



ACCADEMIA DEI GEORGOFILII

OSA-NEWS

Osservatorio Scientifico per l'Agricoltura

Maggio - 2026

POLITICA, ORGANIZZAZIONE E COMUNICAZIONE DELLA SCIENZA

 [Diverse Journeys, Shared Purpose: building the next generation of plant scientists](#)
ASPB Webinar April 9, 2026


L'accesso alla ricerca sulle piante nell'ambito delle pubbliche istituzioni italiane rimane un problema che affligge molte giovani energie dotate di talento e di voglia di fare, ma che non trovano una risposta adeguata nei meccanismi selettivi che da molto tempo caratterizzano gli ambienti nazionali a questo preposti. Il confronto con quanto accade in altri paesi europei o di oltre oceano, pur rilevando alcune similarità, presenta comunque, negli altri Paesi, una maggiore sensibilità diffusa soprattutto nel creare una precisa coscienza della situazione. Crediamo infatti che si assista da tempo in Italia ad una dissociazione tra il momento formativo alla ricerca e la possibilità di una scelta di lavoro in tale ambito. Restiamo convinti che anche negli USA, paese in cui la formazione alla ricerca e la collocazione nel mondo del lavoro, di chi si è appropriatamente preparato ad hoc, sono particolarmente curate, si manifesti comunque il problema sopra-accennato, pur, complessivamente, trattato in modo più vivace e partecipato rispetto al nostro ambiente; il tentativo è sempre quello di generare scelte convinte ed evitare delusioni e frustrazioni a molti giovani capaci. A tal proposito è interessante ricordare quanto è stato recentemente realizzato in USA. Già nel mese di marzo ultimo scorso fu organizzato da Plantae un webinar con l'obiettivo di andare oltre le due classiche opportunità di lavoro per chi desidera continuare l'attività scientifica sulle piante, cioè l'ambiente accademico e quello industriale, sconfinando nel lavoro sia di consulenza, che nell'analisi di grandi quantità di dati (Big Data) e, infine, nella comunicazione scientifica.

Giovedì 9 Aprile u.s. si è tenuta una ulteriore ottima iniziativa -uno webinar o seminario online-finalizzata ad aiutare sia i giovani studenti universitari che stanno semplicemente seguendo i corsi universitari per ottenere un Master Degree (Laurea Magistrale), che coloro, già più avanti nella formazione scientifica, che sono impegnati per il conseguimento di un Philosophiae Doctor o PhD (Dottore di Ricerca), ma che entrambi volessero prendere in considerazione una soddisfacente carriera accademica. L'iniziativa è stata presa dalla Società Americana di Biologia Vegetale (ASPB), coinvolgendo giovani sulle problematiche più rilevanti come l'orientamento nel mercato del lavoro accademico, la stesura di un diligente programma di ricerca, l'attento rapporto tra attività didattica e attività di ricerca -altrimenti detta "imparare facendo"-, come si ottengono i finanziamenti e, infine, come mantenere un buon successo professionale a lungo termine.

Lo webinar si è avvalso della competenze di due ottimi relatori con notevole esperienza sia nell'ambito delle differenze strutturali e regolatorie delle proteine vegetali, in particolare nella famiglia della β -amilasi in relazione alla degradazione dell'amido nel cloroplasto, che nella regolazione della dimensione cellulare mediante la modulazione della endoreduplicazione, oltre al meccanismo di mantenimento delle riproducibilità delle dimensioni di alcuni organi -es. sepali-, nonostante la variabilità delle cellule in dimensioni, crescita e divisione.

Ai relatori sono stati affiancati tre moderatori, anch'essi opportunamente selezionati secondo le specifiche competenze. Una delle moderatrici aveva fatto ricerca sulla regolazione metabolica dello sviluppo delle piante, in particolare sulle strategie per migliorare lo sviluppo delle fibre del cotone mediante manipolazione della biosintesi della cellulosa e, in tempi più recenti, si è centrata sulle strategie di ingegneria metabolica per il miglioramento di resa, qualità nutrizionale e resistenza allo stress in colture oleaginose come soia e lino. Un'altra moderatrice ha contribuito sulla base della sua esperienza sui meccanismi molecolari e fisiologici alla base della risposta delle piante a contaminanti ambientali, ai fini del miglioramento della salute umana e ambientale. Altro studio su cui si è cimentata è rappresentato dalle proprietà antinfiammatorie e antiossidanti di specifici metaboliti delle piante nelle cellule tumorali. Completava il terzetto delle moderatrici una ricercatrice esperta di tolleranza allo stress multiplo che colpisce le conifere del Nord-Est degli Stati Uniti analizzando, in particolare, la funzione del floema sulla mortalità degli alberi indotta dalla siccità.

Questa iniziativa ci è sembrata coerente con la nostra convinzione che nell'ambiente della ricerca italiana dovrebbe svilupparsi qualcosa di simile, alimentando la speranza di elaborare risposte concrete alla domanda di base che gli organizzatori di questo webinar hanno rivolto ai vari potenziali utenti: *Are you considering a future in academia, but unsure which path is right for you?*

 [Inspiring the next generation of plant scientists: What we learned from 421 plant biologists](#)
New Phytologist Foundation, December 2025

Crediamo che sia utile riportare i risultati di un sondaggio, che è stato realizzato negli USA e riportato su New Phytologist Foundation, concernente l'interesse dei giovani verso lo studio delle piante. L'obiettivo è stato quello di indagare sulla scarsa motivazione di molti di loro a intraprendere studi e carriera in tale ambito nonostante la notevole importanza dello stesso per la sopravvivenza del pianeta sotto vari profili.

