



ACCADEMIA DEI GEORGOFILI

OSA-NEWS

Osservatorio Scientifico per l'Agricoltura

Marzo – 2026

POLITICA, ORGANIZZAZIONE E COMUNICAZIONE DELLA SCIENZA

Plant Physiology Focus Collection on Plant Ecophysiology

Febbraio 2026

Si è tenuto recentemente un interessante webinar focalizzato sulla ecofisiologia delle piante. La ecofisiologia è sempre stata di grande interesse per chiunque studi le piante, non solo perché riguarda lo stretto rapporto pianta-ambiente, fondamentale per la vita degli organismi verdi, ma anche perché obbliga al passaggio dalle piante singole alle piante collettivamente intese, sia negli ecosistemi naturali che in quelli agrari.

Gli studi ecofisiologici sono progrediti molto negli ultimi lustri, spinti, principalmente, dalla necessità di comprendere sempre più le implicazioni del cambiamento climatico sui primari processi fisiobiochimici delle piante: fotosintesi, respirazione, rapporto acqua/pianta, nutrizione, risposta agli stress biotici e abiotici.

Tra i relatori che hanno introdotto i principali argomenti da discutere, era presente **Amanda Cardoso** della Universidade Federal de Viçosa, Brasile; la Cardoso, ha conseguito il dottorato di ricerca, sui movimenti stomatici e i flussi xilematici in relazione alla siccità, presso l'Università di Tasmania (Australia) e, successivamente, ha lavorato come postdoc presso la Purdue University (USA), concentrandosi sull'evoluzione delle risposte stomatiche all'acido abscissico e sulle conseguenze dell'embolia xilematica indotta dalla siccità sulla funzionalità delle piante. Al momento Amanda Cardoso è professoressa di "crop physiology" presso la North Carolina State University con il principale interesse scientifico centrato sulla individuazione dei meccanismi strutturali e funzionali di resilienza al clima, con l'obiettivo di generare nuove conoscenze ai fini della migliore coltivazione delle piante allevate in condizioni climatiche avverse.

Altro relatore è stato **Thomas Williams**, laureatosi in biochimica molecolare e cellulare, ha ottenuto successivamente un PhD presso l'Università di Oxford sull'uso del ^{13}C nell'analisi del flusso metabolico del ciclo di Krebs nelle piante. Nel 2010, trasferitosi in Brasile, presso l'Università di Viçosa, ha studiato il metabolismo del saccarosio nelle cellule guardia stomatiche. Divenuto nel 2012 professore dell'Università di Brasilia nel Dipartimento di Botanica si è dedicato alla modulazione, su scala genomica, del complesso metabolismo delle piante in condizioni di stress, in particolare nello stress da siccità e in quello -opposto- da sommersione.

Infine, **Sabina Villandagos**, Bachelor of Science (BSc) in Biochimica dell'Università Autonoma di Madrid e successivamente PhD in Ecologia, Scienze ambientali e Fisiologia vegetale all'Università di

Barcellona, ha svolto ricerche sui meccanismi di acclimatazione in condizioni di estrema siccità in specie vegetali tolleranti allo stress. La sua ricerca riguarda sostanzialmente due linee: a) l'acclimatazione allo stress in condizioni estreme verificata primariamente come risposte ormonali allo stress abiotico in specie diverse come *Sempervivum tectorum* (Crassulacea, pianta succulenta), *Iris pseudacorus* (giaggiolo acquatico o Iris delle paludi) e *Posidonia oceanica* (pianta acquatica); b) le alghe nella conservazione della biodiversità, argomento affrontato con l'obiettivo di esaminare il potenziale delle alghe -anche invasive- per la produzione di biostimolanti derivati da organismi vegetali.

Lo webinar si è concluso con una convinta dichiarazione dei ricercatori di continuare a lavorare per dare il più forte supporto all'agricoltura, in termini innovativi, al fine di garantire una sufficiente produzione alimentare nel futuro.

 [Buckingham openly called “charlatans” researchers he disagreed with: Is it good, really, that this kind of forthrightness is now frowned upon?](#)

Saint Loup Research Institute Discussion Papers Volume 6, Paper 3, 2025

La quantità delle pubblicazioni e gli indici bibliometrici sono oggi diffusamente accettati dalla comunità scientifica come base della valutazione della produttività dei singoli ricercatori e delle istituzioni. Eppure l'ampio ricorso ad indicatori puramente quantitativi per valutare carriere o assegnare fondi per la ricerca non è esente da limiti. L'autore dell'articolo discute se l'attuale processo che porta un manoscritto a divenire una pubblicazione scientifica rappresenti il modo giusto per promuovere l'originalità degli studi e il rigore metodologico delle ricerche e soprattutto se serva realmente al progresso della conoscenza e della scienza. Trae spunto da alcuni aneddoti riferiti a scienziati di chiara fama del passato, tra cui Edgar Buckingham, famoso fisico del suolo il cui nome compare nel titolo, che all'inizio del XX secolo pubblicò un lavoro sul movimento dell'umidità nei suoli (*Studies on humidity movement of soils*), ritenuto una pietra miliare sull'argomento. Egli non esitava a definire ciarlatani i colleghi che lavoravano con poco rigore scientifico. In modo altrettanto diretto si esprimeva Clifford Truesdell, scienziato di fama mondiale nonché storico della meccanica negli anni 1980, del quale si ricorda una sua lezione di due ore sul perché Ilya Prigogine non meritasse il premio Nobel per la Chimica 1977 assegnatogli per il suo contributo sulla termodinamica dei processi irreversibili. Attraverso numerosi esempi riferiti alla Scienza del Suolo ma esportabili ad altri settori scientifici, l'autore si chiede perché si sia passati da tale cruda schiettezza di giudizio all'attuale lassismo nel processo di revisione dei lavori scientifici. L'impetosa analisi del lassismo, che permea l'attuale processo di revisione tra pari, si fonda su tanti episodi, molti dei quali hanno coinvolto l'autore stesso, e lo porta a concludere che il processo attuale, oltre ad essere assai superficiale, tende ad assecondare filoni veri o presunti di verità scientifica senza entrare nel merito della qualità intrinseca delle singole pubblicazioni. In tale contesto diventa difficile confutare teorie prevalenti o anche semplicemente mettere in discussione la fondatezza di studi discutibili dal punto di vista metodologico, che tuttavia diventano prominenti nella letteratura attraverso il meccanismo delle citazioni. Per non parlare degli effetti distorsivi che tali situazioni generano e che portano anche all'instaurarsi e consolidarsi di comportamenti scorretti all'interno della comunità scientifica. La trattazione cerca alla fine di ipotizzare delle soluzioni per invertire questa tendenza e richiamare gli scienziati al loro ruolo, che include non solo la chiarezza del linguaggio e il rigore metodologico ma anche la responsabilità che hanno nel rispondere alle critiche e nel formulare critiche costruttive al lavoro di colleghi. Un articolo che fa riflettere e che stimola il dibattito libero ed aperto, sempre necessario in ambito scientifico.

