

CONVEGNO — MORIA DEL KIWI: DALL'EMERGENZA ALLA GESTIONE SOSTENIBILE

KVDS e microbioma radicale: analisi su scala nazionale

Saveria Mosca
Università Mediterranea di Reggio Calabria

Udine, 15 settembre 2026





Il danno inizia nelle radici e diventa visibile più tardi

INTRODUZIONE

Perché l’eziologia è difficile da ricostruire

- **Il danno radicale è già avanzato quando compaiono i sintomi in chioma**
- Saprofiti e colonizzatori secondari possono coprire i segnali delle fasi iniziali

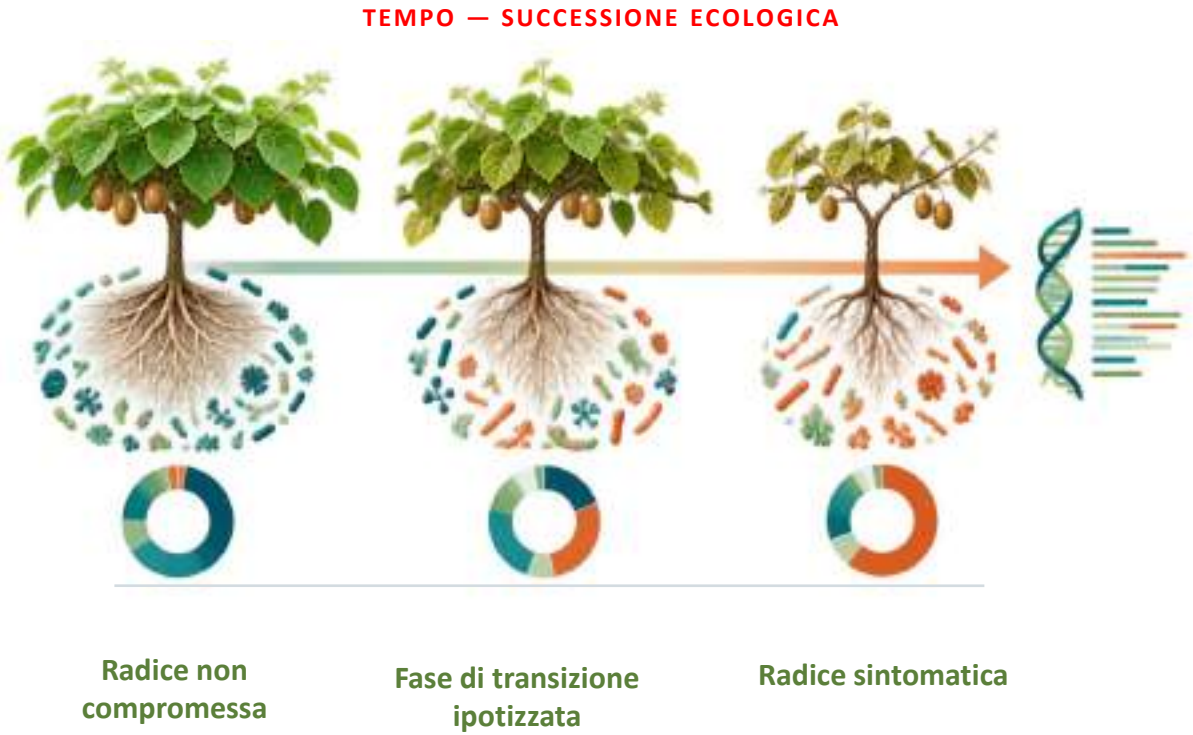
- ***Phytopythium vexans*** **è un candidato importante, ma non spiega da solo la sindrome**

Per ricostruire il processo dobbiamo seguire come cambia l’intera comunità microbica



Successione ecologica

Alcuni taxa **possono diminuire** o **scomparire -** altri **possono aumentare** quando la radice perde integrità



La fase di transizione è ancora da ricostruire

La domanda di questa prima analisi



Le comunità microbiche radicali differiscono tra piante che, a fine stagione, risultano sintomatiche o asintomatiche?

Classificazione retrospettiva: i campioni sono raggruppati in base alla condizione osservata a fine stagione.

Metabarcoding e isolamento: ruoli complementari

Gli isolamenti servono a verificare la patogenicità. Il metabarcoding descrive la comunità nel suo insieme.



Approcci colturali

- **Permettono di ottenere organismi in coltura**
- Riguardano soltanto la frazione coltivabile
- Consentono i test di patogenicità



Metabarcoding

- **Descrive molti taxa nello stesso campione**
- **Include anche taxa difficili da coltivare**
- Mostra associazioni e variazioni relative

