

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI UDINE
HIC SUNT FUTURA

PROGETTO Ager AGROALIMENTARE & RICERCA | FONDAZIONI IN RETE PER LA RICERCA AGROALIMENTARE

SOS KIWI

SOS-Kiwi:

Genotipi resilienti e compatibilità di innesto per contrastare la moria del kiwi

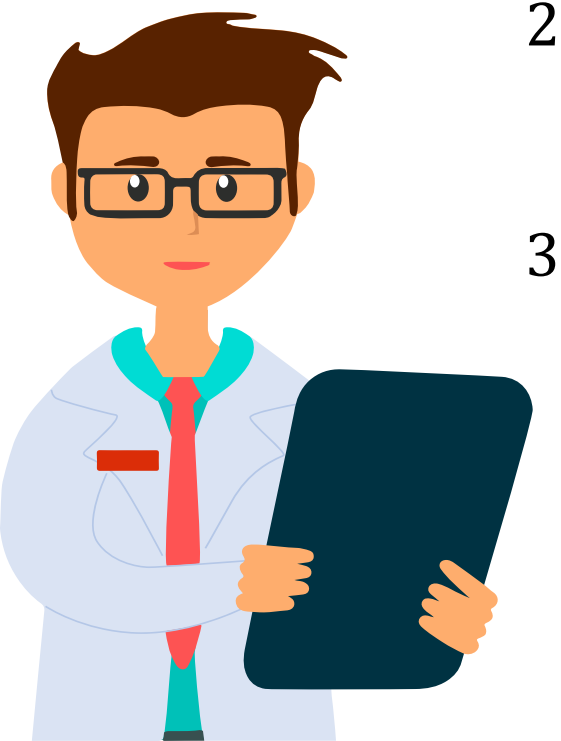


Iqra Ashraf , Guido Cipriani , Gloria De Mori

Moria del kiwi:
dall'emergenza alla gestione sostenibile

Martedì 15 settembre 2026

Task - Valutazione delle risorse di germoplasma di ***Actinidia*** sotto pressione da **KVDS** (Kiwifruit Vine Decline Syndrome)



1. Valutazione di nuovi genotipi di *Actinidia* tolleranti/resistenti a KVDS
2. Valutazione della compatibilità d'innesto tra i genotipi presumibilmente tolleranti/resistenti e le varietà coltivate
3. Verifica dell'ereditabilità del tratto

Specie selvatiche come risorsa per la resilienza radicale

Actinidia macrosperma







Actinidia valvata







Letteratura e test di sommersione in corso **indicano una potenziale maggiore tolleranza agli stress radicali**: un punto di partenza biologicamente solido come **portinnesti**.