PIANTE COLTIVATE ERBACEE E ARBOREE

(fisiologia, genetica, biotecnologia)

Hydrogen sulfide modulates flagellin-induced stomatal immunity

Plant Physiology, Volume 199, Issue 4, December 2025

Un gruppo di ricercatori argentini della Universidad Nacional de Mar del Plata, Istituto de Investigaciones Biológicas, insieme a colleghi tedeschi e all'italiano Alex Costa, hanno indagato sul sottile aspetto della "risposta immunitaria stomatica" ottenendo importanti risultati. Notoriamente le piante interagiscono strettamente con l'ambiente e gli stomi fogliari sono la struttura emblematica di questo rapporto attraverso la quale avvengono scambi gassosi fondamentali sia per la fotosintesi (CO₂) che per la respirazione (O₂) come pure per la evapotraspirazione dell'acqua. Tuttavia gli stomi sono anche la via di ingresso per patogeni microbici come i batteri *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (*Pst*); sebbene le cellule guardia stomatiche siano dotate di meccanismi per impedire l'ingresso dei microbi, tramite il riconoscimento di strutture molecolari associate al patogeno (PAMPs) come la flagellina (flg22) -un peptide, principale costituente dei flagelli batterici- in grado di innescare la chiusura degli stomi. Le molecole chiave di questa "immunità stomatica" sono state individuate nello H₂S (acido solfidrico) derivato a sua volta dall'azione, nel citosol, dell'enzima L-CISTEINA DESOLFIDRASI 1 (DES1). Lo H₂S è una molecola segnale e lo studio ha dimostrato che sia H₂S che DES1 sono le molecole coinvolte nelle risposte indotte dalla flg22, come la chiusura stomatica e la modulazione della produzione di specie reattive dell'ossigeno (ROS), essenziali nella segnalazione cellulare in *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*).

Le conclusioni precedenti sono state confermate mediante l'uso di mutanti knockout per il gene *DES1* che hanno mostrato una ridotta suscettibilità all'inoculazione di *Pst* e livelli inferiori di H₂O₂ apoplastica e citosolica in risposta a flg22. Inoltre, lo H₂S ha indotto in modo indipendente i livelli di H₂O₂ citosolica nelle cellule di guardia senza richiedere l'attività dell'enzima Respiratory Burst Oxidase Homolog D (RBOHD), una NADPH ossidasi -di membrana plasmatica- fondamentale per la produzione di specie reattive dell'ossigeno. Questi risultati consentono di ritenere lo H₂S e l'enzima DES1, che lo genera, come componenti critici della risposta immunitaria stomatica.

Activation of alternative oxidase ensures carbon supply for ethylene and carotenoid biosynthesis during tomato fruit ripening

Plant Physiology, volume 199, issue 3, November 2025

Il pomodoro (*Solanum lycopersicum*) è un frutto climaterico che presenta un picco di respirazione all'inizio della maturazione, accompagnato da un'aumentata sintesi di etilene e pigmenti carotenoidi. In questo frutto possiamo considerare l'attività respiratoria totale, nella fase di maturazione, come la sommatoria della respirazione mitocondriale e di quella cromoplastica, i cui contributi sono certamente diversi durante le varie fasi della maturazione del frutto, ma la loro regolazione e funzione in vivo rimangono poco chiare. Per ottenere una misura dei due processi respiratori sono state determinate le attività in vivo delle vie dell'ossidasi alternativa mitocondriale (AOX) e della citocromo ossidasi e quantificato i livelli di trascritti genici, metaboliti primari e carotenoidi correlati alla respirazione e alla maturazione in frutti di pomodoro in maturazione, con o senza cromorespirazione funzionale. Inoltre, sono state effettuate analisi

fisiologiche, molecolari e metaboliche di mutanti CRISPR-Cas9 difettosi in AOX1a, la principale isoforma di AOX sovraregolata durante la maturazione del frutto di pomodoro. Si è così confermato che la cromorespirazione dipendente dall'ossidasi terminale dei plastidi è rilevante solo nelle fasi avanzate della maturazione e si è scoperto che l'attività AOX in vivo aumentava significativamente nella fase di invaiatura -ovvero il punto di svolta tra maturazione fisiologica e quella adatta al consumo-, diventando il principale fattore che contribuisce alla respirazione climaterica all'inizio della maturazione. Questa attivazione non era correlata all'espressione genica, ma era probabilmente dovuta all'aumento dei livelli di attivatori AOX come piruvato (un precursore metabolico dei carotenoidi), 2-ossoglutarato e succinato. Una forte alterazione dei metaboliti correlati alla maturazione è stata osservata nei frutti mutanti *aox1a*, evidenziando un ruolo chiave della via metabolica AOX all'inizio della maturazione. I dati ottenuti suggeriscono che un maggiore apporto di intermedi del ciclo degli acidi tricarbossilici nella fase climaterica aumenta allostericamente l'attività AOX, consentendo così la riossidazione del NAD(P)H per garantire l'apporto di carbonio necessario all'innesco della biosintesi di etilene e carotenoidi. La maturazione del frutto risulta pertanto maggiormente delucidata, rispetto al passato in cui il ruolo dei vari metaboliti del ciclo di Krebs risultava sostanzialmente ignorato.