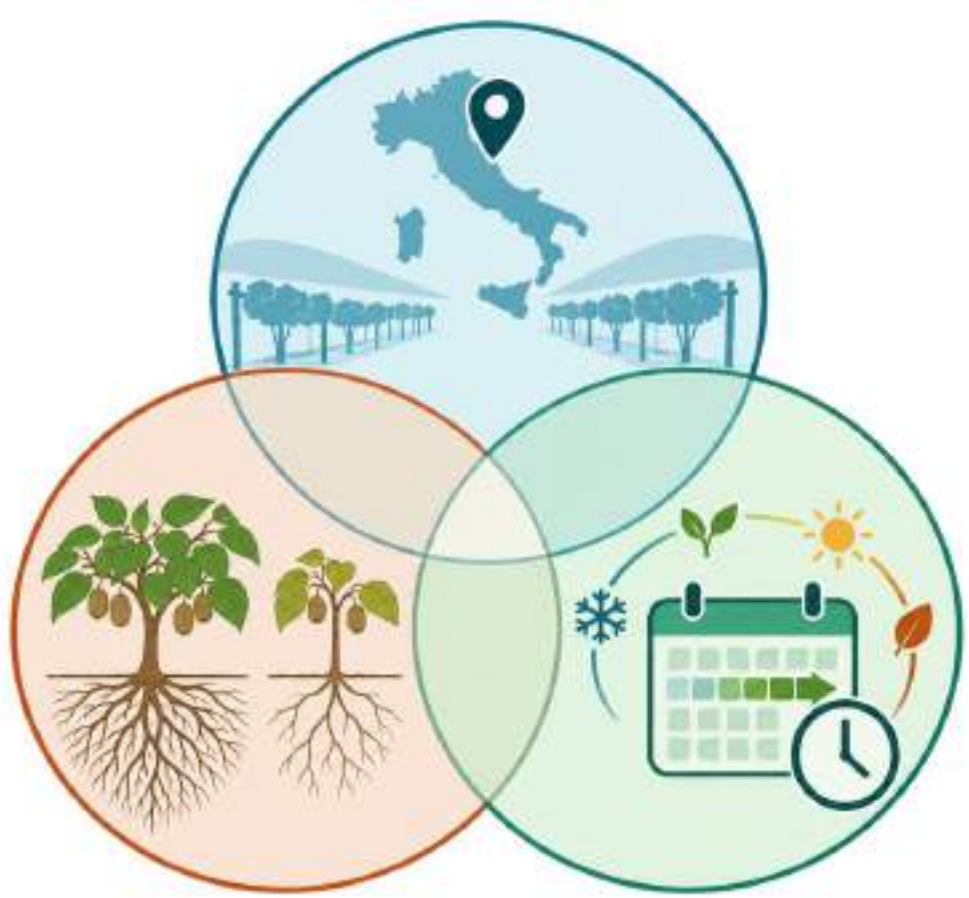
Il metabarcoding descrive associazioni. La causalità richiede prove sperimentali.