Evidenze convergenti



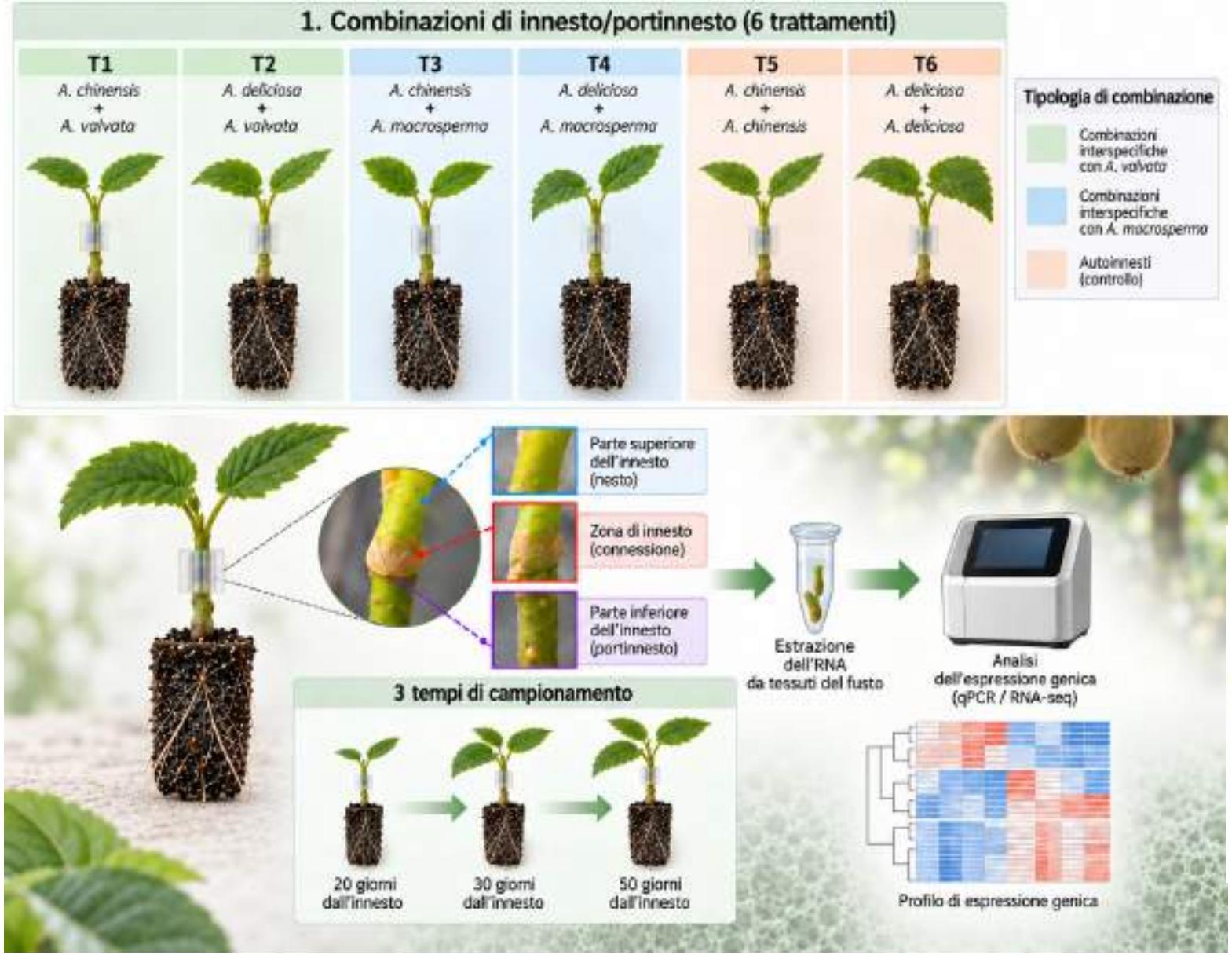
Scientia Horticulturae

Research Paper

Widely targeted metabolomics and physiological analyses reveal the impact of 'Zhongmikangzhen No. 2' rootstock on *Actinidia deliciosa*

Peng Zhang, Miaomiao Lin, Gloria De Mori, Congcong Li, Guido Cipriani, Sumei Li, Qina Zhang, Zhenzhen Zhang, Yihang Li, Leiming Sun, Jinbao Fang, Xiujuan Qi

Valutazione della compatibilità d'innesto dal punto di vista molecolare





VITRO plant ITALIA
Technologies for Agricultural Plants

Geni candidati coinvolti nella formazione dell'unione d'innesto

I 21 target RT-qPCR sono presentati negli stessi 4 gruppi funzionali utilizzati nelle heatmap dell'analisi

01 Stress ossidativo

ROS • difesa • fenilpropanoidi

- SOD1
- SOD3
- CAT1
- CAT3
- APX3
- ASCPER
- PAL1
- GG_GTRANSFERASE

8 geni

02 Segnali ormonali

etilene • ABA • regolazione

- ERF1B
- ERTF
- AAR_LIKE
- AARPIL
- I3AAMS

5 geni

03 Crescita e sviluppo

callo • cambio • riconnessione

- WUS_LIKE
- NACDVP
- DZFP
- MYBRPL

4 geni

04 Trasporto / metabolismo / altro

acqua • energia • traduzione

- AEFCCL
- AQPIP1
- ATP_SGC1
- EIF4A

4 geni

ACTINA è stata utilizzata come gene di riferimento per la normalizzazione e non è inclusa nei 21 target funzionali.

PCA | Dal profilo di espressione dei 21 geni ai principali gradienti di variabilità

1 Repliche biologiche

Ogni punto della PCA rappresenta una replica biologica con un profilo multigenico.

2 21 geni

Per ogni replica si usano i valori di espressione log2 normalizzata dei 21 target.

3 Standardizzazione

Ogni gene viene centrato e scalato (media = 0; deviazione standard = 1).

4 PCA

La PCA cerca combinazioni di geni che riassumano la variabilità tra i campioni.