MIT chemists boost the efficiency of a key enzyme in photosynthesis

MIT News, July 7, 2025

Il processo fondamentale per le piante e, conseguentemente, per la biosfera è certamente la fotosintesi clorofilliana, troppo spesso dato per scontato anche nel suo rendimento che, notoriamente, consiste in un modesto 1-2%. Rendimento basso, ma accettato da tutti gli studiosi come inevitabile e dovuto alle molteplici condizioni esterne ed intrinseche che, frequentemente, sono tutt'altro che ottimali. Pertanto il processo fotosintetico può essere considerato come molto inefficiente a cominciare dalla rubisco (ribulosio-1,5-bisfosfato carbossilasi/ossigenasi), enzima centrale della fotosintesi, e quindi proteina quantitativamente più abbondante sul pianeta, in grado di incorporare l'anidride carbonica (CO₂) all'interno di una via metabolica -il ciclo di Calvin- generando produzione di zuccheri. La rubisco risulta l'enzima più inefficiente se confrontato con gli altri enzimi coinvolti nella fotosintesi.

Un gruppo di chimici del MIT (Massachusetts Institute of Technology) ha recentemente dimostrato che è possibile aumentare l'efficienza catalitica di una rubisco batterica anche del 25% -un importante incremento- tramite l'individuazione di mutazioni dell'enzima. Gli stessi ricercatori stanno ora pensando di implementare le stesse tecniche nella rubisco di piante per aumentare il tasso di fotosintesi e quindi con lo sperabile incremento di raccolto nelle piante coltivate.

Lo studio è stato condotto da Matthew Shoulders e Robert Wilson, del Dipartimento di Chimica del MIT, che hanno pubblicato, insieme alla loro collaboratrice Julie Mc Donald, i risultati di questa ricerca su PNAS del 30 giugno 2025.

Da questo studio si apprende che la reazione catalizzata dalla rubisco, - la carbossilazione- ovvero la "cattura" della CO₂ e il suo trasferimento sul ribulosio-1,5-bisfosfato, è piuttosto lenta, rispetto alle altre del ciclo di Calvin, inoltre reagisce anche con l'O₂ e pertanto entra in competizione con il processo di carbossilazione; infatti l'incorporazione di O₂ anziché CO₂ determina una "perdita" di energia assorbita dalla luce solare. Sulla base di queste considerazioni si è pensato di usare la tecnologia dell'"evoluzione diretta" -cioè la modifica casuale nel gene target, con l'intento di ottenerne forme con caratteristiche positive-, ma con una importante innovazione. Anziché procedere tramite mutazioni "in vitro", cioè fuori

delle cellule, così come si era fatto abitualmente, si è proceduto con una nuova tecnologia di mutagenesi, la MutaT7, elaborata nel laboratorio di Shoulders, che consente di effettuare la mutagenesi direttamente nella cellula, ottenendo una notevole accelerazione globale del processo.

La nuova situazione indotta si può spiegare come segue. I ricercatori sopra ricordati hanno realizzato il loro lavoro impiegando una rubisco che proviene dalla famiglia di batteri semi-anaerobici denominata Gallionellaceae e che è una delle rubisco con attività catalitica più veloce tra quelle sinora conosciute. Durante gli esperimenti di evoluzione diretta i microbi sono stati allevati in un ambiente con livelli atmosferici di ossigeno creando quindi una pressione selettiva per adattamento all'ossigeno. Dopo sei cicli di evoluzione diretta, sono state individuate tre mutazioni che hanno consentito un aumento della resistenza all'ossigeno da parte della rubisco; le mutazioni risultano localizzate nei pressi del sito attivo dell'enzima, dove avviene sia la carbossilazione che l'ossigenazione. Shoulders, Wilson e Mc Donald credono che tali mutazioni abbiano incrementato la capacità dell'enzima ad interagire con l'anidride carbonica piuttosto che con l'ossigeno, aumentando, conseguentemente, l'efficienza di carbossilazione. Le attenzioni del gruppo di ricerca, come già anticipato, si stanno indirizzando ora sulla rubisco delle piante; sappiamo che esse perdono circa il 30% dell'energia proveniente dalla luce del sole mediante il processo di fotorespirazione dovuto alla funzione ossidasica dell'enzima. Se questa ricerca avrà successo la produttività delle piante coltivate ne trarrà indubbi vantaggi.

Lysine Matters: Genetic and Biotechnological Innovations to Combat Protein Malnutrition *Plant Cell & Environment*, 49, (3), 2026

Si stima che la malnutrizione colpisca oltre due miliardi di persone in tutto il mondo, principalmente a causa della scarsa diversità alimentare e della dipendenza da colture di base povere di nutrienti. La biofortificazione delle colture è quindi fondamentale nella lotta alla malnutrizione, in particolare per quanto riguarda le carenze di aminoacidi essenziali (EAA). Gli aminoacidi sono i mattoni fondamentali delle proteine e svolgono un ruolo vitale nella salute umana. Contribuiscono a processi fisiologici chiave, tra cui la riparazione dei tessuti, la regolazione del sistema immunitario, la produzione di ormoni e la funzione enzimatica. Un apporto proteico inadeguato espone infatti il 20% della popolazione al rischio di carenza.

Questa carenza porta a malnutrizione, ridotto sviluppo cognitivo e arresto della crescita, ponendo gravi problemi di salute pubblica.