Tre territori, un unico disegno sperimentale



Piemonte, Friuli-Venezia Giulia e Calabria, con lo stesso protocollo

Disegno nazionale



CULTIVAR

***Actinidia deliciosa* cv. 'Hayward'**

CAMPI

4 campi per territorio: 3 colpiti e 1 di riferimento

MONITORAGGIO

7–9 prelievi ripetuti sulle stesse piante

Tre gruppi definiti a fine stagione

Sintomatiche

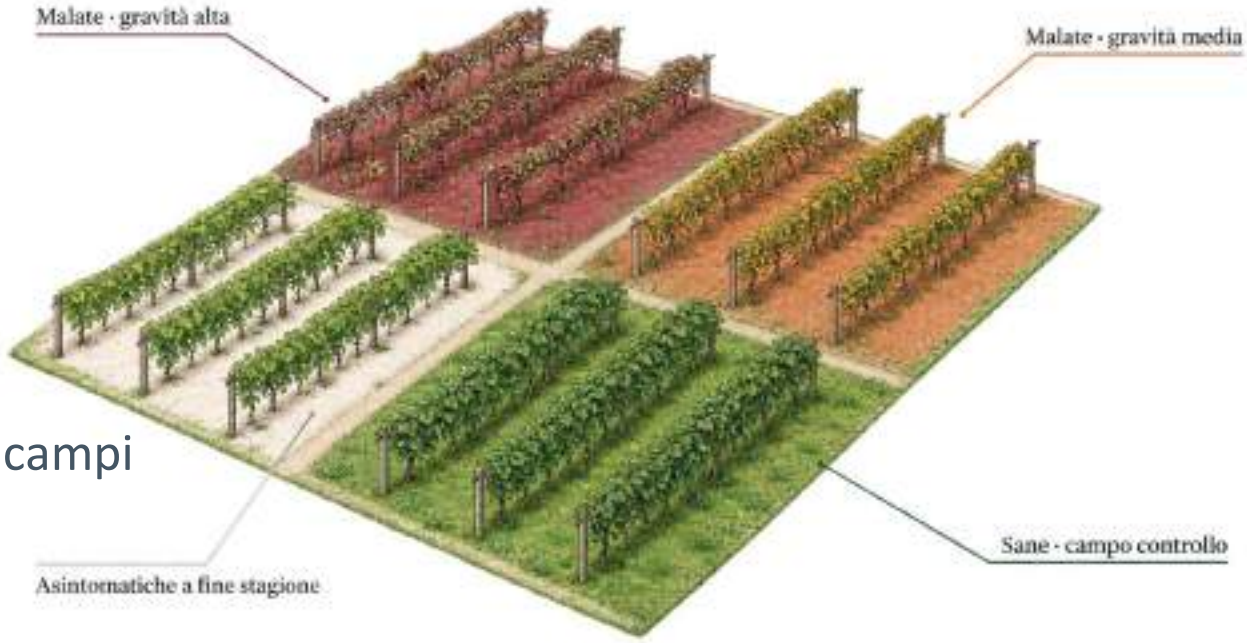
sintomi confermati nei campi colpiti

Asintomatiche

nessun sintomo confermato negli stessi campi

Riferimento

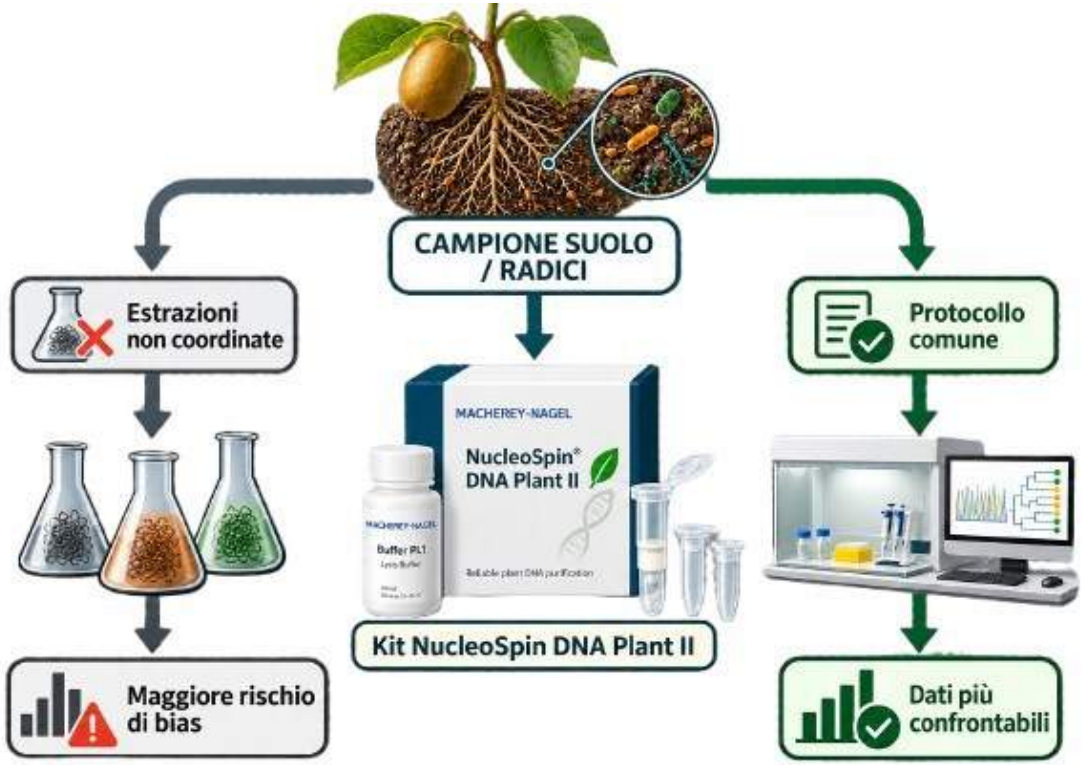
nessun sintomo di KVDS osservato nel campo di riferimento



Classificazione retrospettiva delle piante

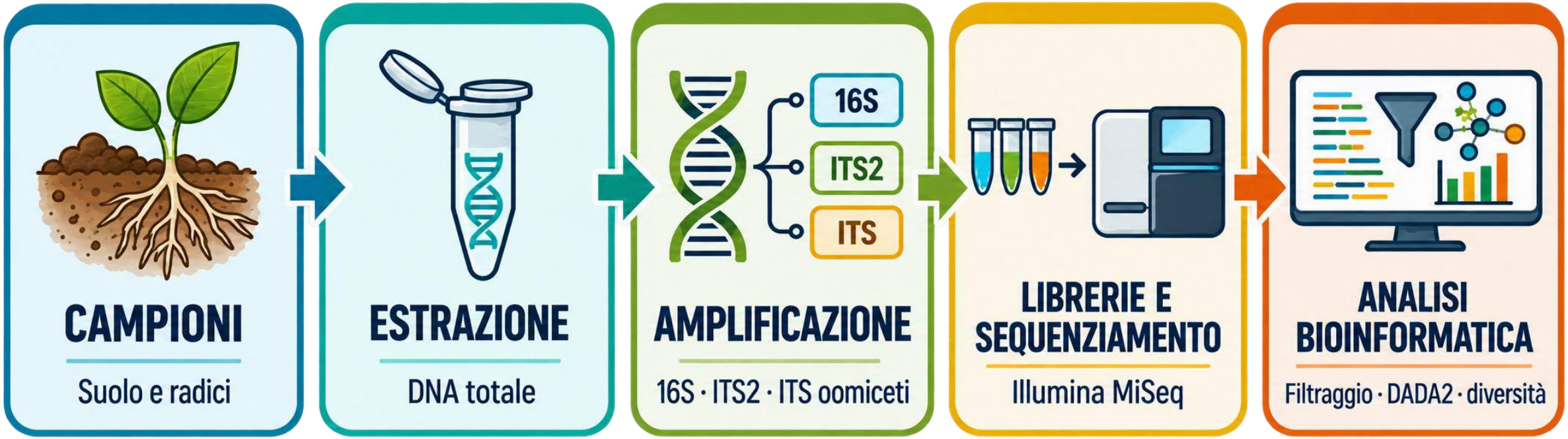
Un protocollo comune rende confrontabili i territori

Raccolta, conservazione ed estrazione standardizzate riducono la variabilità tecnica



COMUNITÀ	MARCATORE
Batteri	16S V4 · 515F/806rB
Funghi	ITS2 · ITS3/ITS4
Oomiceti	ITS3oom/ITS4

Dalla radice alle sequenze



Tre marcatori analizzati in parallelo

Il campionamento nazionale e il pannello analizzato

Circa 3.000 campioni raccolti. Questa presentazione riguarda 481 campioni radicali provenienti da 58 piante.