Affrontare le crisi della biodiversità e del clima richiede una nuova generazione di scienziati delle piante, eppure l'interesse per le carriere legate alle piante è in calo a livello globale. Un sondaggio condotto su 421 biologi vegetali ha rivelato che la principale motivazione che spinge a intraprendere una carriera nella scienza delle piante è un legame emotivo, la curiosità e l'apprezzamento per le piante, spesso stimolati da esperienze pratiche e da mentori formali e informali di grande ispirazione. Altri fattori motivanti includono la possibilità di risolvere sfide globali, le prospettive di carriera e una preferenza etica per la ricerca sulle piante rispetto alla sperimentazione animale. Questi risultati evidenziano la necessità di una strategia di divulgazione multicanale che combini l'apprendimento esperienziale, l'impatto concreto e il tutoraggio con opportunità per costruire legami significativi ed emotivi con le piante.

Il calo di interesse per i corsi di laurea nell'ambito della scienza delle piante è stato segnalato già da qualche decennio negli USA, ma con forti analogie per quanto sta accadendo in Europa e, quindi, in


Italia. Questo declino nell'istruzione sulla vita e l'utilizzazione delle piante pone seri rischi in molteplici settori, con una crescente preoccupazione per la nostra incapacità di formare una forza lavoro sufficientemente qualificata per affrontare le sfide ambientali, soprattutto alla luce dei pensionamenti e della scarsa sostituzione degli esperti delle piante. Questa carenza di competenze minaccia le aree di ricerca che hanno il potenziale per affrontare sfide urgenti ma che richiedono solide basi conoscitive degli organismi vegetali. L'implementazione di soluzioni basate sulla natura, essenziali per la mitigazione dei cambiamenti climatici e il ripristino degli ecosistemi, e la nostra capacità di raggiungere gli Obiettivi di Sviluppo Sostenibile dipendono fortemente dalla scienza delle piante. Ciò evidenzia l'urgente necessità di una maggiore consapevolezza e formazione in tale ambito. Sia i governi che i rappresentanti dell'industria a livello mondiale hanno riconosciuto un significativo declino delle conoscenze e delle competenze relative alle piante, evidenziando gravi lacune in questi settori. Nonostante queste preoccupazioni e il crescente corpus di ricerche sulla consapevolezza delle piante, poca attenzione è stata dedicata ai motivi per cui le persone scelgono di intraprendere percorsi di studio e carriere legati alle piante. Si pensa che comprendere le motivazioni e il rapporto degli studiosi con le piante sia fondamentale per invertire il declino della formazione e delle competenze in tale ambito e per ricostruire le capacità in questo settore, attraverso la definizione di interventi di divulgazione, reclutamento e formazione più efficaci. A tal fine, è stato adottato un approccio basato sui dati e tramite le interviste a 421 biologi vegetali di tutto il mondo riguardo alle loro esperienze con le piante e ai fattori che hanno influenzato le loro scelte formative e professionali.

Si sono anche analizzate le differenze tra i diversi gruppi di intervistati. Non è emerso alcun effetto significativo della provenienza geografica (Nord America, Europa vs. altre provenienze) o della professione attuale (Università/Istituto di ricerca vs. altri ambienti di lavoro) sulle risposte ottenute. L'indagine mostra chiaramente che la passione per le piante, il loro specifico sviluppo, la genetica, la fisiologia e l'ecologia siano di fondamentale importanza per intraprendere e mantenere una carriera nelle scienze vegetali.

Nel complesso, i risultati mostrano anche che, sebbene la scienza vegetale sia indubbiamente un'area di ricerca fondamentale per affrontare molte delle sfide globali che dobbiamo aggredire, gli studenti e i ricercatori in questo campo sono principalmente motivati dalla curiosità e dall'entusiasmo per le piante. Pertanto, si assume che questo innato fascino per le piante debba essere al centro delle strategie di comunicazione e divulgazione per condurre la scienza delle piante verso un futuro adeguato ai tempi.

PIANTE COLTIVATE ERBACEE E ARBOREE

(fisiologia, genetica, biotecnologia)

 [MPK3- and MPK6-mediated phosphorylation of STOP1 triggers its nuclear stabilization to modulate hypoxia responses in Arabidopsis](#)

Plant Cell, Volume 37, Issue 11, November 2025

Nelle piante, le risposte all'ipossia includono varie modifiche metaboliche quali l'attivazione di vie di fermentazione, l'acidificazione citosolica e altri cambiamenti biochimici. Tra i fattori che contribuiscono a modificare il metabolismo figurano certamente i fattori di trascrizione che possono regolare una sola caratteristica (tratto), ma spesso ne regolano anche altre, grazie alle loro funzioni pleotropiche, come la tolleranza a vari tipi di stress. In *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), il fattore di trascrizione

SENSITIVE TO PROTON RHIZOTOXICITY 1 (STOP1) contribuisce a regolare le risposte cellulari allo stress da bassa concentrazione di ossigeno; tuttavia, il suo preciso meccanismo rimane in gran parte sconosciuto. STOP1 regola l'espressione di una serie di geni che codificano diverse proteine, principalmente coinvolte nella tolleranza al basso pH. Il sistema di tolleranza ai protoni regola tratti quali la tolleranza alla rizotossicità da protoni e la tolleranza allo stress da carenza di ossigeno che induce acidosi.

In questo studio, gli Autori dimostrano che le linee transgeniche che sovraesprimono STOP1 presentano una maggiore tolleranza all'ipossia e alla sommersione, mentre l'inattivazione di STOP1 riduceva tale tolleranza. STOP1 si accumula durante l'ipossia e viene degradato durante la riossigenazione post-ipossia tramite ubiquitinazione da parte della PLANT U-BOX-TYPE UBIQUITIN LIGASE 24 (PUB24). In condizioni di ipossia, la MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE 3 (MPK3) e la MPK6 hanno interagito con STOP1 e l'hanno fosforilata, competendo con la sua ubiquitinazione mediata da PUB24 e stabilizzando così STOP1 nel nucleo, dove ha attivato la trascrizione della GLUTAMATE DEHYDROGENASE 1 (GDH1) e della GDH2 per l'omeostasi cellulare del metabolismo acido durante l'ipossia. La mutazione di 3 residui fosforilati in STOP1 in alanina ha attenuato il suo accumulo nucleare e diminuito la tolleranza all'ipossia mediata da STOP1. Inoltre, il gruppo dei ricercatori cinesi, che ha condotto queste sperimentazioni presso le Scuole di Scienze della Vita e di Agricoltura e Biotecnologie della Università Sun Yat-sen di Guanzhou, ha identificato l'acido fosfatidico come un modulatore critico dell'associazione MPK3/6–STOP1. Nel complesso, questi risultati rivelano un meccanismo biochimico antagonista in cui la fosforilazione dipendente da MPK3/6 e l'ubiquitinazione dipendente da PUB24 di STOP1 modulano il suo accumulo nucleare per controllare le risposte all'ipossia in *Arabidopsis*.