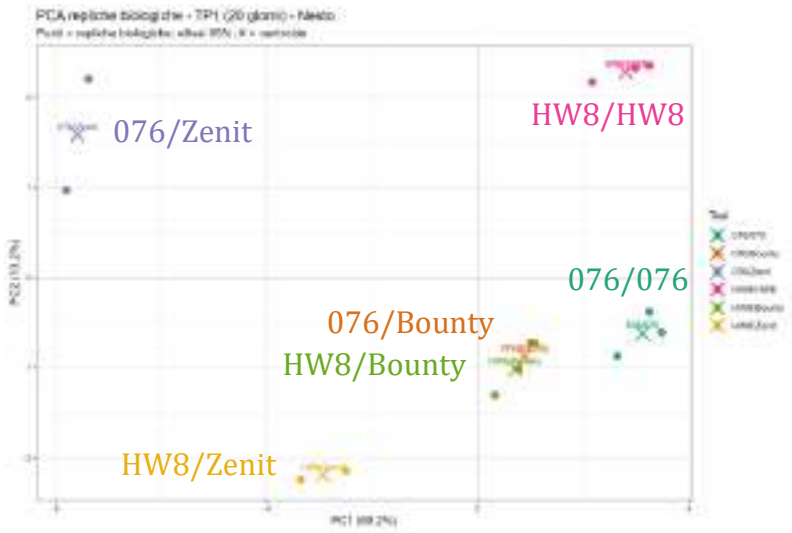
Tempo	Tessuto	PC1	PC2	PC1+PC2
20 giorni	Nesto	69.2%	13.2%	82.4%
20 giorni	Punto d'innesto	60.3%	15.2%	75.5%
20 giorni	Portinnesto	66.4%	14.8%	81.2%
30 giorni	Nesto	70.1%	9.8%	79.9%
30 giorni	Punto d'innesto	63.5%	14.4%	77.9%
30 giorni	Portinnesto	73.6%	7.6%	81.2%
50 giorni	Nesto	28.8%	27.1%	55.9%
50 giorni	Punto d'innesto	28.1%	20.3%	48.4%
50 giorni	Portinnesto	28.9%	23.5%	52.4%

TP1 (20 giorni) | Pattern condiviso nei tre tessuti

La firma multigenica distingue le combinazioni già nelle prime fasi dell'unione

NESTO

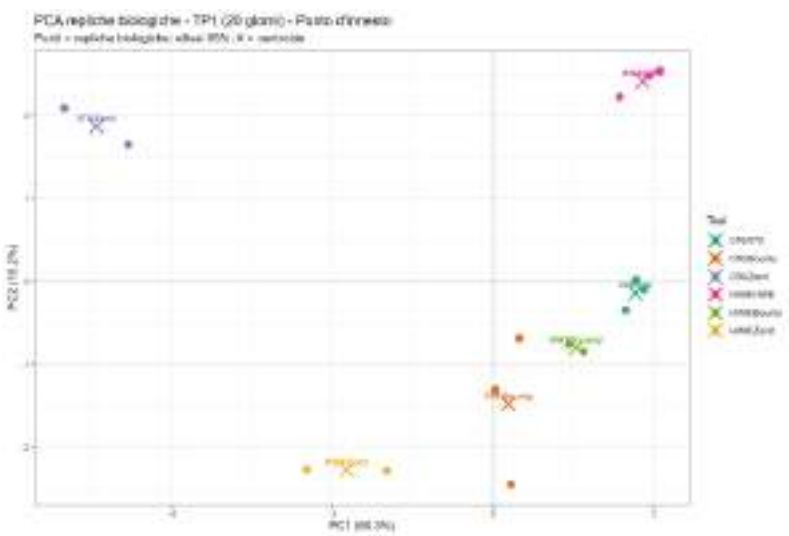
PC1 = 69,2%



076/Zenit è il profilo più distinto;
i due innesti su Bounty sono molto vicini.