PANNELLO PRESENTATO OGGI

58

piante incluse nel pannello analizzato

21 Calabria · 16 Piemonte · 21 Friuli-VG

481

campioni radicali

più controlli, per ciascun marcatore

3

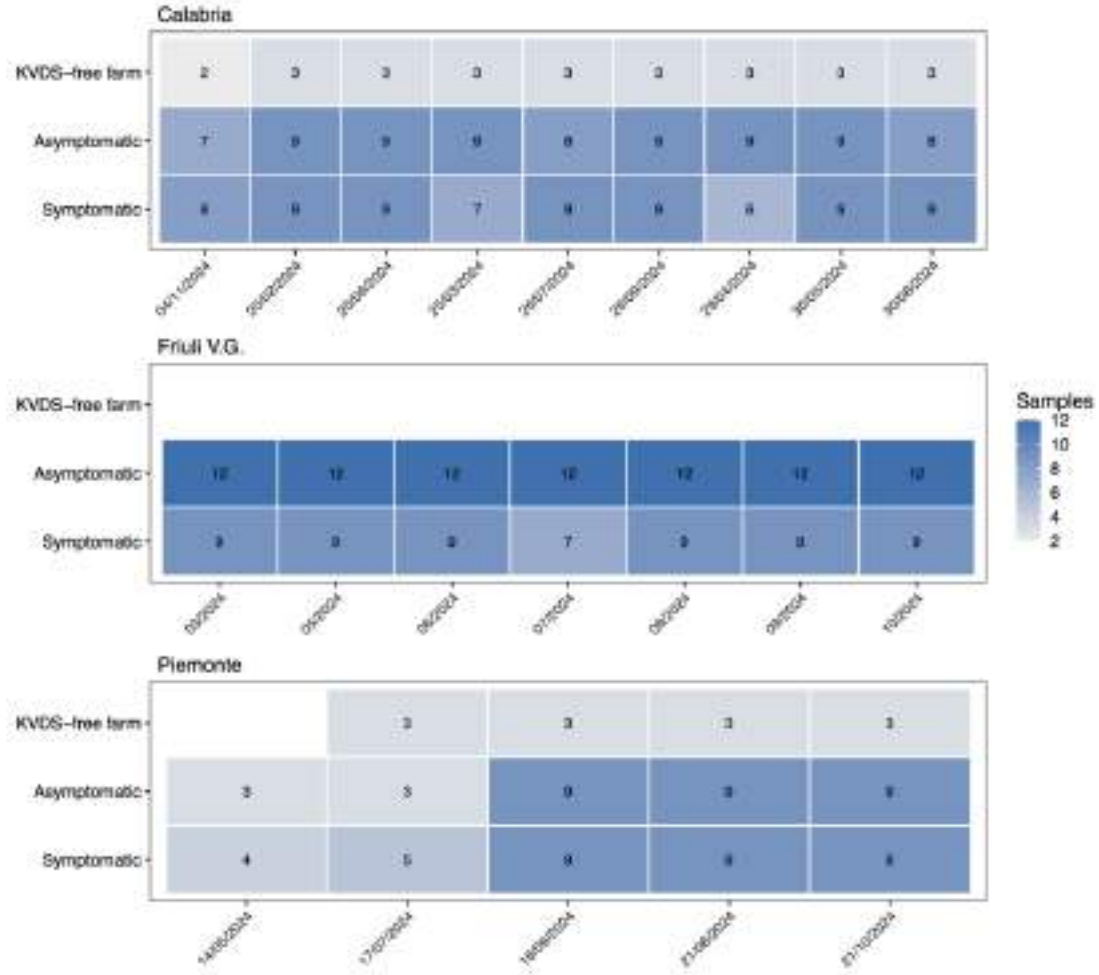
marcatori sequenziati

risultati oggi: 16S e ITS2
oomiceti: analisi in corso

RISULTATI

Piante incluse dopo il filtraggio

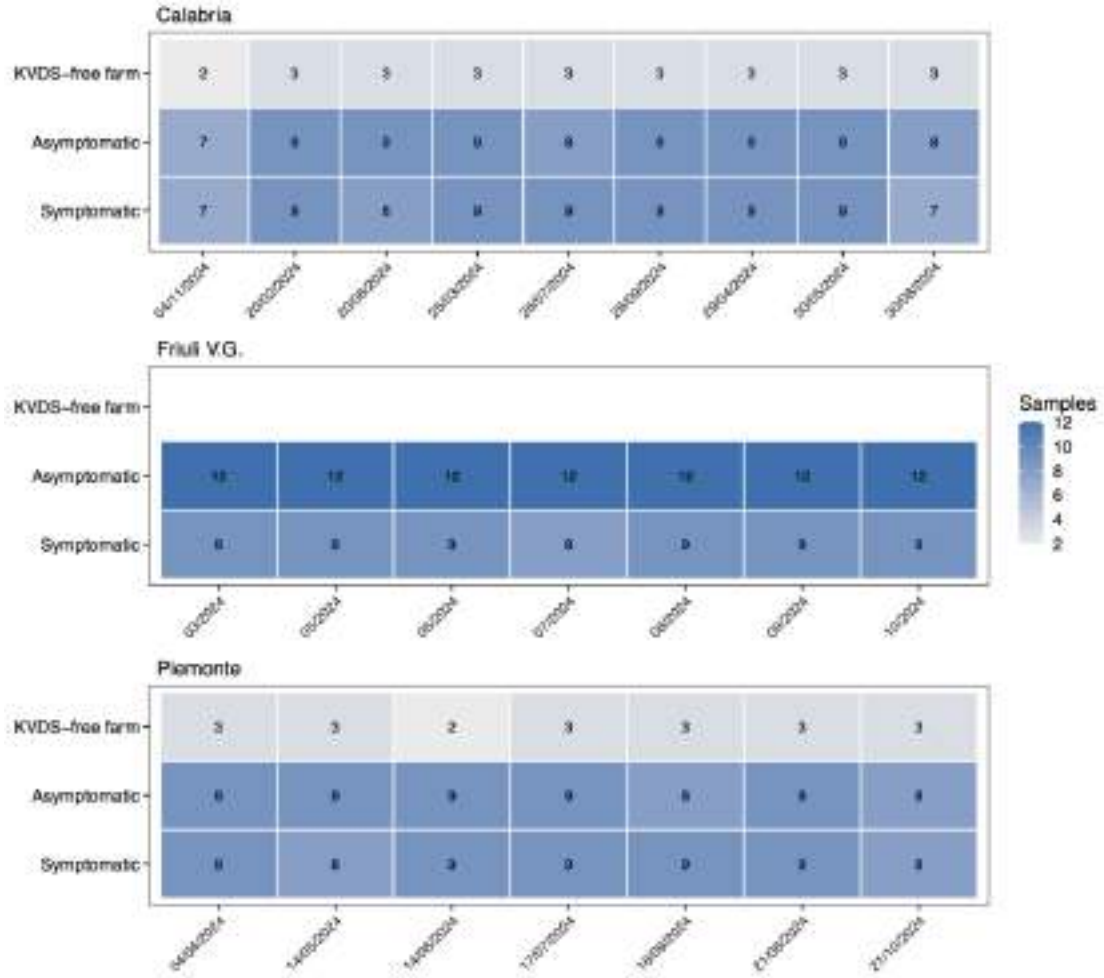
16S



RISULTATI

Piante incluse dopo il filtraggio

ITS



RISULTATI

Come leggere i risultati: tre proprietà della comunità



Diversità filogenetica

quanti rami evolutivi diversi sono presenti: valori bassi = taxa concentrati in poche linee evolutive vicine tra loro