NUP50c defines a conserved nuclear basket module with NUP82 and NUP136 to mediate mRNA export and gene regulation in plant

Plant Cell, Volume 37, Issue 11, November 2025

Il nuclear basket (NB) è un imponente assemblaggio macromolecolare nell'involucro nucleare responsabile del trasporto nucleocitoplasmatico. Nonostante i grandi progressi nella conoscenza della sua struttura, le regioni periferiche possono mostrare una notevole variabilità; infatti esse comprendono centinaia di proteine di oltre trenta tipi diversi e noti come nucleoporine (Nup) che si assemblano in più anelli sia sul lato nucleare che citoplasmatico. Tale struttura periferica chiave del complesso del poro nucleare (NPC) svolge ruoli essenziali nel trasporto dell'mRNA eucariotico, nell'organizzazione della cromatina e nella regolazione dell'espressione genica. Tuttavia, i meccanismi architettonici e funzionali del NB nelle piante rimangono poco caratterizzati. In questo studio, abbiamo combinato la marcatura di prossimità con l'imaging a fluorescenza per esaminare NUP50c, un paralogo di NUP50 in *Arabidopsis thaliana*. A differenza dei suoi paraloghi nucleoplasmatici NUP50a/b, NUP50c si localizza specificamente nel NB alla periferia nucleare. L'analisi strutturale ha rivelato che NUP50c contiene α -eliche conservate che mediano la sua interazione con i foglietti β di NUP82, consentendo il suo ancoraggio all'NPC. La modellazione AlphaFold-Multimer e i saggi di interazione proteina-proteina condotti su lievito e su *Nicotiana benthamiana* hanno confermato la formazione di un complesso NUP50c-NUP82-NUP136 evolutivamente conservato in *Arabidopsis*, *Oryza sativa* e *Solanum lycopersicum*. In particolare, la distruzione simultanea di NUP50c con NUP136 o con entrambi NUP82 e NUP136 ha determinato difetti dello sviluppo e risposte allo stress, accompagnati da profili di trascrizione alterati e da una marcata ritenzione nucleare dell'mRNA.

Questi risultati stabiliscono NUP50c come un componente effettivo del corpo nucleare (NB) che coopera con NUP82/NUP136 per mediare il trasporto dell'mRNA e regolare l'espressione genica, migliorando la nostra comprensione dell'assemblaggio e della funzione del basket nucleare nelle piante.

Rainfall patterns during barley seed development underlie genomic variation for germination after flooding

Plant Physiology, Volume 199, Issue 3, November 2025

La diversità delle risorse genetiche vegetali è il risultato di complessi processi evolutivi, tra cui l'adattamento agli stress ambientali. Attualmente, le risorse genetiche vegetali adattate localmente, in particolare le specie selvatiche affini alle colture e le varietà locali, sono di primario interesse, poiché rappresentano serbatoi di un'ampia e inesplorata diversità genetica per l'adattamento locale ed estremo. Nelle collezioni di germoplasma, le accessioni di specie selvatiche e locali possono essere ricondotte ai loro siti geografici di raccolta originari, utilizzando i dati del passaporto genetico, che forniscono preziose informazioni sulla diversità pedoclimatica della loro area di coltivazione. Queste informazioni possono essere utilizzate per testare le associazioni tra la diversità locale e i loci genomici responsabili dell'adattamento tramite studi di associazione genomica ambientale (eGWAS). Questi loci e la loro diversità allelica sono uno strumento utile per orientare il miglioramento genetico delle piante verso l'adattamento ambientale. Precedenti studi hanno esaminato le risorse genetiche dell'orzo in Etiopia, identificando geni candidati associati alla variazione di temperatura e precipitazioni. Questi approcci hanno inoltre evidenziato le aree in cui l'attuale diversità delle risorse genetiche dell'orzo potrebbe essere scarsamente adattata ai climi futuri. Elevati livelli di precipitazione durante la stagione di crescita possono provocare allagamenti del suolo che limitano significativamente la produttività delle colture. L'orzo (*Hordeum vulgare*) è uno dei cereali più importanti a livello mondiale e funge da modello per lo studio delle risposte molecolari delle piante ai cambiamenti climatici, grazie alla sua ampia adattabilità e diffusione in diversi ambienti. Il gruppo di ricercatori della Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa ha esplorato le associazioni genetiche di una collezione globale di varietà locali e selvatiche di orzo con i regimi pluviometrici registrati nelle loro aree di coltivazione. È stato scoperto che i modelli di precipitazione osservati durante i mesi più secchi dell'anno, corrispondenti al periodo di sviluppo dei semi, erano significativamente correlati con la successiva capacità degli accessi di orzo a germinare dopo un allagamento. Successivamente è stato condotto uno studio di associazione genomica ambientale (eGWAS) e si sono analizzati i dati di sequenziamento dell'esoma, che hanno rivelato una regione ristretta sul cromosoma 1 dell'orzo con una possibile influenza sulla risposta dell'orzo ai modelli di precipitazione. Utilizzando approcci molecolari, sono stati identificati geni coinvolti nella morfologia e nella dormienza dei semi, cruciali per la germinazione dell'orzo nel terreno dopo un evento alluvionale in un ambiente naturale.