Tra i nove EAA, la lisina è il più importante per la sintesi proteica, la produzione di collagene e l'utilizzo del calcio. Nonostante la sua importanza, la carenza di lisina rimane una delle principali preoccupazioni nutrizionali, in particolare nelle popolazioni che dipendono da colture di base come mais, riso e grano, che sono intrinsecamente poveri di lisina. Questa carenza intrinseca rende la lisina il primo aminoacido limitante nelle diete a base di cereali, ovvero l'EAA più scarso rispetto al fabbisogno nutrizionale umano. La carenza di lisina nelle colture di base come mais, riso e grano rimane una delle principali cause della malnutrizione proteica a livello globale, sottolineando l'urgente necessità di strategie efficaci di biofortificazione. Recenti progressi stanno avvenendo nel miglioramento del contenuto di lisina, e spaziano dall'allevamento convenzionale e dall'ingegneria metabolica all'editing genomico di precisione. Sebbene l'allevamento convenzionale, esemplificato dal mais proteico di qualità, abbia migliorato i livelli di lisina, ci sono spesso limitazioni derivanti da compromessi tra resa e qualità. Le strategie di ingegneria

metabolica, tra cui la sovraespressione dei geni biosintetici della lisina, la soppressione dei geni catabolici e la modifica delle proteine di accumulo, hanno consentito un sostanziale arricchimento di lisina, ma devono affrontare sfide normative e di accettazione da parte dei consumatori a causa della loro natura transgenica. L'avvento della tecnologia CRISPR/Cas consente ora un editing preciso e privo di transgeni di enzimi chiave come DHDPS, AK e LKR/SDH, offrendo una potente alternativa, anche se permangono preoccupazioni relative agli effetti off-target e alla pleiotropia. Mentre l'integrazione della multi-omica con la modellizzazione predittiva basata sull'intelligenza artificiale può ottimizzare il flusso metabolico per una maggiore resa di lisina, l'accoppiamento dell'editing genomico di nuova generazione con la selezione veloce offre un percorso trasformativo per sviluppare colture ad alto contenuto di lisina e ad alto rendimento per una sicurezza nutrizionale sostenibile.

Nella figura tratta da questa stessa review ([vedi link](#)), si riportano in schema semplificato l'importanza della lisina per la salute umana, le fonti animali e vegetali di questo aminoacido, i trend e le limitazioni imposte dalla dieta all'apporto di lisina, e le potenzialità della fortificazione dei cibi con questo aminoacido.

Optimization of photoperiod and photosynthetic photon flux density (PPFD) for lettuce in plant factories and construction of growth model

Scientia Horticulturae, 358, 114687. 2026

L'agricoltura in ambiente controllato, e in particolare le **vertical farm**, rappresenta un approccio strategico per affrontare le crescenti sfide legate ai **cambiamenti climatici**, agli **eventi meteorologici estremi** e alla progressiva **riduzione dei terreni arabili**. All'interno di questi sistemi, la **gestione dell'ambiente luminoso** costituisce una tecnologia chiave, in quanto incide direttamente sulla crescita, sull'efficienza fotosintetica e sulla qualità finale delle colture.

Nel presente studio sono stati analizzati in modo sistematico gli effetti di due differenti strategie di illuminazione sulla lattuga: **fotoperiodi statici**, **regolazione dinamica della luce**.

Sono stati valutati parametri morfologici, fisiologici e nutrizionali, insieme all'efficienza energetica degli impianti. Inoltre, è stato sviluppato un **modello previsionale di crescita** basato sul **Cumulative Light Integral (CLI)**, utile per ottimizzare la gestione luminosa nelle fabbriche vegetali.

Nei trattamenti a **fotoperiodo statico**, la somministrazione di luce per **16 ore al giorno** ha determinato un miglioramento significativo dell'altezza della pianta, del numero e dell'area delle foglie, del diametro del fusto, del contenuto di clorofilla e dei principali parametri fotosintetici, rispetto ai trattamenti di 10, 13 e 19 ore giornaliere. Sebbene il regime di **19 ore** abbia prodotto un incremento della biomassa, esso ha determinato anche alterazioni morfologiche, suggerendo un effetto di stress da esposizione prolungata.

In condizioni di **regolazione dinamica della luce**, il trattamento T3 - caratterizzato da variazioni mirate del fotoperiodo e della densità di flusso fotonico fotosinteticamente attivo (PPFD) nelle diverse fasi di crescita - ha superato i regimi statici ($200 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ per 20 h e $250 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ per 16 h), determinando un aumento della biomassa compreso tra **6,89% e 31,95%**. Tale vantaggio è associato a un migliore adattamento fotosintetico, che include un impiego più efficiente dell'energia luminosa, una più lunga assimilazione del carbonio e una minore pressione di eccitazione, variabile in funzione dello stadio di sviluppo della pianta. L'esposizione luminosa prolungata ha favorito l'accumulo di **zuccheri**

solubili e **acido ascorbico**, mentre l'illuminazione dinamica ha migliorato la **sintesi proteica** e ridotto il contenuto di **nitrati**, contribuendo a una superiore qualità nutrizionale del prodotto.

L'analisi dell'efficienza energetica ha evidenziato che il fotoperiodo statico di **16 ore al giorno** rappresenta la soluzione più efficiente tra i trattamenti a illuminazione fissa, mentre il trattamento **T3** ([Fig.1 vedi link](#)) risulta la strategia più performante tra quelli a regolazione dinamica.

Nel complesso, i risultati dimostrano che, a parità di CLI, la **regolazione dinamica della luce** è in grado di migliorare simultaneamente la produttività fotosintetica, la qualità nutrizionale e l'efficienza energetica.

Il modello basato sul CLI si presenta dunque come uno strumento affidabile per prevedere la crescita vegetale e supporta una gestione più precisa e mirata della luce nelle strutture di agricoltura indoor.

Teach plants to fish based on CRISPR-Cas system self-evolution

Plant Biotech J 23, pp. 2361–2363. 2025

L'articolo in questione può essere letto in Europa come una mera provocazione ma esprime in realtà come esista un Mondo a diverse velocità. Gli autori analizzano il sistema CRISPR-Cas9 sin dalla sua scoperta, quale sistema immunitario di batteri come *lo Streptococcus thermophilus*, che lo utilizzano per riconoscere sequenze ripetute nel RNA virale che utilizzano come target della endonucleasi Cas. L'articolo si basa sul vecchio adagio cinese, come cinesi sono gli autori, che dice che se insegni a un uomo a pescare lo nutri per una vita intera piuttosto che regalarli un pesce per un solo pasto odierno. L'intera narrazione della breve comunicazione si basa sul trasferimento di tutto il sistema batterico in tabacco transgenico, a partire dai precursori che servono per riconoscere parti essenziali del RNA come del DNA virale, a seconda della tipologia di virus, dopo che complesse strutture di sequenze, che coadiuvano la Cas9 (Cas1, Cas2, Cas4, Csn2, IHF, LAS) nel riconoscimento e nella stabilizzazione del sito da tagliare, hanno svolto la loro funzione. In pratica, un intero sistema immunitario contro una moltitudine di virus può essere ricostruito in piante superiori; in questo caso il tabacco è un sistema ideale, trasferendo il sistema immunitario batterico in pianta.