PUNTO D'INNESTO

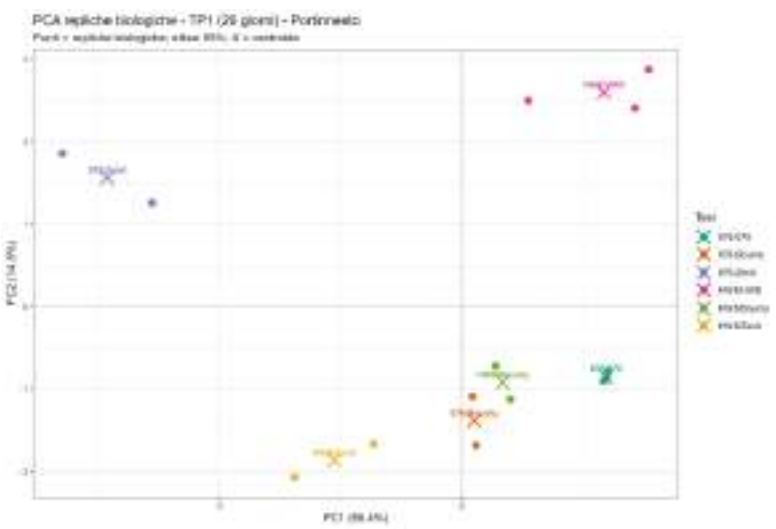
PC1 = 60,3%



Tesi innestate su Zenit si separano dai self e da HW8/Bounty: la risposta iniziale sembra dipendere dalla combinazione

PORTINNESTO

PC1 = 66,4%



La stessa struttura si ripete, con 076/Zenit distinto dalle alter tesi

MESSAGGIO CHIAVE

A 20 giorni lo stesso schema compare in nesto, punto d'innesto e portinnesto → la combinazione nesto–portinnesto sembra lasciare una firma molecolare coerente nei tre tessuti analizzati.

TP1 — 20 giorni

componenti principali

PC1 — 60,3%

- CAT1
- ASCPER
- SOD3
- AEFCCL
- DZFP
- APX3

PC2 — 15,2%

- ATP_SGC1
- GG_GTRANSFERASE
- EIF4A
- I3AAMS
- ERF1B
- PAL1

TP2 — 30 giorni

componenti principali

PC1 — 63,5%

- ATP_SGC1
- PAL1
- AAR_LIKE
- AEFCCL
- APX3
- SOD3

PC2 — 14,4%

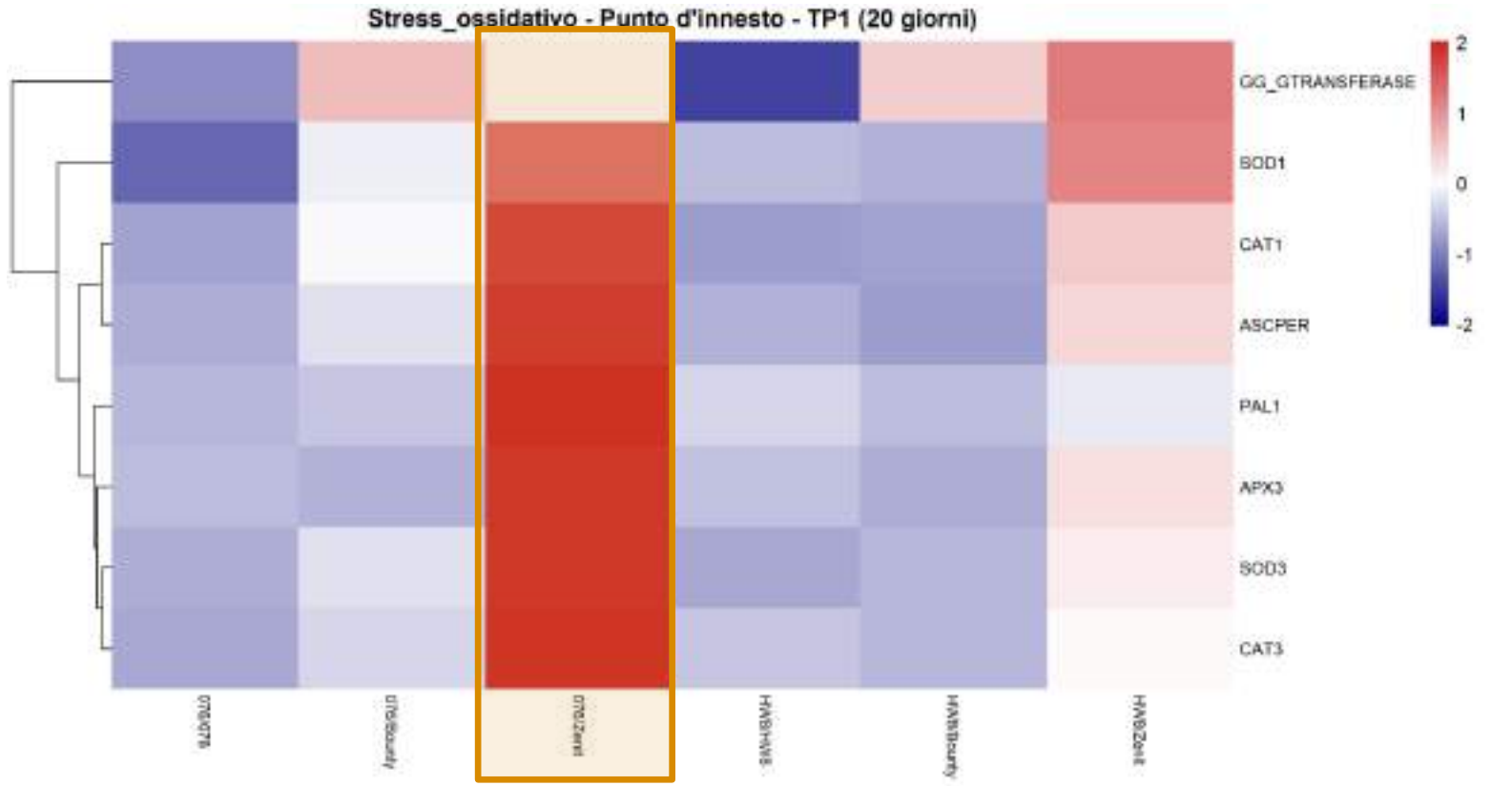
- I3AAMS
- MYBRPL
- CAT3
- SOD1
- ERF1B
- AQPIP1