Dynamic light intensity improves light use efficiency of lettuce in vertical farming: quantifying light interception through 3D phenotyping analysis

Computers and Electronics in Agriculture Volume 242, 15 February 2026

L'agricoltura verticale (vertical farming, VF) rappresenta, secondo questo studio, una soluzione promettente per affrontare le sfide globali legate alla sicurezza alimentare e all'urbanizzazione. Tuttavia,

la sua diffusione su larga scala è ancora limitata dagli elevati costi operativi, in particolare quelli associati all'illuminazione artificiale. Per superare questo limite, risulta fondamentale migliorare l'efficienza di utilizzo della luce (light use efficiency, LUE) attraverso strategie di controllo intelligenti. Sebbene numerosi studi abbiano analizzato gli effetti dell'intensità luminosa sulla crescita della lattuga, pochi hanno preso in esame i potenziali vantaggi di una regolazione dell'illuminazione specifica per stadio di sviluppo. In questo lavoro è stata sviluppata una linea automatizzata di fenotipizzazione 3D, basata sulla ricostruzione multi-vista, per quantificare la morfologia della chioma e l'intercettazione della luce. Su questa base quantitativa è stato condotto un esperimento di illuminazione dinamica su lattuga coltivata in una VF commerciale, al fine di valutare quattro strategie dinamiche di intensità luminosa. La piattaforma di fenotipizzazione 3D ha mostrato prestazioni promettenti nell'estrazione delle informazioni sulla chioma, con errori RMSE pari a 0,79 cm per l'altezza della pianta, 1,05 cm per il diametro della chioma e 44,3 cm² per l'area fogliare stimata. Tra le strategie valutate, il regime di illuminazione dinamica "alto-basso-alto", caratterizzato da una maggiore intensità luminosa nelle fasi iniziali e finali del ciclo di crescita e da una minore intensità nella fase intermedia, ha ottimizzato efficacemente la morfologia della chioma favorendo una migliore intercettazione della luce. Questo trattamento ha determinato un aumento significativo del peso fresco e del peso secco, rispettivamente del 28% e del 65%, rispetto a un regime di illuminazione costante. Inoltre, la LUE, calcolata sulla base degli integrali luminosi incidenti e intercettati, è risultata incrementata rispettivamente del 67% e del 19%, con una riduzione del 24% del consumo energetico per unità di peso fresco prodotto. L'analisi della qualità nutrizionale ha infine evidenziato un aumento dei contenuti di zuccheri solubili e di amido. Nel complesso, l'integrazione di tecniche avanzate di fenotipizzazione 3D con strategie di controllo dinamico dell'intensità luminosa dimostra il potenziale di sistemi decisionali intelligenti per migliorare l'efficienza produttiva e l'uso dell'energia nell'agricoltura verticale applicata.

La figura 1 tratta da questa stessa review (vedi [link](#)) riporta la Progettazione sperimentale che integra lo sviluppo di metodologie di fenotipizzazione 3D con la valutazione della strategia di illuminazione dinamica in una *vertical farm* (VF). (a) Allestimento sperimentale nella struttura della VF di piante con pannelli di coltivazione verticali e una camera di germinazione. (b) Quadro sperimentale che mostra lo sviluppo della metodologia (Esperimento 1) supporto all'ottimizzazione della strategia di illuminazione (Esperimento 2)

TECNOLOGIA E AGRICOLTURA DI PRECISIONE

Orchard Soil Health - Current Challenges and Future Perspectives

Horticulturae 2025, 11(10)

La salute dei suoli è definita come "la capacità continua del suolo di agire come ecosistema vitale e vivente che supporta piante, animale, umani". Globalmente, i suoli coltivati sono affetti da molteplici processi di degradazione e questo compromette spesso largamente l'adozione di criteri di sostenibilità. In particolare, tra i diversi sistemi coltivati, i frutteti, causa la loro complessa e poliennale gestione, sono oggetto di processi e insidie alla salute significativamente maggiori rispetto ai suoli destinati ad altre colture.

Ci sono da tenere in conto molte peculiarità che caratterizzano il suolo dei frutteti. Le piante arboree hanno sistemi radicali profondi, vigorosi in grado di assorbire dagli strati profondi del terreno, attenuando quindi la fluttuazione dei nutrienti a livello superficiale. La sostanza organica viene generata dalle foglie cadute sul suolo, dalla apoptosi delle radici, e dai residui di potatura, con un ciclo che può approssimarsi come simile a quello dei boschi, e che potenzialmente quindi consente un accumulo a

lungo termine di sostanza organica. Il sistema radicale delle piante da frutto è immobilizzato per molti anni ed assorbe nutrienti in modo continuativo, mentre l'input dei nutrienti somministrato con le concimazioni è concentrato prevalentemente nello strato di suolo superficiale: questo contribuisce a creare un gradiente che vede la loro concentrazione decrescere con la profondità. Al contrario, i suoli su cui si coltivano le colture annuali producono grandi quantità di biomassa in ogni stagione di raccolta, con rapida perdita di nutrienti e alta dipendenza dalla fertilità esogena, dalle frequenti lavorazioni del suolo ma con distribuzione dei nutrienti stessi molto più uniforme. Anche la comunità microbica differisce e causa differenze di copertura del suolo da parte della vegetazione, e delle diverse lavorazioni, il che influenza il bilancio del carbonio, la funzionalità e diversità dei microrganismi presenti.

Sebbene quindi i frutteti abbiano maggiore capacità di gestione dei nutrienti sul breve termine, a lungo termine i suoli su cui vengono coltivati sono soggetti a ciò che può essere definito "degrado nascosto", legato alla possibile compattazione, accumulo di metalli, microplastiche e residui di pesticidi, calo di antibiotici organici in buona salute.

