osservazione che l'infezione di un virus a RNA+, a singolo filamento e senza capside, chiamato NcFV1, non aveva effetti sulla crescita di un ceppo wild-type di *Neurospora crassa* ma portava a una riduzione di crescita nei ceppi privi di QDE-2, la proteina argonauta componente del sistema di RNAi, gli autori hanno identificato 93 geni anti-mycovirus, studiando in particolare due enzimi RNA-editing OLD-1 e OLD-2 trascrizionalmente indotti dall'infezione di NcFV1. I mycovirus innescano l'espressione di enzimi di editing dell'RNA, che catalizzano la modifica degli mRNA che codificano fattori di trascrizione con dita di zinco. Questo sistema differisce dal RNAi ed è conservato nei funghi filamentosi. In sintesi, il modulo OLD-ZAO è un sistema di difesa antivirale e mette in evidenza il dialogo tra la via di difesa antivirale classica tramite RNAi e l'editing dell'RNA rispondente agli attacchi virali in *N. crassa*, migliorando la nostra comprensione delle interazioni tra funghi e virus. Ulteriori indagini sulla relazione tra la difesa antivirale nei funghi e i meccanismi di contro-difesa virale saranno fondamentali per comprendere le complesse interazioni tra funghi e virus, così come per l'utilizzo delle risorse di mycovirus. Infine, le diverse specie di funghi e i sistemi di difesa antivirale complessi rappresentano risorse preziose per lo sviluppo di editor genetici. Recentemente, la proteina Fanzor, un antenato della proteina Cas12, è stata scoperta nei funghi ed è stata utilizzata come endonucleasi guidata da RNA per modificare i genomi nelle cellule umane. Poiché gli enzimi di editing dell'RNA sono stati usati per modificare trascritti sia in animali che in funghi, anche OLD-1 o OLD-2 potrebbero essere potenzialmente ingegnerizzati per funzionare come editor genetici.

SCIENZE ANIMALI

(zootecnica; nutrizione animale; miglioramento genetico)

Le segnalazioni sono concentrate sull'importante tema dello stress da caldo negli animali in allevamento

 [Genomic Analysis of Sarda Sheep Raised at Diverse Temperatures Highlights Several Genes Involved in Adaptations to the Environment and Heat Stress Response](#)

Animals, 2024, 14(24), 3585

La produzione zootecnica è influenzata da complesse caratteristiche che possono essere modellate secondo diversi fattori (ad esempio genetica, clima, gestione e alimentazione). È ben noto che la produzione e la salute del bestiame sono influenzate dalle condizioni ambientali. In effetti, l'adattamento ambientale è una caratteristica evolutiva importante tra gli animali. Grazie alla loro omeotermia, i mammiferi sono in grado di far fronte agli ambienti più estremi, caratterizzati da temperature differenti. Il processo evolutivo provoca cambiamenti nei genomi animali, sfruttando variazioni nella loro morfologia (ad esempio dimensioni corporee, pelle, lana e spessore del grasso) e nelle caratteristiche fisiologiche (come il metabolismo dei grassi) per adattarsi a condizioni climatiche diverse. La risposta degli animali alle variazioni dei fattori climatici, come l'aumento della temperatura, può indurre stress da caldo. Inoltre, i cambiamenti fisiologici dovuti ad ambienti difficili possono avere impatti negativi sulla riproduzione, la produzione e la composizione del latte. Il cambiamento climatico rappresenta una

sfida importante che governi, istituzioni di ricerca e soggetti dell'agri-business devono affrontare nel prossimo futuro. A questo proposito, è di cruciale importanza identificare genotipi che consentano la produzione di cibo in condizioni ambientali in mutamento. Fino ad oggi, gli approcci della genetica del paesaggio hanno indagato i cambiamenti del genoma guidati dalle condizioni ambientali, analizzando gli effetti di temperatura, precipitazioni, altitudine e altre caratteristiche ambientali sulla distribuzione dei genotipi, utilizzando un quadro integrato che combina ecologia del paesaggio, genetica delle popolazioni e marcatori molecolari. Questo approccio mira a comprendere come i fattori ambientali modifichino il flusso genico e i genotipi animali, nonché a prevedere la diffusione di malattie (o dei loro vettori) e specie nocive.