Nel lavoro c'è anche un altro aspetto; è stato inserito un commento che suona provocatorio per il sistema europeo. Mentre in Europa si disquisisce sul pelo nell'uovo per stabilire se un nucleotide in più o in meno autorizzi alla definizione di NGT di tipo I o II, considerando solo le NGT I parificabili a piante evolute naturalmente o equiparabili a piante prodotte da breeding naturale, in altri paesi, più disponibili alla coltivazione di piante OGM, si pensa di trasferire l'intero sistema CRISPR-Cas di provenienza batterica in piante transgeniche in grado di sfruttare un intero sistema immunitario per autodifendersi dai virus. Quindi non “tracce” di oltre 20 nucleotidi esogeni bensì interi sistemi immunitari composti da numerosi geni e precursori utili per efficientare il sistema immunitario transgenico stabilmente inserito nella pianta coltivata per sfruttare al meglio il complesso CRISPR-Cas oggetto del premio Nobel 2020. Tra 20 o 30 anni, potremmo trovarci a vivere sistemi agrari a due velocità, nell'illusione che il sistema europeo sia “migliore” rinunciando a priori alle opportunità biotecnologiche più aggressive. Non vogliamo dire con questo che la disinvoltura con cui si immagina di trasferire interi sistemi immunitari batterici per rendere le piante più robuste e autosufficienti, in grado di difendersi da sole da numerosi e impattanti patogeni, sia la via assoluta da seguire. Tuttavia, la provocazione è insita nell'articolo stesso, dove una consistente parte di mondo pensa di sfruttare in maniera drastica la sostenibilità e l'aumento di produzione, nonostante la scarsità di superfici e luoghi adatti alla coltivazione, e chi, navigando per

ora nell'oro, disquisisce di sofisticate considerazioni se 20 o 21 nucleotidi in più in un genoma di centinaia o migliaia di milioni di nucleotidi, siano determinanti per rendere una nuova varietà serenamente coltivabile o proibita.

In planta genome editing in citrus facilitated by co-expression of CRISPR/Cas and developmental regulators

The Plant Journal 122, e 70155

I recenti progressi nel campo dell'editing genomico offrono una nuova promettente metodologia per il miglioramento mirato di molti caratteri degli alberi da frutto. Tuttavia, il metodo predominante per l'editing genomico negli agrumi (e in altri alberi da frutto) prevede l'uso della coltura tissutale, che richiede molto tempo, prolungando così l'intero processo di breeding degli agrumi e sottoponendolo agli svantaggi associati alla variazione somaclonale. In questo studio, viene descritto un approccio in planta per l'editing genomico in piante di agrumi coltivate in suolo tramite trasformazione diretta di giovani piantine. Il sistema di editing proposto, abbreviato qui come IPGEC (in planta genome editing in citrus), è progettato per co-esprimere transitoriamente tre gruppi genici chiave nel tessuto di agrumi tramite *Agrobacterium tumefaciens*: (i) un gruppo catalitico per l'editing genomico, (ii) un gruppo per l'induzione e la rigenerazione dei germogli e (iii) un gruppo di rilascio potenziato con T-DNA. Questo sistema integrato migliora significativamente l'efficienza di induzione e rigenerazione dei germogli de novo del tessuto modificato. Incorporando single-guides RNA (sgRNA) mirati al gene biosintetico dei carotenoidi PHYTOENE DESATURASE (CsPDS), il sistema IPGEC ha prodotto efficacemente germogli albinici mutati, confermando la sua capacità di generare piante omozigoti/bialleliche con genoma modificato. Utilizzando lo screening ad alto rendimento, viene fornita la prova che piante genomicamente modificate prive di transgeni potrebbero essere ottenute seguendo l'approccio IPGEC. I risultati suggeriscono inoltre che l'efficienza di specifici regolatori dello sviluppo nell'indurre tassi di trasformazione e rigenerazione, potrebbe essere cultivar-specifica e pertanto deve essere ottimizzata per singola cultivar. Infine, il miglioramento genetico mirato per il miglioramento di tratti specifici in cultivar già ampiamente coltivate con successo, rivoluzionerà probabilmente il miglioramento genetico degli alberi da frutto e aprirà la strada all'accelerazione dello sviluppo di cultivar di agrumi di alta qualità.

FUNGHI E AMBIENTE

Plant–fungi interactions in *Marchantia polymorpha* are associated with horizontal gene transfer and terpene metabolism

PNAS, volume 123, issue 6 (2026)

L'epatica *Marchantia polymorpha* si è affermata come modello per lo studio dell'immunità nelle briofite, offrendo una prospettiva unica sui meccanismi di difesa conservati nelle piante terrestri. Tuttavia, i meccanismi immunitari specifici di *Marchantia* erano finora poco esplorati. In questo lavoro è stata analizzata la base genetica della resistenza quantitativa di *M. polymorpha* al fungo patogeno *Colletotrichum nymphaeae*, un parassita compatibile presente in natura. Mediante un approccio integrato che combina analisi fenotipiche, citologiche e trascrittomiche con studi di associazione genome-wide (GWAS), sono stati identificati geni e vie di difesa chiave. Sfruttando la variabilità biologica e genetica

di una collezione di accessioni naturali di *M. polymorpha*, è stato evidenziato il ruolo di geni per terpene sintasi di tipo microbico acquisiti per trasferimento genico orizzontale, che potrebbero contribuire alla straordinaria diversità terpenica delle epatiche e avere un ruolo nella resistenza ai patogeni. I GWAS hanno individuato loci candidati associati ai tratti di resistenza, coinvolgendo sia componenti centrali dell'immunità sia vie metaboliche specializzate. Le analisi trascrittomiche condotte su due accessioni con fenotipi contrastanti dopo inoculazione con *C. nymphaeae* hanno mostrato la sovraregolazione di geni specifici di accessione e di geni acquisiti orizzontalmente. In conclusione, l'integrazione di analisi trascrittomiche e GWAS ha permesso di identificare sia meccanismi immunitari di base sia meccanismi specifici di *Marchantia*, mettendo in luce il ruolo probabilmente cruciale del trasferimento genico orizzontale e del metabolismo specializzato in questo processo. Per chiarire con precisione la funzione di questi geni e loci nell'immunità di *M. polymorpha* saranno però indispensabili ulteriori studi funzionali, come lo scambio di alleli e knockout genici mirati — tentativi che in questo lavoro non hanno avuto successo.