Nonostante il comune problema, della salvaguardia della salute di questi sistemi produttivi, diversi stati e diverse regioni hanno adottato un solo proprio standard di classificazione, rendendo i propri studi certamente utili a scala locale ma non sostanziali per affrontare in modo globale il problema. Questa frammentazione è un punto debole che necessita di approcci internazionalmente condivisi. Inoltre, non esistono univoci standard per uno screening della salute dei suoli in frutteto, e quindi per stabilire indici comparabili, e applicabili in modo pratico, di classificazione.

La review, disponibile al link sovramentionato, espone in modo molto chiaro e comprensivo i diversi aspetti legati allo stato di salute, al suo mantenimento e al suo monitoraggio, riportati in modo sommario nella [figura](#) sottostante.

FISIOLOGIA DEL FRUTTO

Fruit respiration: putting alternative pathways into perspective

New Phytologist Vol. 250 Issue 1, April 2026


Per molte colture il frutto rappresenta l'obiettivo finale della produzione agraria. Dal punto di vista biochimico e fisiologico, il frutto presenta caratteristiche piuttosto particolari a cominciare dal

metabolismo e dall'andamento della respirazione che, in molte specie, aumenta in maniera marcata verso la fine del periodo di crescita, innescando la sindrome di maturazione. Rilevanti scoperte sulla sintesi, diffusione e catabolismo dell'etilene sono state ottenute da studi condotti su frutti carnosì che, in tempi più recenti, hanno anche costituito il sistema modello per chiarire i meccanismi di azione e individuare i recettori cellulari per questo ormone gassoso. Inoltre, la ricerca a livello molecolare ha ampliato e approfondito le conoscenze sulla fisiologia del frutto. Il presente articolo si concentra sulla rilevanza funzionale e sui ruoli regolatori delle vie respiratorie alternative mitocondriali (ARP, alternative respiration pathways) durante la crescita e la maturazione dei frutti. Alla luce delle recenti scoperte sull'ossidasi alternativa, sulle proteine disaccoppianti e sulle deidrogenasi NAD(P)H di tipo II (NDII) viene rivisitata la distinzione classica tra frutti climaterici e non climaterici. Già da tempo è noto che esistono situazioni intermedie in cui la tradizionale corrispondenza tra picco di respirazione e picco di etilene dei frutti climaterici o la assenza di tali picchi dei frutti non climaterici ha messo in discussione una rigida classificazione. Situazioni intermedie tra caratteri di frutti climaterici ed altre di frutti non climaterici sono state evidenziate non solo confrontando frutti di diverse specie ma anche tra varietà della stessa specie, come nel caso del cetriolo.

Le diverse componenti della respirazione appaiono sempre più fondamentali per il mantenimento della flessibilità metabolica, dell'equilibrio energetico e dell'omeostasi redox, a sostegno sia del metabolismo primario che di quello secondario, per cui possono contribuire a formulare un modello unico di interpretazione del metabolismo del frutto. Il processo di rifissazione della CO₂ respirata e il metabolismo degli acidi organici nel frutto, che spesso mostrano caratteristiche simili a quelle dei sistemi C₄ o CAM, impongono esigenze particolari al trasporto di elettroni nei mitocondri, mentre l'eterogeneità spaziale del metabolismo e la disponibilità di O₂ nei vari tessuti tendono a regolare l'attività respiratoria. Viene anche discusso il rapporto tra respirazione, biosintesi dell'etilene e segnali di trasmissione, con particolare attenzione ai meccanismi retroattivi (feedback) che coinvolgono la regolazione mitocondriale e il controllo redox-sensibile della maturazione. In prospettiva, rimangono ancora lacunose le analisi del flusso in vivo, la profilazione energetica a livello tissutale e la caratterizzazione funzionale dei componenti ARP. Per quanto riguarda la conservazione post-raccolta, le strategie di ingegnerizzazione metabolica delle ARP consentono di sviluppare strategie complementari a quelle basate sull'etilene per il miglioramento del valore nutrizionale, della resistenza a stress e della qualità in senso lato del frutto.

FUNGHI E AMBIENTE

Impiego di funghi benefici per un'agricoltura sostenibile

 [Phenogenomics reveals the ecology and evolution of *Trichoderma* fungi for sustainable agriculture](#)

Nature Microbiology Volume 11, (2026)

Alcuni funghi del genere *Trichoderma* (Hypocreales, Ascomycota) sono riconosciuti come organismi versatili e benefici per le piante. Quando introdotto nel suolo agricolo, *Trichoderma* è in grado di stabilirsi nella rizosfera della maggior parte delle colture, migliorandone le risposte immunitarie, la tolleranza allo stress, la crescita e la resa. In quanto micoparassiti naturali, i ceppi di *Trichoderma* possono antagonizzare direttamente funghi fitopatogeni e nematodi, influenzando così il microbioma delle colture. Per questo motivo, grandi quantità di spore di *Trichoderma* vengono prodotte a livello globale e applicate ai suoli agricoli come biostimolanti e prodotti per la protezione delle piante; il loro utilizzo è destinato ad aumentare nell'ambito di politiche che promuovono un'agricoltura più sostenibile e la riduzione dei prodotti di sintesi.

Il genere *Trichoderma* comprende oltre 500 specie, per lo più associate al legno in decomposizione o al micoparassitismo. Tra queste, *Trichoderma reesei*, caratterizzata da uno stile di vita fitosaprotrofico e micoparassitario, è ampiamente sfruttata per la produzione di enzimi cellulolitici. Tuttavia, gli impieghi agronomici si basano su un numero ristretto di specie cosmopolite, presumibilmente edafiche e comunemente presenti nei suoli e nelle rizosfere, tra cui *Trichoderma afroharzianum*, *Trichoderma asperellum*, *Trichoderma asperelloides*, *Trichoderma atroviride*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma longibrachiatum* e *Trichoderma virens*.