Dispersione multivariata

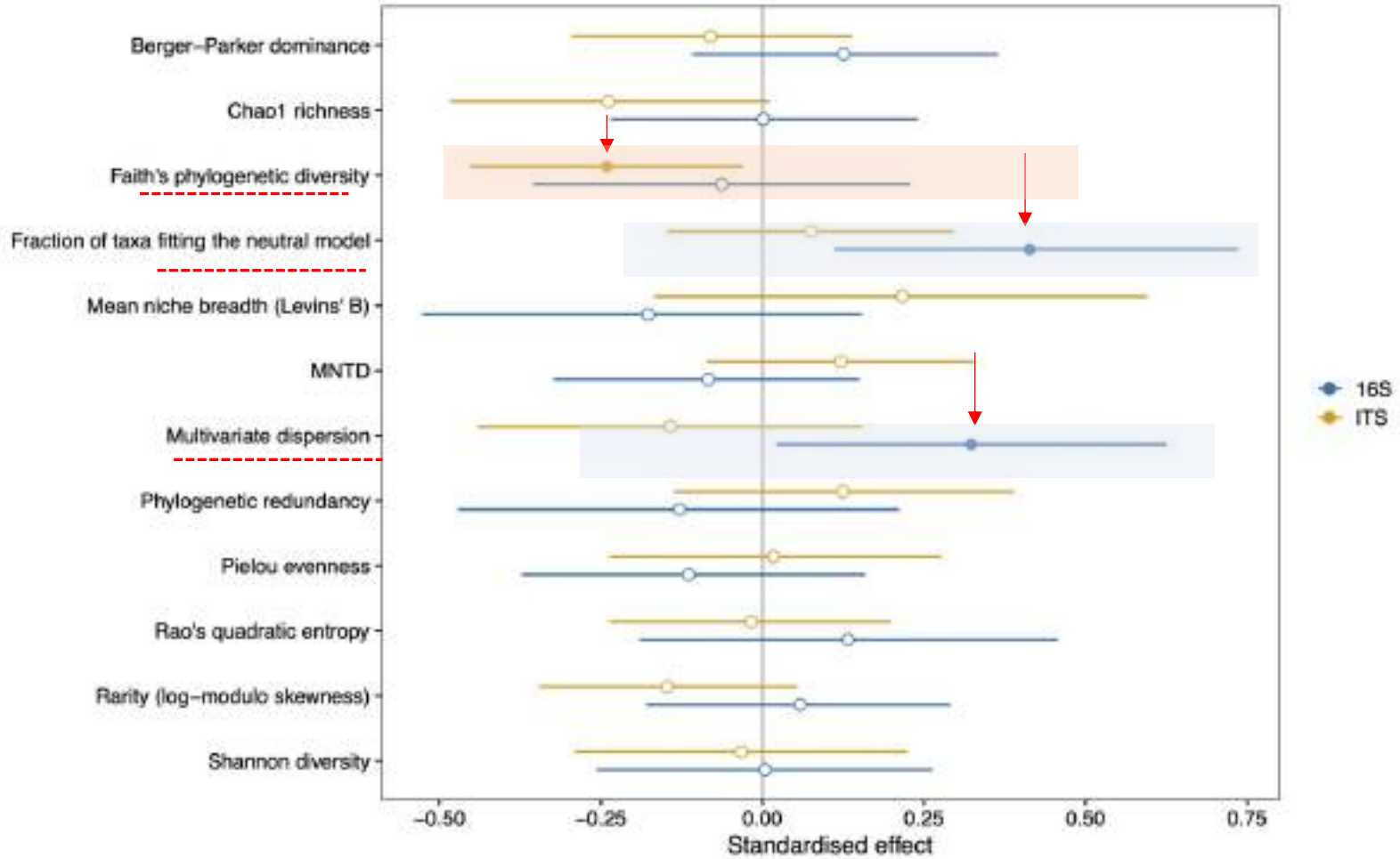
quanto le piante dello stesso gruppo hanno comunità simili tra loro: valori alti = comunità meno omogenee da pianta a pianta



Frazione neutrale

quota di taxa la cui distribuzione risulta compatibile con un modello neutrale (dispersione e deriva casuali, non selezione)