● Stress ossidativo ● Segnali ormonali ● Crescita / sviluppo ● Trasporto / metabolismo

TP1: PC1 soprattutto redox/stress → **TP2: PC1 più misto tra redox, metabolismo/trasporto e segnali ormonali**

TP1 | combinazione *A. chinensis*/*A. valvata* mostra una firma molecolare molto marcata

Primo campionamento: 20 giorni dopo l'innesto • punto d'innesto



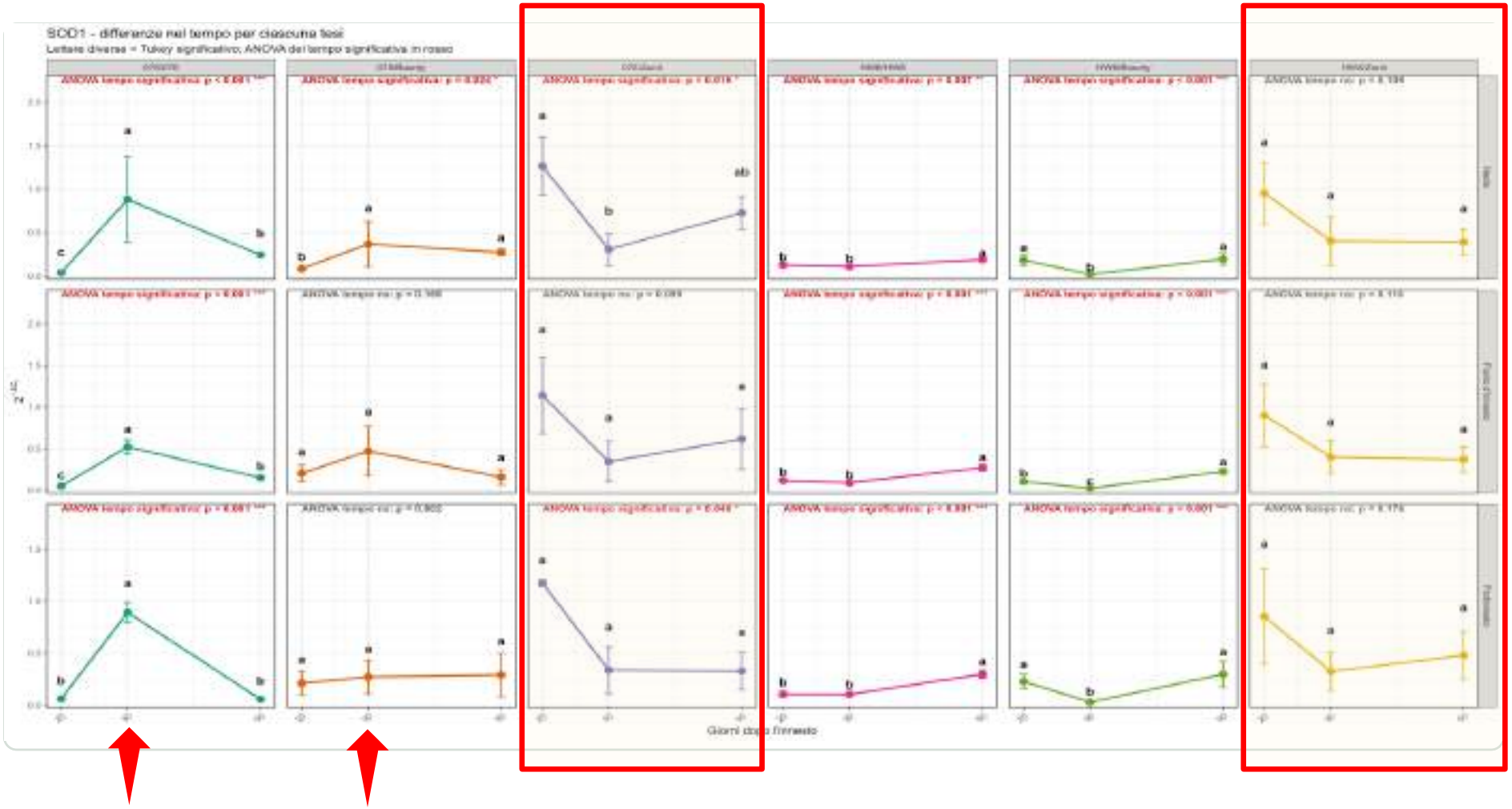
Cosa si vede