Il lavoro è stato riportato nella prestigiosa rivista Nature Plants (<https://doi.org/10.1038/s41477-026-02245-4>). Nel suo Research Highlight intitolato “Fungi genes to fight fungi”, Guillaume Tena spiega come, nel recente studio pubblicato su PNAS, il gruppo guidato da Pierre-Marc Delaux mostra che l'epatica *Marchantia polymorpha* utilizza il metabolismo dei terpeni per resistere ai funghi invasivi.

In questo lavoro i ricercatori hanno prima caratterizzato l'infezione di *M. polymorpha* da parte del fungo patogeno *Colletotrichum nymphaeae* e analizzato come diverse accessioni presentino differenti livelli di resistenza. Analisi trascrittomiche comparative e studi di associazione genome-wide indicano un meccanismo di resistenza poligenico. Mentre alcuni dei geni coinvolti sono noti geni di difesa condivisi con le piante terrestri, un gruppo più sorprendente di geni associati alla resistenza è costituito da un cluster di monoterpene sintasi di origine microbica. Questi geni derivano da un trasferimento genico orizzontale da un fungo a un antenato delle briofite e sono assenti nelle piante vascolari.

Nel complesso, questo studio rappresenta un ulteriore esempio della forza di approcci che coinvolgono un'ampia diversità di piante come strumento per approfondire i meccanismi evolutivi dell'adattamento, dell'immunità e di altri processi biologici necessari alla sopravvivenza.

Allelic variation of Avr genes in highly virulent strains explains severe wheat stem rust epidemics

Nature Communications (2026)

L'improvvisa comparsa di nuovi ceppi di patogeni vegetali capaci di superare cultivar precedentemente resistenti rappresenta una sfida importante nella gestione delle malattie delle colture. Nel caso della ruggine del frumento causata da *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (Pgt), l'emergere di nuove razze ha provocato diverse epidemie negli ultimi anni, con perdite di resa rilevanti nelle aree di coltivazione più vulnerabili.

Per esempio, la razza TTKSK di Pgt (nota come Ug99) è stata individuata per la prima volta in Uganda nel 1998 e ha causato gravi epidemie nell'Africa orientale negli anni 2000. TTKSK e altre razze appartenenti alla linea Ug99 rappresentano ancora una minaccia significativa per la produzione di frumento, poiché continuano a diffondersi verso l'Asia meridionale. Epidemie più recenti in Europa sono state causate da altre razze con differenti profili di virulenza, tra cui TKTF e TTRTF, ponendo ulteriori sfide ai programmi di miglioramento genetico per la resistenza alle malattie.

Nel 2016 in Sicilia si è verificata un'epidemia di ruggine causata dalla razza TTRTF, capace di superare la resistenza Sr13b - uno dei più importanti geni di resistenza a *Puccinia graminis f. sp. tritici* - sia nel grano duro sia nel grano tenero. Successivamente, questa razza è diventata la più diffusa in Europa tra il 2017 e il 2021 ed è stata rilevata anche in Iran ed Etiopia. L'isolamento della TTRTF in Georgia nel 2014 e 2015 suggerisce una diffusione più ampia già prima dell'epidemia siciliana.

Al fine di indagare i genomi e i genotipi di virulenza delle razze responsabili di queste epidemie, sono stati generati assemblaggi genomici con fase aplo-tipica per isolati provenienti dall'Etiopia (ETH2013-1, razza TKTTF, clade IV-B sottogruppo) e dalla Sicilia (ITA2018-1, razza TTRTF). Queste risorse hanno permesso di identificare varianti di geni Avr già noti, determinarne le proprietà di riconoscimento attraverso saggi funzionali e correlare i genotipi ai fenotipi di virulenza. Per agevolare il rilevamento basato su sequenza dei genotipi di virulenza nelle linee di Pgt e rafforzare le capacità di sorveglianza, è stata inoltre avviata la costruzione di un atlante dei geni Avr che include le varianti e i relativi profili di riconoscimento.

La caratterizzazione della diversità genetica dei geni Avr tra le principali razze di Pgt è cruciale per monitorare l'evoluzione della ruggine e definire le priorità nei programmi di miglioramento genetico per la resistenza. Il catalogo dei geni Avr e delle loro proprietà di riconoscimento fornisce una chiave di lettura dei meccanismi di virulenza alla base di importanti epidemie, come nel caso della delezione di AvrSr13. Questa modifica ha permesso al gruppo di razze TTRTF di infettare linee di grano duro contenenti Sr13b, ampiamente coltivate durante l'epidemia siciliana del 2016.

Il continuo sviluppo di un atlante completo dei geni Avr, arricchito con ulteriori aplotipi di riferimento e nuovi geni, costituirà una risorsa preziosa per prevedere la virulenza tramite strumenti di sorveglianza basati sulla sequenza, come la piattaforma MARPLE.

ZOOTECNIA

(numero dedicato alla qualità della carne)

 [A comparative analysis of volatile organic compound profiles and detection methodologies across beef, sheep, goat, pig, camel, donkey, horse and alpaca meats.](#)

Meat Science, 232, 109982. 2026

Perché il profumo che si sprigiona dalla padella è così diverso tra carne bovina, ovina o suina?

La risposta non è solo nella specie o nel metodo di allevamento. A guidare l'esperienza sensoriale sono minuscole molecole invisibili che si liberano con la cottura e raggiungono il nostro naso: i composti organici volatili (VOC). Sono loro i veri protagonisti dell'aroma.