I segnali riguardano l'organizzazione della comunità



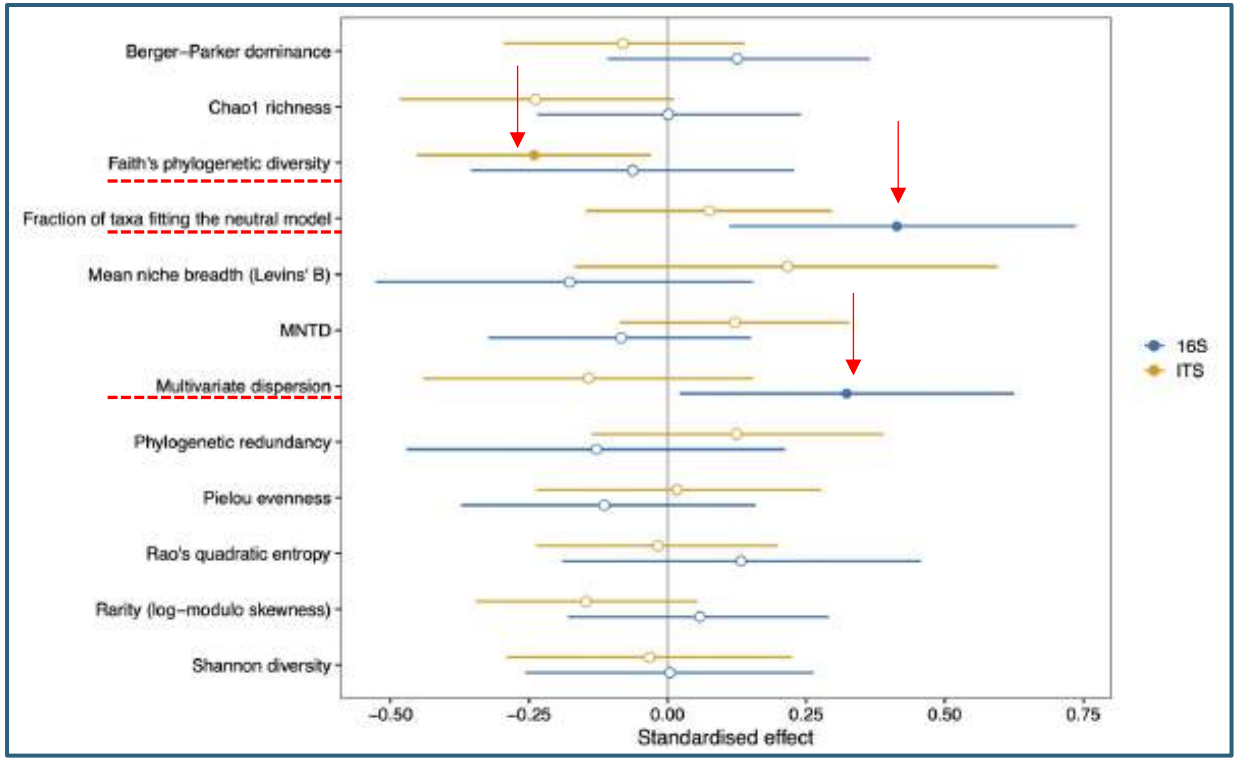
Effetti standardizzati • modello bayesiano

← PIÙ ALTO NELLE ASINTOMATICHE **0 = NESSUNA DIFFERENZA** **PIÙ ALTO NELLE SINTOMATICHE →**

Pallino = effetto stimato Linea = incertezza Pallino pieno = intervallo che non attraversa lo zero

RISULTATI

I segnali riguardano l'organizzazione della comunità



Confronto su 12 metriche di comunità, 16S e ITS2 — dettaglio nel glossario

Dati 16S preliminari, in fase di consolidamento.

3 EFFETTI SIGNIFICATIVI SU 24 TEST

↑ **16S Frazione neutrale più alta**
più alta nelle sintomatiche — comunità batterica meno strutturata, più "casuale" , compatibile con il modello neutrale

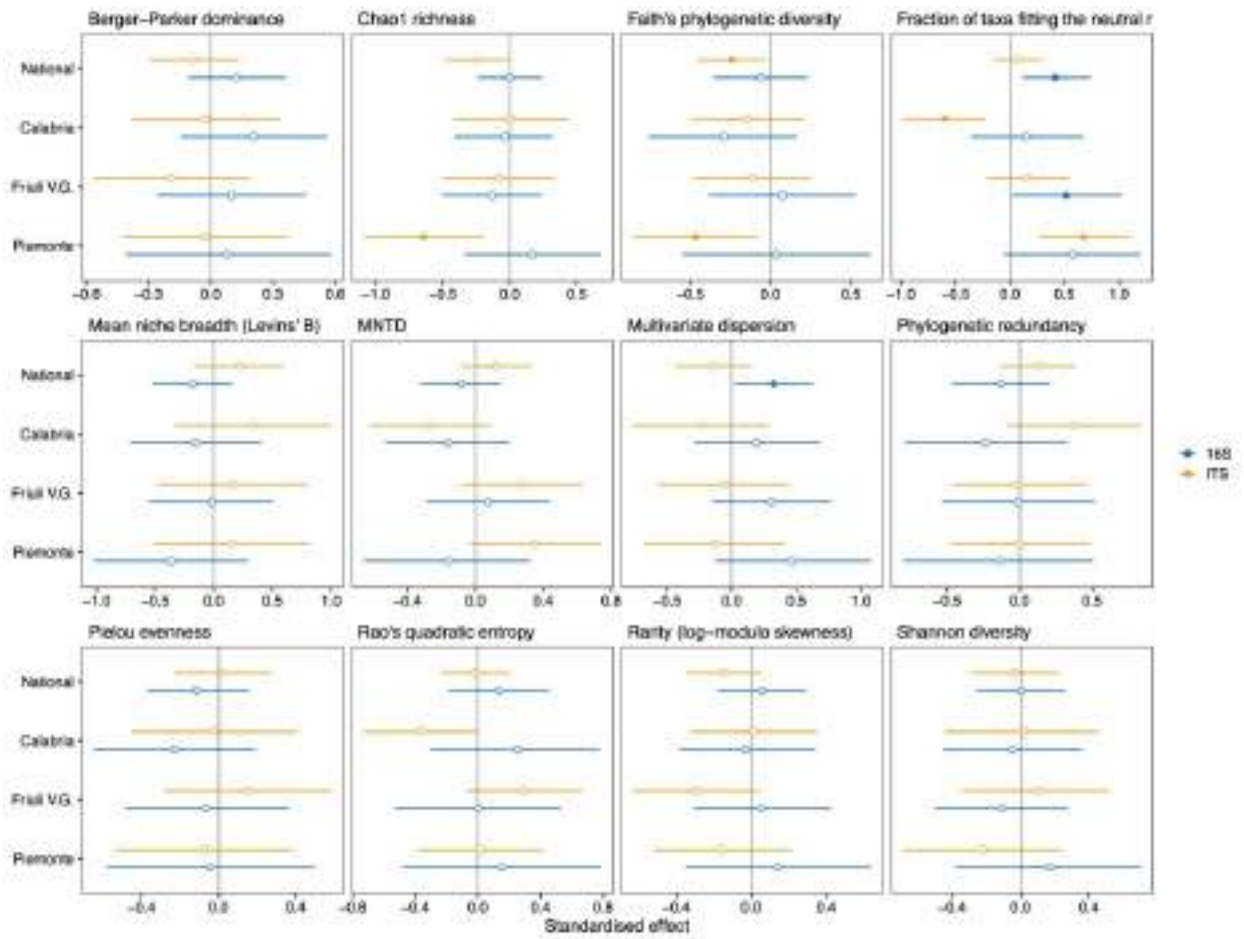
↑ **16S Dispersione multivariata**
comunità batteriche più eterogenee tra i campioni sintomatici