- **076/Zenit** è già elevato per numerosi geni redox/stress.
- La firma è coerente con la forte separazione osservata nelle PCA a TP1.

20 giorni 30 giorni 50 giorni

SOD1 | Le combinazioni non seguono lo stesso timing

076/Zenit e HW8/Zenit sono già elevati al TP1; altre tesi mostrano incrementi successivi



Come leggerlo

TP1
076/Zenit + HW8/Zenit già elevati

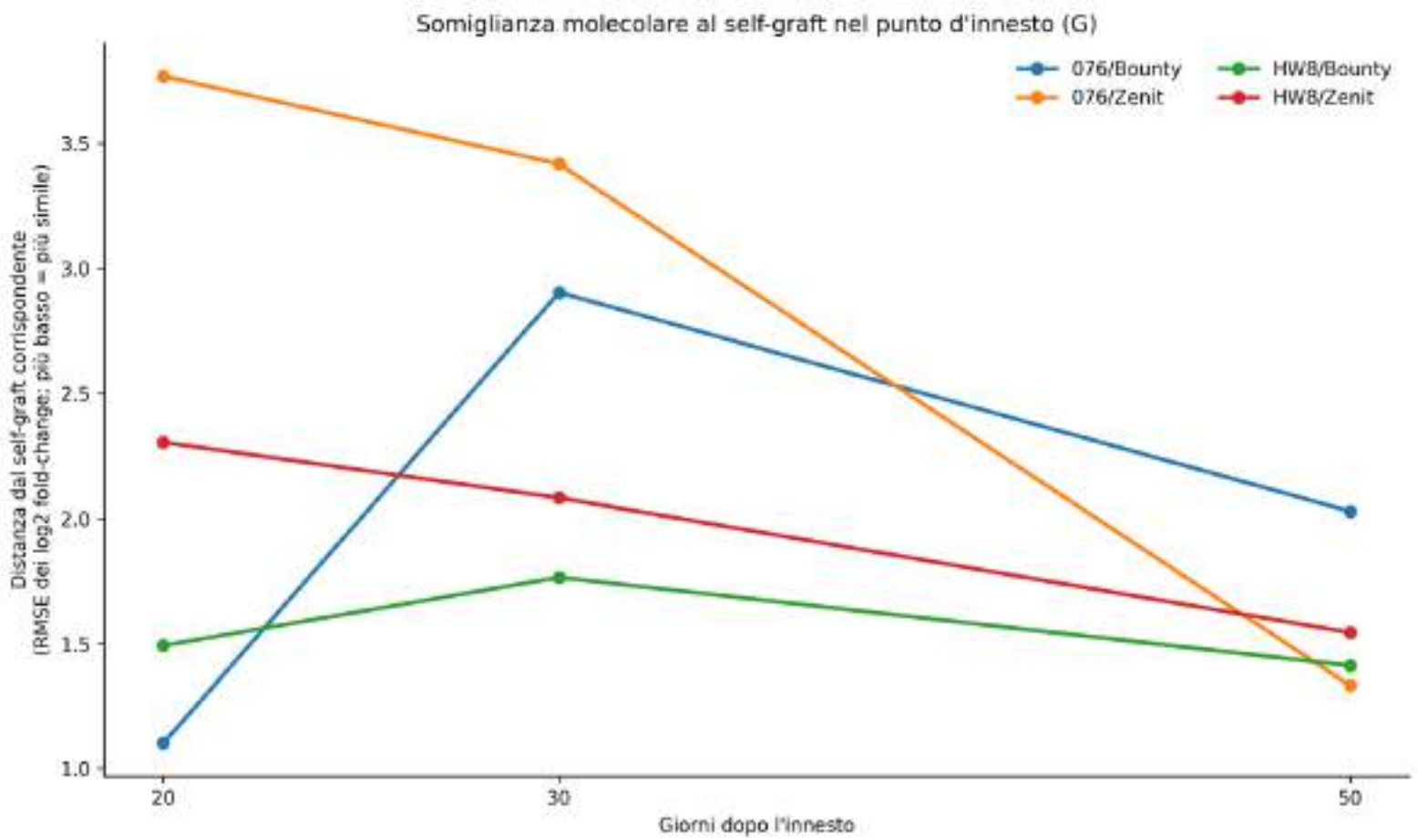
TP2–TP3
altre tesi raggiungono valori maggiori più avanti