Sebbene non siano strettamente imparentate, queste specie condividono tratti ecologici tipici di organismi opportunisti, come un marcato micoparassitismo, una rapida crescita in vitro e un'elevata capacità di sporulazione. Alcune possono infettare individui immunocompromessi e/o causare epidemie di muffa verde nelle coltivazioni di funghi, mentre altre colonizzano fusti legnosi, radici e foglie come endofiti. Sono tuttavia in aumento le segnalazioni di patogenicità sulle colture, tra cui il recente marciume della spiga del mais causato da *T. afroharzianum*, che ha portato all'inserimento di questa

specie nella Alert List dell'EPPO. L'emergere di comportamenti patogeni richiede ulteriori approfondimenti ecologici e genetici.

Questo lavoro, condotto nell'ambito del Community Science Program del U.S. Department of Energy Joint Genome Institute, coordinato dal Royal Botanic Gardens (Kew) in collaborazione con una rete internazionale di ricercatori ha utilizzato tecniche di machine learning per correlare dati genomici provenienti da 37 ceppi di *Trichoderma* con oltre 140 tratti fenotipici, comprendenti versatilità metabolica, interazioni biotiche, tolleranza allo stress e strategie riproduttive. I risultati hanno evidenziato che *Trichoderma* è un genere antico, geneticamente coeso ma fisiologicamente molto diversificato, con spore capaci di germinare in acqua e di disperdersi sia per via aerea sia attraverso goccioline d'acqua. Le analisi condotte sono coerenti con fenomeni di spostamento dei caratteri tra specie strettamente imparentate e con processi di evoluzione convergente in linee evolutive distanti; entrambi contribuiscono a modellare la plasticità ecologica e tratti quali le modalità di dispersione, la colonizzazione degli ambienti terrestri e l'endofitismo.

Questo studio fenogenomico su scala di genere ha messo in evidenza caratteristiche ecofisiologiche distintive, tra cui l'associazione con la fillosfera arborea nelle foreste tropicali, una marcata divergenza tra ceppi affini e relazioni tra geni core e tratti legati alla fitness.

Nel complesso, i risultati mostrati chiariscono le basi genetiche della plasticità ecologica di *Trichoderma* e segnalano possibili criticità di biosicurezza per le specie opportuniste, evidenziando la necessità di criteri basati su solide evidenze scientifiche per massimizzare i benefici agricoli riducendo al minimo i rischi.

Mechanisms of *Trichoderma*-induced plant immunity: An RNA-epigenetic perspective *Plant Science* Vol. 365, 113030 (2026)

I funghi benefici associati alle radici possono aumentare la resistenza delle piante a livello sistemico senza attivare in modo costitutivo le difese. Tuttavia, i meccanismi alla base di questa comunicazione molecolare duratura e a basso costo energetico restano ancora poco chiari. Il mutualismo tra pianta e isolati appartenenti al genere *Trichoderma* rappresenta un modello ben caratterizzato di interazione benefica pianta-fungo, in cui la resistenza indotta viene mantenuta anche in assenza di una continua attivazione trascrizionale delle difese.

Un numero crescente di evidenze indica che i piccoli RNA, tra cui microRNA (miRNA), small interfering RNA (siRNA) e long non-coding RNA (lncRNA), svolgono un ruolo centrale nella regolazione del priming immunitario durante le interazioni tra *Trichoderma* e le piante. Questi processi modulano la capacità di risposta difensiva, la sensibilità ormonale e la regolazione associata alla cromatina.

In questa revisione, gli autori sintetizzano i recenti progressi nello studio dei piccoli RNA nell'immunità vegetale indotta da *Trichoderma*, con particolare attenzione al loro ruolo come componenti di un sistema regolativo coordinato. Integrando evidenze provenienti dalla dinamica degli RNA, dalla regolazione epigenetica e dalla segnalazione sistemica, gli autori analizzano come questi meccanismi contribuiscano all'instaurazione e al mantenimento di stati immunitari inducibili.

Parallelamente, le modificazioni epigenetiche sono state associate alla persistenza e alla reversibilità degli stati immunitari "primed". Tuttavia, questi livelli regolativi sono spesso studiati separatamente, limitando la comprensione dei meccanismi che consentono sia la stabilizzazione sia la flessibile riprogrammazione delle risposte immunitarie.

La resistenza sistemica indotta (ISR) e la resistenza sistemica acquisita (SAR) hanno tradizionalmente fornito un quadro utile per classificare le risposte immunitarie a lunga distanza nelle piante. Tuttavia, evidenze crescenti indicano che queste forme di resistenza condividono caratteristiche molecolari sovrapposte e mostrano una notevole plasticità in funzione del contesto ambientale e del tipo di interazione biologica. Nei sistemi pianta–funghi benefici, l’attivazione immunitaria non presenta confini netti tra i marcatori associati a ISR e SAR, poiché segnalazione ormonale, risposte trascrizionali e priming mostrano andamenti gradualmente piuttosto che binari. Questa natura continua delle risposte ha sollevato interrogativi sul fatto che ISR e SAR debbano essere considerate vie distinte oppure manifestazioni contestuali di un’unica architettura regolativa condivisa.

Gli autori propongono una prospettiva integrata RNA–epigenetica per reinterpretare ISR e SAR come configurazioni dipendenti dal contesto all’interno di un’architettura regolativa condivisa, in cui processi multilivello determinano risposte immunitarie vegetali flessibili ed efficienti dal punto di vista energetico. In questa visione, la separazione rigida tra ISR e SAR tende a mascherare la logica che governa l’instaurazione degli stati immunitari inducibili nelle interazioni benefiche pianta–fungo.

Infine, considerando la regolazione mediata da RNA e le modificazioni epigenetiche come parti di un continuum funzionale, gli autori mostrano come le priorità immunitarie definite dai piccoli RNA possano consolidarsi in stati cromatinici che mantengono l’inducibilità senza imporre costi costitutivi. Questo quadro interpretativo offre una spiegazione coerente dell’organizzazione dell’immunità indotta da *Trichoderma* nei diversi livelli molecolari della pianta.