↓ **ITS2 Diversità filogenetica (Faith's PD)**
più bassa nelle sintomatiche, i taxa fungini coprono un ventaglio evolutivo più ristretto

Anna Karenina Principle: *la maggiore dispersione batterica è coerente con questo quadro (Zaneveld et al., 2017) — una possibile chiave interpretativa, non una dimostrazione.*

RISULTATI

Le stime regionali sono incerte e non uniformi



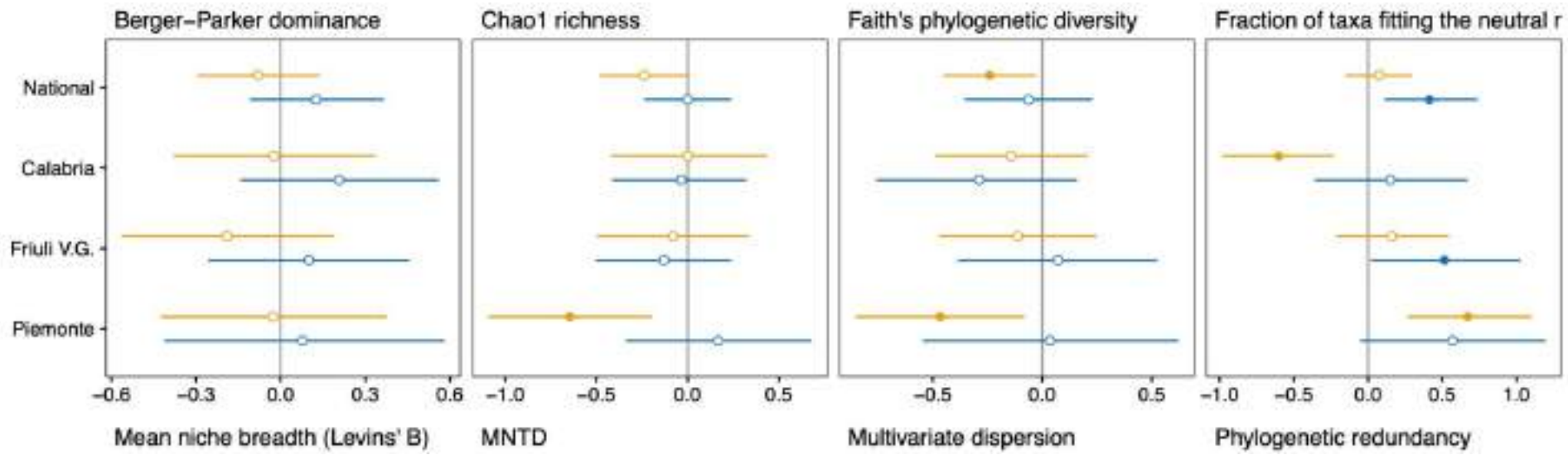
Gli intervalli regionali sono ampi e includono spesso lo zero

*Con la numerosità attuale non possiamo distinguere tra **reale eterogeneità territoriale** e minore precisione delle stime regionali*

In Piemonte l'effetto sulla diversità filogenetica fungina è più marcato. È un segnale locale, non una spiegazione del risultato nazionale.

RISULTATI

Le stime regionali sono meno precise

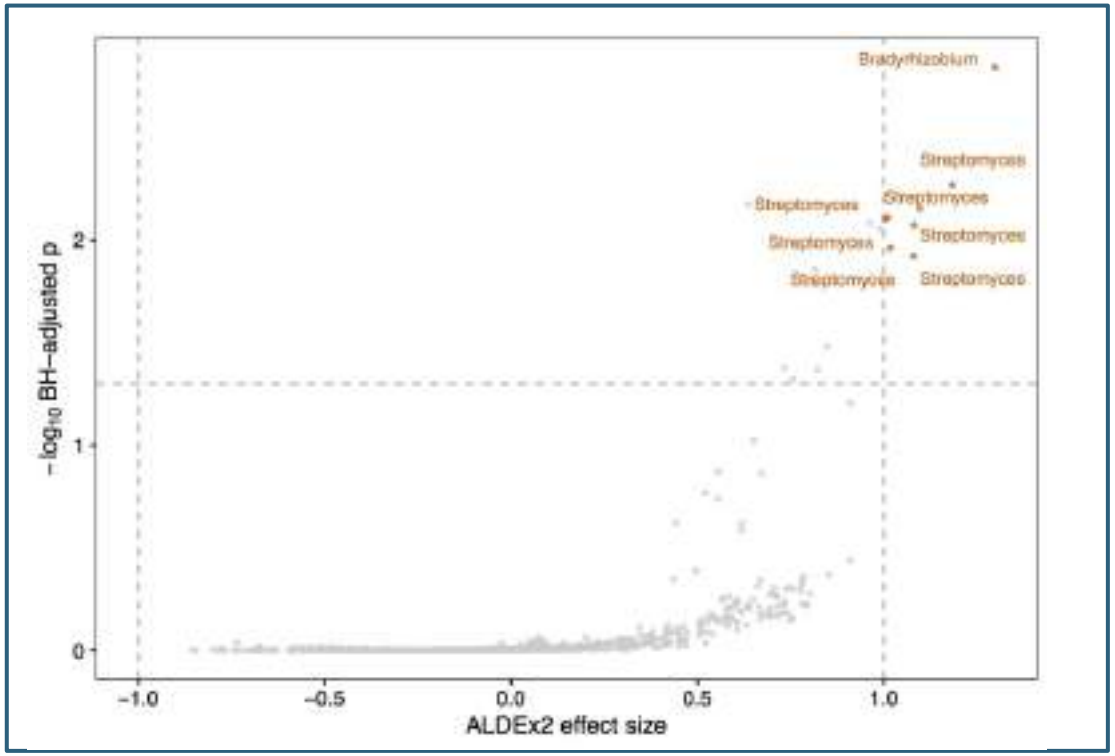


In Piemonte: *l'effetto sulla diversità filogenetica fungina è nettamente più marcato che negli altri territori . Osservazione locale, non ancora una spiegazione del dato nazionale*