Nella carne cruda l'odore è generalmente delicato. Eppure, all'interno del muscolo, è già presente tutto ciò che serve per costruire l'aroma: proteine, aminoacidi, zuccheri, grassi, vitamine e nucleotidi.

Quando entra in gioco il calore, questi elementi reagiscono tra loro e generano una moltitudine di nuove molecole aromatiche. È un processo dinamico e complesso, che produce un bouquet unico per ogni carne: una vera carta d'identità olfattiva.

Oggi lo studio dei VOC non è solo una curiosità scientifica. L'analisi del loro profilo permette di valutare freschezza, qualità, stato ossidativo, effetti della dieta, modalità di frollatura e persino autenticità della specie. L'aroma della carne cotta nasce dall'interazione di diverse reazioni chimiche che si alimentano a vicenda.

Reazione di Maillard: è la responsabile delle note tostate e della crosticina dorata. Coinvolge zuccheri e aminoacidi ed è alla base del classico sentore “di arrosto”.

Ossidazione dei lipidi: interessa soprattutto i grassi insaturi e contribuisce con sfumature che possono essere grasse, verdi o tipicamente “fritte”. Se eccessiva, però, può compromettere la piacevolezza.

Degradazione di Strecker: produce molecole molto potenti dal punto di vista aromatico, percepibili anche in quantità minime.

Trasformazione della tiamina (vitamina B1): alle alte temperature genera composti solforati associati alle tipiche note carnee e umami.

Questi meccanismi non agiscono separatamente: si intrecciano in modo continuo, creando un sistema complesso in cui ogni reazione può influenzarne un'altra. Il risultato finale è un equilibrio chimico che varia in base alla materia prima e al processo.

Le famiglie di molecole aromatiche sono spesso simili tra specie diverse, ma ciò che cambia è la loro combinazione. Nel bovino, l'aroma deriva dall'equilibrio tra reazione di Maillard e trasformazioni dei grassi, generando note di arrosto, sfumature grasse e talvolta leggere sensazioni erbacee. Processi come la frollatura, in particolare il dry aging, tendono ad amplificare complessità e profondità.

Negli ovini e nei caprini, invece, il metabolismo ruminale produce composti particolarmente caratterizzanti, capaci di definire un'identità aromatica intensa e riconoscibile anche a concentrazioni molto basse. Con l'aumentare dell'età dell'animale, queste note possono diventare più marcate. La dieta, soprattutto nei sistemi al pascolo, può lasciare una traccia sensoriale evidente, introducendo sfumature più verdi o aromatiche e rafforzando il legame con il territorio.

Nei monogastrici come il suino, la componente lipidica gioca un ruolo ancora più diretto nella definizione del profilo aromatico, mentre le carni più magre tendono a esprimere bouquet più delicati.

Il profumo della carne è il risultato di un percorso che attraversa l'intera filiera. Genetica, età e caratteristiche del muscolo influenzano la disponibilità dei precursori aromatici. L'alimentazione modula la composizione dei grassi e dei metaboliti che parteciperanno alle reazioni in cottura.

Il benessere animale e l'attività fisica contribuiscono a determinare l'equilibrio metabolico. La frollatura attiva trasformazioni enzimatiche e ossidative che preparano il terreno alla formazione degli aromi. La cottura, infine, è il momento in cui tutto si manifesta: tempo e temperatura orientano l'intensità delle note tostate, carnee o lipidiche.

L'aroma, quindi, non nasce all'ultimo momento. È il risultato di una storia che inizia molto prima della padella.

Studiare i VOC significa disporre di uno strumento scientifico per interpretare e valorizzare la carne. Il loro profilo può diventare un indicatore oggettivo di qualità, freschezza e autenticità, oltre che un supporto per ottimizzare scelte produttive e tecnologiche. In altre parole, dietro il profumo di una carne ben rosolata non c'è solo piacere sensoriale: c'è un sistema complesso di reazioni, scelte produttive e trasformazioni biochimiche che raccontano l'intero percorso del prodotto. La prossima volta che sentirete il profumo dell'arrosto, saprete che non è magia. È chimica - e inizia molto prima del fuoco.

 [Metabolomic, lipidomic and transcriptomic profiles provide insights into meat quality differences among four pork cuts](#)

BMC Genomics, 27:36. 2026.

Qualità della carne suina e basi molecolari: uno studio multi-omico sui diversi tagli

Il consumo di carne suina rappresenta uno dei pilastri dei sistemi alimentari globali, con la Cina come principale produttore e consumatore mondiale. Le recenti trasformazioni del mercato – dalla gestione dell'emergenza legata alla peste suina africana alla crescente domanda di carni refrigerate e di alta qualità – hanno reso ancora più centrale la comprensione dei fattori che determinano la qualità dei diversi tagli.

In questo contesto, lo studio analizza in modo integrato quattro tagli della razza cinese Shaxia Long Black (SXLB) – longissimus thoracis (LT), semimembranosus (SMM), psoas major (PS) e semitendinosus (SMT) – con l'obiettivo di chiarire i meccanismi molecolari alla base delle differenze qualitative. La ricerca combina approcci di metabolomica, lipidomica e trascrittomica, offrendo per la prima volta un'analisi multi-omica simultanea su più tessuti all'interno della stessa razza.

I risultati mostrano differenze significative nella composizione delle fibre muscolari e nei parametri qualitativi (pH, colore, capacità di ritenzione idrica). In particolare, i tagli PS e SMT presentano una maggiore percentuale di fibre di tipo I, associate a valori di pH più elevati e a un colore più intenso, indicativi di una qualità superiore rispetto al LT.

L'analisi metabolomica e lipidomica evidenzia ampie variazioni nei profili di acidi grassi liberi, acilcarnitine e fosfolipidi, molecole strettamente legate sia allo sviluppo dell'aroma sia agli aspetti

nutrizionali. Tra i pathway metabolici più rilevanti emergono il metabolismo delle pirimidine, il metabolismo del propionato, il metabolismo dei glicerofosfolipidi e il metabolismo della colina, tutti associati a differenze nei processi energetici e lipidici dei diversi muscoli.