ZOOTECNIA

Le applicazioni del BLUP per il miglioramento genetico

Impact of Model Parameterisation and Variance Component Estimates on Genomic Predictions of Carcass Traits in Montana Composite Cattle

Journal of Animal Breeding and Genetics Vol. 143, pages 431–442 (2026)

Il bovino composito Montana deriva dall’incrocio tra *Bos indicus* e *Bos taurus*, con l’obiettivo di combinare elevata produttività, qualità della carne e adattamento ai climi tropicali e subtropicali. La popolazione è caratterizzata da una composizione genetica articolata in quattro tipi biologici (N, A, B, C) e sfrutta fenomeni come eterosi, complementarità e ricombinazione, che contribuiscono al vigore ibrido e all’aumento della variabilità genetica.

Nel miglioramento genetico, la corretta stima delle componenti di varianza e dei parametri genetici è fondamentale per selezionare animali superiori. In questo contesto, l’inclusione nei modelli di effetti non additivi (eterosi e ricombinazione) e dei tipi biologici è cruciale per evitare distorsioni: la loro esclusione può portare a una sovrastima dell’ereditabilità e a previsioni inaccurate dei valori genetici. Nonostante ciò, molti studi precedenti hanno considerato l’eterosi ma trascurato la ricombinazione, che invece ha un ruolo chiave nella generazione di variabilità genetica.

Lo studio confronta diversi approcci per stimare le componenti di varianza nei caratteri della carcassa (come area del muscolo longissimus, grasso sottocutaneo, grasso intramuscolare e grasso della costola), utilizzando sia matrici di parentela da pedigree (BLUP) sia matrici genomiche (ssGBLUP), oltre a modelli genetici con diversi livelli di complessità.

I risultati mostrano che le stime di ereditabilità variano poco tra modelli, ma tendono a essere più basse quando si includono più effetti (modelli più parametrizzati), poiché questi catturano meglio la variabilità fenotipica.

i modelli più complessi offrono un miglior adattamento statistico (AIC, BIC, LRT), confermando l'importanza di includere effetti genetici rilevanti nelle popolazioni composite. L'inclusione dell'informazione genomica (ssGBLUP) migliora il fit del modello e aumenta le stime di varianza genetica additiva ed ereditabilità, riducendo quella residua; tuttavia, questi miglioramenti non si traducono necessariamente in una maggiore capacità predittiva.

Dal punto di vista predittivo i modelli meno complessi risultano più robusti e accurati, con minore bias e migliore dispersione delle stime. Al contrario, i modelli più parametrizzati possono soffrire di overfitting, soprattutto quando i dati sono limitati o sbilanciati.

L'uso della genomica può introdurre bias (ad esempio per genotipizzazione selettiva o bassa percentuale di animali genotipizzati), portando a una sovrastima dei valori genetici; in alcuni casi, le stime basate solo su pedigree risultano più affidabili per la predizione.

Inoltre, l'efficacia dell'uso della matrice genomica dipende da fattori come struttura della popolazione, frequenze alleliche e rappresentatività del campione genotipizzato, particolarmente critici nelle popolazioni composite.

In conclusione, lo studio evidenzia un compromesso importante:

modelli più complessi e con genomica → migliori per stimare le componenti di varianza e comprendere la genetica dei caratteri;

modelli più semplici → migliori per la previsione dei valori genetici e l'applicazione pratica nella selezione.

Pertanto, la scelta del modello deve essere guidata dall'obiettivo (stima vs previsione) e dalle caratteristiche dei dati disponibili.

Genomic predictions of mastitis-related traits early in the first lactation of dairy heifers using a single-step genomic approach

Journal of Dairy Science Vol.109, pages 4184–4194 (2026)

Lo studio analizza il ruolo della selezione genomica nel miglioramento della resistenza alla mastite nelle manze Frisone canadesi durante la prima fase di lattazione (5–30 giorni). La mastite è una delle malattie più diffuse e costose nel settore lattiero-caseario, con impatti negativi su produzione, benessere animale e redditività. In particolare, la forma subclinica (SCM), identificata tramite un aumento del conteggio delle cellule somatiche (SCC), è molto frequente nelle prime fasi di lattazione, quando gli animali sono più vulnerabili a causa di cambiamenti fisiologici e metabolici.

Dal punto di vista genetico, i caratteri legati alla mastite presentano una bassa ereditabilità (circa 0.03–0.10), rendendo lento il progresso con i metodi tradizionali. Per questo motivo, lo studio valuta l'efficacia della selezione genomica, in particolare del metodo single-step GBLUP (ssGBLUP), che integra simultaneamente informazioni fenotipiche, pedigree e genomiche, rispetto al metodo tradizionale BLUP.

Sono stati analizzati diversi indicatori di mastite subclinica (6 definizioni basate su diverse soglie di SCC) e il punteggio delle cellule somatiche (SCS). I risultati mostrano che: la prevalenza della mastite subclinica varia tra circa il 15% e il 25%, con valori più elevati a soglie di SCC più basse. L'ereditabilità dei caratteri SCM è molto bassa (<0.07), mentre per SCS è leggermente più alta (~ 0.10). L'ereditabilità diminuisce all'aumentare della soglia di SCC, poiché diminuisce la frequenza del carattere.

Dal punto di vista predittivo i valori genetici stimati con BLUP tradizionale (EBV) mostrano bassa affidabilità (≤ 0.08); l'inclusione delle informazioni genomiche tramite ssGBLUP aumenta in modo

significativo l'affidabilità delle predizioni (GEBV), con un incremento medio di circa +0.27; anche le affidabilità teoriche risultano molto più alte con ssGBLUP rispetto al BLUP tradizionale.

Tuttavia, emerge anche la presenza di bias nelle predizioni: sia EBV che GEBV tendono a essere "inflazionati" (coefficiente di regressione <1), sovrastimando il valore genetico reale; il bias è influenzato da diversi fattori, tra cui selezione degli animali genotipizzati, dati limitati, incompatibilità tra matrici pedigree (A) e genomica (G) e bassa affidabilità iniziale. L'uso di fattori di scaling (τ e ω) nella matrice genomica influisce su affidabilità e bias: valori ottimali ($\tau = 0.5$, $\omega = 1.0$) permettono un buon compromesso tra accuratezza e distorsione.