RISULTATI

Nessuna ASV batterica distingue i due gruppi

Nel confronto nazionale tra sintomatiche e asintomatiche non emerge un singolo taxon batterico comune ai tre territori.



16S · RIFERIMENTO VS ASINTOMATICHE

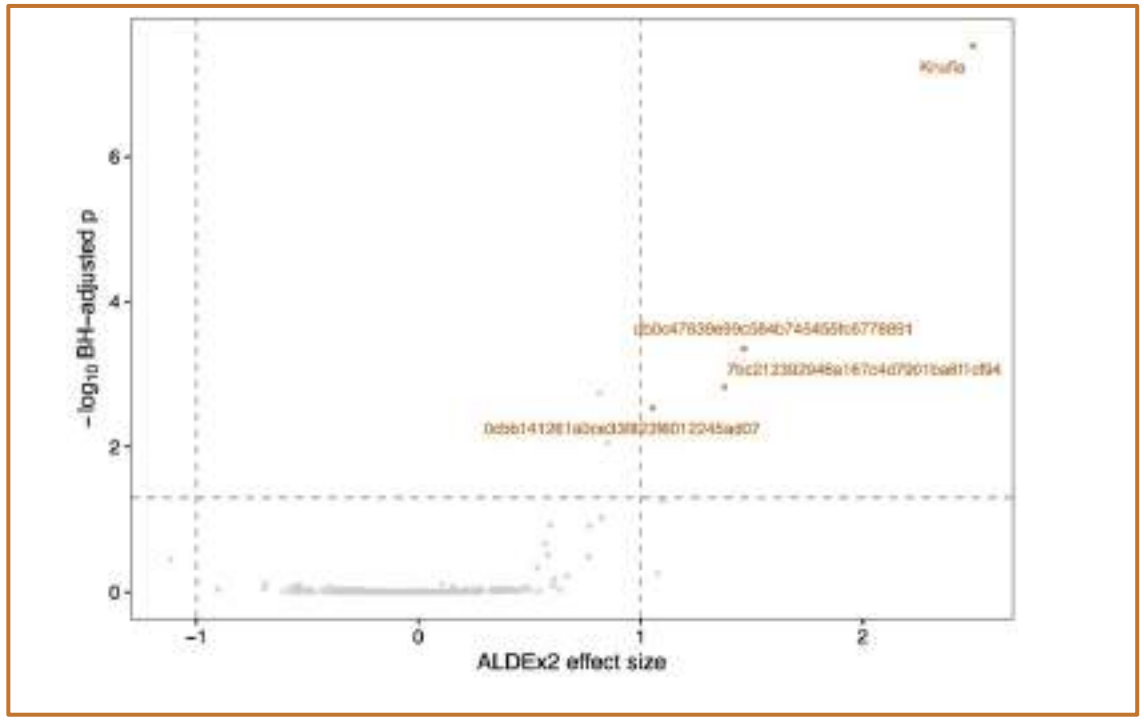
Il confronto con il campo di riferimento mostra alcune differenze, ma può riflettere il contesto di campo.

RISULTATI

Nessuna ASV fungina distingue i due gruppi

Anche nell'ITS2 nessuna ASV distingue in modo consistente le piante sintomatiche dalle asintomatiche.

Nel campo di riferimento emerge Knufia, ma il segnale riguarda poche ASV e resta esplorativo.



ITS2 · RIFERIMENTO VS ASINTOMATICHE

Segnale esplorativo: poche ASV e possibile effetto del campo.

DISCUSSIONE

Le differenze riguardano la struttura della comunità

COSA POSSIAMO CONCLUDERE

- Tre proprietà della comunità sono associate alla condizione osservata a fine stagione
- **Nessuna ASV batterica o fungina identifica in modo uniforme le piante sintomatiche**

COSA NON POSSIAMO ANCORA CONCLUDERE

- Non sappiamo ancora quando compaiano le differenze né se siano riproducibili nei singoli territori
- Manca ancora l’analisi bioinformatica del pannello degli oomiceti

CONCLUSIONI E SVILUPPI FUTURI

*Il valore di questo monitoraggio è il suo **disegno longitudinale**: seguire le stesse piante nel tempo per studiare la KVDS come **processo**, non come una fotografia. Questa prima analisi non stabilisce ancora **quando** compaiono i segnali osservati, né se **precedono** i sintomi.*

PER CAPIRE LA SEQUENZA DEGLI EVENTI

- **Consolidare i dati 16S**
- **Analizzare l'andamento temporale e il comparto rizosferico**
- **Integrare il pannello degli oomiceti**



Grazie per l’attenzione

Saveria Mosca · KVDS e microbioma associato: analisi su scala nazionale









Criticità tecniche: diagnosi e soluzione



PROBLEMA

Rapporti 260/230 bassi in alcuni campioni, compatibili con contaminanti residui

SOLUZIONE

Taq RepliQa (Quantabio) e diluizione dei campioni a ~4 ng/µl, senza ulteriore purificazione: amplificazione nettamente migliorata

Pannello oomiceti: ampliconi più lunghi, richiesta una corsa dedicata su MiSeq i100 Plus (kit 25M, 1000 cicli, 2×501 bp) sulla stessa piattaforma usata per 16S/ITS2