→ stesso gene, traiettorie temporali diverse

Messaggio chiave: le tesi differiscono non solo per intensità, ma anche per il momento in cui la risposta emerge

Quanto si discosta ogni eteroinnesto dal proprio self?

Confronto multigenico nel punto d'innesto (G) ai tre tempi



Riferimento biologico

076/Bounty + 076/Zenit → 076/076

HW8/Bounty + HW8/Zenit → HW8/HW8

Come si legge

↓ distanza = profilo più simile al self

↑ distanza = profilo più diverso dal self

Traiettorie nel tempo

076/Zenit: distante a TP1–TP2 → converge a TP3
076/Bounty: minimo a TP1 → massimo a TP2
HW8/Bounty: andamento relativamente stabile
HW8/Zenit: progressivo avvicinamento al self

Messaggio chiave: il grafico descrive traiettorie molecolari diverse rispetto al self.

Take-home messages

Un processo dinamico, ancora in costruzione

1 La combinazione conta

Nesto e portinnesto modificano la firma trascrizionale: le tesi si separano nelle PCA e la loro distanza cambia nel tempo.

2 Il timing cambia

I programmi molecolari si riorganizzano nel tempo: risposta precoce, segnali cambiali/vascolari intermedi e componenti ormonali/redox più evidenti più avanti.

3 Traiettorie diverse dal self

HW8/Bounty profilo più vicino al proprio self; 076/Zenit è più distante a 20–30 giorni e converge a 50 giorni. È una differenza di cinetica, non ancora una misura di compatibilità.

Il lavoro prosegue

I dati molecolari da soli non bastano ancora a stabilire quale combinazione sia più compatibile.

ESTENSIONE DEL DATASET

- Secondo anno di dati
- Diverse varietà innestate sullo stesso portinnesto

VALIDAZIONE FENOTIPICA E FUNZIONALE

H — Analisi istologiche
Struttura e continuità dei tessuti nel punto d'innesto

E — Quantificazione enzimatica
Enzimi coinvolti nella risposta allo stress ossidativo

Φ — Analisi fisiologiche
Integrare il profilo molecolare con la funzionalità della pianta



Grazie per l’attenzione

Research Team — University of Udine

Guido Cipriani

Iqra Ashraf

Gloria De Mori

gloria.demori@uniud.it

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI UDINE
HIC SUNT FUTURA

PROGETTO Ager AGROALIMENTARE & RICERCA
FONDAZIONI IN RETE PER LA RICERCA AGROALIMENTARE
SOS KIWI