Un aspetto importante riguarda l'effetto della genomica. L'inclusione dei dati genomici migliora nettamente l'accuratezza della selezione, soprattutto per caratteri a bassa ereditabilità come la mastite; tuttavia, i risultati dipendono dalla struttura della popolazione, dalla quantità di dati disponibili e dalla rappresentatività degli animali genotipizzati.

Infine, lo studio evidenzia che la selezione genomica è particolarmente utile per migliorare caratteri difficili come la resistenza alla mastite. Il metodo ssGBLUP rappresenta una valida alternativa al metodo tradizionale, perché più semplice, meno soggetto a bias da pre-selezione e più efficace nell'integrare diverse fonti di informazione. L'adozione di questo approccio potrebbe migliorare significativamente i programmi di selezione nel settore lattiero-caseario canadese.

L'integrazione della genomica tramite ssGBLUP consente un notevole miglioramento dell'accuratezza e dell'efficacia della selezione per la resistenza alla mastite nelle prime fasi di lattazione, pur richiedendo attenzione nella gestione del bias e nella scelta dei parametri del modello.

NORMATIVA

Tutela agroalimentare, il Parlamento approva la riforma: stretta su frodi, tracciabilità e filiera bufalina

Il Parlamento italiano ha approvato in via definitiva un disegno di legge volto a rafforzare la tutela dei prodotti agroalimentari nazionali, con un intervento ampio che non si limita ad aumentare le sanzioni, ma riorganizza in modo più sistematico l'intero apparato di controlli, tracciabilità e repressione delle frodi. L'obiettivo centrale è duplice: da un lato proteggere i consumatori, dall'altro salvaguardare economicamente le filiere virtuose, in particolare quelle legate alle produzioni di qualità certificata come DOP e IGP, che rappresentano un comparto strategico per l'economia italiana.

Una delle innovazioni principali riguarda l'introduzione di nuovi reati specifici nel campo agroalimentare. Viene ampliata la nozione di frode alimentare, includendo non solo la vendita ma anche fasi precedenti come importazione, esportazione, trasporto e distribuzione. In questo modo la tutela penale viene anticipata lungo tutta la filiera.

Inoltre, vengono inasprite le pene per il commercio di alimenti con indicazioni ingannevoli e vengono introdotte aggravanti specifiche. Questo approccio mira a colpire più efficacemente le condotte fraudolente strutturate e organizzate.

Il provvedimento rafforza in modo significativo la protezione delle indicazioni geografiche. Le sanzioni per contraffazione di DOP e IGP vengono aumentate (fino a 4 anni di reclusione e multe fino a 50.000 euro) e si estendono anche ad attività preparatorie alla commercializzazione, come trasporto ed esportazione.

È prevista anche la confisca obbligatoria in alcuni casi, rendendo la risposta sanzionatoria più incisiva. Questo intervento riflette il peso economico crescente del settore e la necessità di difenderne autenticità e reputazione.

Un focus importante riguarda l'uso delle denominazioni legate al "latte". Viene rafforzato il sistema sanzionatorio per chi utilizza impropriamente queste denominazioni o fornisce informazioni scorrette su ingredienti e origine.

Le sanzioni possono arrivare fino a 32.000 euro o al 3% del fatturato annuo. Il messaggio è chiaro: la correttezza dell'etichettatura e della comunicazione commerciale è considerata un elemento essenziale del funzionamento del mercato.

Il disegno di legge introduce una misura specifica per la filiera del latte di bufala: la creazione di un registro digitale unico (all'interno del SIAN) in cui dovranno essere inseriti quotidianamente i dati su produzione, trasformazione e commercializzazione. Questa innovazione amplia il controllo dall'ambito ristretto della mozzarella DOP all'intera filiera bufalina, includendo anche ingredienti e additivi. L'obiettivo è aumentare trasparenza e capacità di controllo, soprattutto in un settore storicamente esposto a criticità.

Le sanzioni per violazioni della tracciabilità sono elevate (fino a 150.000 euro o percentuali del fatturato), per scoraggiare comportamenti opachi o irregolari.

Oltre alla repressione, il provvedimento punta a migliorare l'efficienza del sistema dei controlli. Viene formalizzata la "Cabina di regia" già esistente, con il compito di coordinare le attività ispettive, evitare duplicazioni e pianificare interventi mirati. Questo rappresenta un passaggio importante: non solo più controlli, ma controlli meglio organizzati e più efficaci lungo tutta la filiera.

Tra le novità operative figura il "blocco ufficiale temporaneo", che consente alle autorità di fermare prodotti o mezzi in presenza di irregolarità formali (ad esempio documentali), senza ricorrere subito al sequestro.

L'obbligo di destinare i prodotti sequestrati ma ancora idonei al consumo a enti pubblici o caritatevoli un contrassegno volontario per prodotti DOP e IGP, utile per rafforzarne autenticità e riconoscibilità. Implicazioni per le imprese.

Il provvedimento invia un messaggio chiaro al settore agroalimentare: origine, tracciabilità e trasparenza diventano elementi centrali della competitività; il sistema dei controlli sarà più digitale, continuo e strutturato

le sanzioni saranno più severe e più difficili da eludere. In particolare, la filiera bufalina emerge come ambito prioritario di intervento, con un sistema di monitoraggio più stringente e capillare.

Nel complesso, la riforma segna il passaggio da un sistema prevalentemente repressivo a uno più integrato, che combina prevenzione, controllo e sanzione. Resta però un punto cruciale: l'efficacia reale dipenderà dai decreti attuativi e dalla capacità concreta di applicare le nuove regole senza appesantire eccessivamente le imprese corrette, ma colpendo davvero le frodi più strutturate.

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