Dal punto di vista trascrittomico, numerosi geni risultano differenzialmente espressi tra i tagli, inclusi membri della famiglia HOX e geni coinvolti nel signaling PPAR e nel metabolismo lipidico, suggerendo un ruolo chiave nella regolazione del grasso intramuscolare e nelle caratteristiche tecnologiche della carne.

Nel complesso, lo studio fornisce una vera e propria “mappa molecolare” delle differenze qualitative tra tagli suini, identificando potenziali biomarcatori utili per la selezione genetica, l'ottimizzazione produttiva e la valorizzazione commerciale dei diversi tagli. I risultati aprono la strada a strategie di miglioramento mirate, basate su evidenze molecolari, per rispondere alla crescente domanda di carne suina di qualità elevata e sicura.

Development of functional meat products based on the food safety system

Scientific Report, 16:601. 2026

Carne funzionale e sicurezza alimentare: innovazione nutrizionale nel rispetto degli standard HACCP

Di fronte alla crescita della popolazione mondiale e all'aumento delle patologie croniche legate all'alimentazione, l'industria della carne è chiamata a sviluppare prodotti capaci di coniugare valore nutrizionale, sicurezza e sostenibilità. In questo scenario si inserisce il crescente interesse per i functional food products (FFP), alimenti che oltre a fornire nutrienti di base apportano benefici aggiuntivi per la salute, contribuendo alla prevenzione di malattie cardiovascolari, obesità e disturbi metabolici.

Lo studio presenta lo sviluppo e la valutazione di una nuova salsiccia funzionale arricchita con fibre alimentari, vitamine del gruppo B ed E e acidi grassi polinsaturi omega-3 e omega-6. L'innovazione non riguarda solo il miglioramento della composizione nutrizionale, ma anche l'integrazione sistematica del

sistema HACCP come quadro di riferimento per garantire sicurezza e conformità agli standard internazionali lungo tutti i punti critici di controllo del processo produttivo.

I risultati dimostrano che il prodotto sviluppato presenta un incremento significativo del contenuto vitaminico (oltre il 30% in più rispetto ai campioni tradizionali) e un aumento di circa il 50% degli omega-3 e omega-6, con un rapporto n-6/n-3 più equilibrato e vicino alle raccomandazioni nutrizionali internazionali. Le analisi microbiologiche confermano l'assenza di contaminanti patogeni, mentre le valutazioni sensoriali evidenziano un miglioramento significativo in termini di gusto, colore, consistenza ed elasticità rispetto ai prodotti convenzionali.

Le analisi statistiche (ANOVA, regressione multipla e cluster analysis) confermano che l'arricchimento nutrizionale influisce positivamente sulla percezione sensoriale e distingue nettamente il prodotto funzionale da quello tradizionale sia per composizione sia per qualità organolettica.

Lo studio sottolinea inoltre il potenziale strategico del Kazakhstan nello sviluppo di prodotti carnei funzionali, grazie alla disponibilità di materie prime sostenibili e all'adozione di standard internazionali di sicurezza. L'integrazione tra innovazione nutrizionale e rigoroso controllo HACCP rappresenta un modello replicabile per rafforzare la competitività del settore e rispondere alle nuove esigenze dei consumatori.

Nel complesso, la ricerca propone un approccio integrato che combina miglioramento nutrizionale, sicurezza alimentare e qualità sensoriale, offrendo una base scientifica per lo sviluppo di nuove generazioni di prodotti carnei funzionali orientati alla salute pubblica.

NORMATIVA

[PAC 2023–2027: nuova definizione di “Giovane Agricoltore” dal 2026, più flessibilità e platea ampliata](#)

Con il decreto del 22 dicembre 2025 del Ministero dell'Agricoltura, della Sovranità Alimentare e delle Foreste (MASAF), pubblicato in Gazzetta Ufficiale il 9 febbraio 2026, viene modificata la definizione di “Giovane Agricoltore” ai fini dei pagamenti diretti della Politica Agricola Comune (PAC) 2023–2027. Le nuove disposizioni, che aggiornano l'art. 5 del DM 23 dicembre 2022, saranno applicabili a partire dalla domanda 2026 e recepiscono l'ultima revisione del Piano Strategico PAC approvata dalla Commissione europea.

L'obiettivo della riforma è ampliare la platea dei beneficiari del sostegno complementare al reddito per i giovani agricoltori, introducendo criteri professionali più chiari e realmente alternativi tra loro.

La principale novità riguarda infatti i requisiti: per ottenere la qualifica di “giovane agricoltore” sarà sufficiente possedere uno dei seguenti elementi alternativi:

- un titolo di studio (almeno scuola secondaria di primo grado) integrato da un corso di formazione di almeno 150 ore in ambito agroalimentare, ambientale o sociale, con esame finale;
- un'esperienza lavorativa di almeno tre anni nel settore agricolo, documentata da iscrizione previdenziale con almeno 104 giornate annue;
- la partecipazione con esito positivo a interventi di cooperazione per il ricambio generazionale nell'ambito dello sviluppo rurale.

Viene quindi sancita una piena alternatività tra formazione, esperienza e partecipazione a programmi di sviluppo rurale, rendendo l'accesso alla misura più inclusivo. Ulteriore elemento di rilievo è l'introduzione di maggiore flessibilità temporale: i requisiti professionali potranno essere perfezionati e documentati entro il 30 settembre dell'anno di presentazione della prima domanda, sia per l'assegnazione dei diritti sia per il sostegno complementare al reddito. Restano invece invariati gli altri requisiti, che devono essere posseduti al momento della domanda e mantenuti fino al termine dell'anno.

La modifica risponde alle criticità emerse nei primi due anni di attuazione della PAC 2023–2027, durante i quali l’adesione alle misure per i giovani è risultata inferiore alle attese. Secondo il MASAF, la maggiore flessibilità potrà facilitare l’accesso ai pagamenti diretti per chi è in fase di insediamento e sta completando il proprio percorso formativo, favorendo così il ricambio generazionale nel settore agricolo.

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