L'obiettivo di questo studio è stato identificare le tracce dell'adattamento ambientale nel genoma della pecora Sarda, confrontando due gruppi di animali. La popolazione Sarda costituisce un buon esempio di ovini adattati al clima mediterraneo, e i gruppi testati sono stati definiti in base alle temperature medie storiche delle zone in cui sono allevati. Lo stress da calore è un problema ben noto negli allevamenti da latte, a causa dei suoi effetti negativi sulla produzione di latte. La perdita economica associata a questo stress, nell'industria lattiero-casearia americana, è stata stimata in 900 milioni di dollari all'anno (dairybusiness.com, consultato il 10 settembre 2024). Le perdite dovute al cambiamento climatico e al conseguente aumento delle temperature massime sono destinate a peggiorare ulteriormente in futuro. Questo problema è particolarmente grave nelle regioni subtropicali e calde, dove, per la maggior parte del tempo, gli animali sono allevati in condizioni semi-estensive o estensive; nell'area mediterranea, ad esempio, le pecore trascorrono la maggior parte del tempo all'aperto, soprattutto durante la stagione calda. In questi ambienti, lo stress da caldo provoca un calo sia nella quantità che nella qualità del latte. Il presente studio ha indagato le tracce di selezione mediate dal clima utilizzando metriche di differenziazione genomica calcolate su tutto il genoma tra due gruppi di pecore da latte allevate nella stessa zona climatica, ma in aree caratterizzate da diverse temperature massime. I geni evidenziati in questo studio sono stati precedentemente associati nella letteratura scientifica alla tolleranza al calore o a tratti di adattamento. Questo studio suggerisce l'idoneità di un approccio analitico semplice per individuare geni candidati posizionali associati allo stress da calore e ad altri tratti di adattamento, sostenendo infine la validità di questo modello nello studio dell'adattamento climatico negli animali.

Dairy cow behaviour and physical activity as indicators of heat stress

Italian Journal of Animal Science, Volume 24, 2025 (772-783)

Le condizioni caldo-umide all'interno della stalla possono causare stress da caldo, che rappresenta una delle principali preoccupazioni per il benessere delle bovine da latte. È noto che lo stress da caldo riduce la produzione di latte e aumenta il rischio di problemi di salute (come zoppie e mastiti) e riproduttivi, rappresentando quindi non solo una questione etica, ma anche economica.

Temperatura e umidità sono generalmente riconosciute come i principali fattori determinanti dello stress da caldo, portando all'adozione diffusa dell'indice temperatura-umidità (THI) come indicatore dello stress termico. Tuttavia, anche altri parametri ambientali, come la radiazione solare e la velocità del vento, svolgono un ruolo significativo nel determinare la gravità dello stress da calore. Per una strategia efficace nella gestione dello stress da caldo, è essenziale una rilevazione precoce. Sebbene molte aziende agricole monitorino temperatura e umidità nella stalla per adottare strategie di raffrescamento quando le condizioni diventano troppo calde, l'utilizzo di indicatori basati sull'animale, come il comportamento delle vacche, permetterebbe un monitoraggio più accurato del carico di calore percepito dai singoli animali. Ad esempio, le vacche stressate dal caldo riducono il tempo trascorso sdraiate, a mangiare e a ruminare, aumentando invece il tempo in piedi. Nel settore dell'allevamento di precisione (PLF), sono state sviluppate molte tecniche, in particolare basate su accelerometri triassiali, per misurare in modo automatico e continuo il comportamento delle singole vacche. Tuttavia, il monitoraggio dello stress da calore richiede l'uso di diversi indicatori specifici per distinguerlo da altri problemi di benessere. Infatti,

anche se l'effetto negativo dello stress da caldo sul tempo trascorso sdraiati è ben documentato, tale riduzione può anche essere causata, ad esempio, da mastiti. Pertanto, è ancora necessario identificare ulteriori indicatori di stress da caldo, che permettano di distinguere un profilo comportamentale specifico durante i periodi di stress termico, separandolo da quelli causati da altre minacce al benessere. La risposta comportamentale allo stress da calore dipende anche da molti fattori, tra cui la razza della vacca, la zona geografica e le condizioni di stabulazione. In particolare, la struttura della stalla e la gestione aziendale possono influenzare fortemente il comportamento delle vacche e la sua variazione in risposta al caldo. Ad esempio, elementi strutturali come l'ombreggiamento e la ventilazione forzata possono ridurre l'effetto negativo dello stress da caldo sul comportamento di decubito, mentre strategie gestionali come l'alimentazione notturna possono favorire un maggiore consumo di mangime durante il caldo. Per comprendere meglio il profilo comportamentale generale durante lo stress da calore e tenere conto della variabilità tra le aziende, è importante studiare più aziende diverse e controllare le risposte specifiche di ciascuna. Per un miglior monitoraggio e gestione dello stress da calore basato su indicatori comportamentali, è anche fondamentale comprendere il legame tra tali indicatori e le conseguenze negative dello stress sulla salute, sul benessere e sulla produzione delle vacche. Ad esempio, una riduzione del tempo trascorso sdraiati al di sotto della soglia raccomandata di 10–12 ore al giorno è associata a un aumento del rischio di zoppie e malattie. Inoltre, la riduzione del tempo sdraiato può influenzare anche altri due comportamenti essenziali: la ruminazione e il sonno. Sebbene sia ben documentato che, in condizioni di caldo, le vacche passino dal decubito alla posizione eretta per migliorare il raffreddamento convettivo, non è ancora chiaro come ciò influenzi il tempo dedicato alla ruminazione o al riposo in entrambe le posizioni. È anche noto che lo stress da caldo influisce sull'attività fisica delle vacche, che è strettamente collegata alla produzione di calore corporeo, al dispendio energetico e alla riduzione della resa latte. Tuttavia, i risultati di studi precedenti sono contraddittori riguardo alla direzione di questo effetto, probabilmente a causa della complessità dell'attività fisica, che comprende diversi tipi di movimenti influenzati in modi diversi dallo stress da calore. Da un lato, le vacche possono ridurre attività che generano calore come l'alimentazione, il movimento e le interazioni sociali per evitare il sovraccarico termico. Dall'altro lato, possono aumentare i passi e altri movimenti a causa dell'irrequietezza, dello stress, di episodi aggressivi o delle visite all'abbeveratoio. È quindi necessaria un'analisi più dettagliata dell'effetto dello stress da calore sull'attività fisica. Tali analisi potrebbero essere condotte sui dati degli accelerometri calcolando l'accelerazione dinamica corporea complessiva (ODBA), ovvero la somma delle accelerazioni dinamiche assolute sui tre assi spaziali. L'ODBA è una misura del movimento corporeo e può quindi essere utilizzata come indicatore quantitativo dell'attività generale dell'animale.

L'obiettivo di questo studio è stato migliorare la definizione di un profilo comportamentale specifico per lo stress da calore, studiando indicatori comportamentali noti e nuovi mediante un sistema a collare con accelerometro triassiale. Lo studio ha coinvolto tre aziende di bovini da latte, dal tardo inverno all'inizio dell'autunno, con l'obiettivo di rilevare una risposta comportamentale coerente tra aziende diverse. Questi risultati dovrebbero contribuire a comprendere meglio come lo stress da calore influisca sul comportamento, sul benessere e sulla produzione delle vacche, oltre a migliorare il monitoraggio automatico dello stress da calore in azienda grazie all'identificazione di indicatori adatti.

 [The epigenetic mechanisms of adaption to the hot and humid climate in Hu sheep \(*Ovis aries*\)](#)
Physiological Reports, 12 (2024)

È noto che la risposta degli organismi all'ambiente esterno è principalmente determinata da modificazioni epigenetiche. La metilazione del DNA è la prima modificazione epigenetica mai riscontrata, presente in tutto il genoma e cambia dinamicamente con il cambiamento dello stato cellulare.

La variazione della metilazione del DNA causata da cambiamenti ambientali rende inoltre gli individui geneticamente omogenei con fenotipi diversi. Ad esempio, una mutazione mirata del percorso di metilazione del DNA ha ridotto il livello di metilazione genomica e ha modificato l'adattabilità delle alghe Jin al caldo, al freddo, alla salsedine e al ristagno idrico. La metilazione del DNA svolge anche ruoli importanti durante tutta la vita degli animali, come lo sviluppo embrionale e la differenziazione cellulare, l'invecchiamento e le malattie. Recenti studi condotti su pecore dimostrano che la metilazione del DNA influenza una varietà di stati fisiologici, tra cui sviluppo, crescita, estro e gravidanza. Sulla base dello studio di antichi campioni di DNA di bisonte, si è scoperto che l'adattamento degli animali al rapido cambiamento climatico dell'ultima era glaciale dipende principalmente dall'epigenetica e raramente comporta un cambiamento nella sequenza del DNA. Questi dati indicano che la metilazione del DNA è un meccanismo conservato attraverso il quale animali e piante rispondono agli stimoli ambientali. Il sistema neuroendocrino dello stress è in gran parte sotto il controllo dell'ipotalamo. Sia gli stress fisici che quelli psicologici attivano l'asse ipotalamo-ipofisi-surrene (HPA) innescando rapidamente il rilascio dell'ormone di rilascio della corticotropina (CRH) dal nucleo paraventricolare (PVN), che a sua volta provoca la secrezione di ormone adrenocorticotropo (ACTH) dall'ipofisi nel sangue. L'ACTH stimola la sintesi e la secrezione di glucocorticoidi (GC) dalla corteccia surrenale, ovvero corticosterone (CORT) e cortisolo, rispettivamente nei roditori e nell'uomo. L'asse HPA è sottoposto a un controllo a feedback negativo del legame dei GC ai recettori dei glucocorticoidi (GR) nell'ipotalamo e nell'ipofisi, che porta all'inibizione del rilascio di CRH e ACTH e a una stretta regolazione del sistema di risposta allo stress. Pertanto, il livello di ormoni neuroendocrini nel sangue viene spesso utilizzato come indicatore per la valutazione dello stress negli animali. La pecora Hu è una famosa razza autoctona cinese, caratterizzata da un estro che dura tutto l'anno, dalla presenza di più agnelli per figliata e da un'elevata adattabilità a diversi ambienti ecologici. Studi recenti hanno dimostrato che la pecora Hu si adatta bene al clima caldo e umido. Pertanto, l'epigenetica, in particolare nella metilazione del DNA, deve svolgere un ruolo importante nella risposta a questo clima estremamente umido e caldo nelle pecore di razza Hu. Studi precedenti hanno indagato la fisiologia del fegato e dell'ipotalamo nelle pecore di razza Hu e hanno identificato alcuni importanti geni e pathway coinvolti nella risposta allo stress da calore, che contribuiscono alla nostra comprensione dei meccanismi molecolari dell'adattabilità all'ambiente nelle pecore di razza Hu. Tuttavia, non è ancora noto come la pecora Hu risponderebbe agli stimoli ambientali a livello neuroendocrino ematico in presenza di due fattori ambientali (umidità e temperatura). Nel presente studio, sono stati esaminati gli ormoni neuroendocrini ematici associati allo stress ambientale e alla metilazione dell'intero genoma nella pecora Hu in due diverse condizioni climatiche per svelare i meccanismi della sua eccellente resistenza all'ambiente igrotermico. Lo studio non è solo importante per svelare i meccanismi molecolari dell'adattamento al clima di elevata umidità e alta temperatura nei ruminanti, ma può anche fornire prove fondamentali e preziose per l'allevamento di nuove razze animali resistenti all'umidità e allo stress da calore in futuro.

Queste segnalazioni bibliografiche sono state curate dagli accademici: Amedeo Alpi, Riccardo Gucci, Riccardo Velasco, Sabrina Sarrocco e Giuseppe Conte.