

Identificazione di genotipi tolleranti e resistenti a Mal secco degli agrumi in una collezione di germoplasma agrumicolo in Sicilia

Russo R.^{1,2}, Caruso M.¹, Arlotta C.¹, Sicilia A.², Lo Piero A.R.², Nicolosi E.², Di Silvestro S.¹

silvia.disilvestro@crea.gov.it

¹CREA, Centro di Ricerca Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura, Corso Savoia 190, 95024 Acireale, Italia;

²Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione ed Ambiente (Di3A), Università degli Studi di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123 Catania, Italia;

Il Mal secco degli agrumi è la più grave micopatia che colpisce il limone ed è causa di ingenti perdite di produzioni alla limonicoltura italiana. L'agente patogeno della malattia è il fungo *Plenodomus tracheiphilus*. Differenti metodi di miglioramento genetico sono stati utilizzati, ma nessuno di essi fino ad oggi ha permesso di raggiungere i risultati sperati. Infatti, sebbene qualche varietà di limone meno suscettibile alla malattia e con buone caratteristiche produttive sia stata selezionata (Femminello Zagara Bianca), in alcuni areali, l'alta pressione del patogeno ha consentito agli agrumicoltori il solo utilizzo del Monachello, un clone di limone che ha garantito la sopravvivenza della limonicoltura nelle aree severamente afflitte dalla malattia ma che non ha assicurato, per le sue mediocri caratteristiche qualitative, competitività alla limonicoltura italiana. Il principale obiettivo dell'indagine fenotipica è stato quello di identificare sorgenti di tolleranza e resistenza alla malattia in germoplasma di agrumi. L'indagine è stata effettuata nel campo di germoplasma del CREA di Acireale (CT), in un'area con un'alta pressione del patogeno. Il campo è stato impiantato nel 2002, e nell'indagine fenotipica sono stati considerati 22 cloni di limone, 5 limoni autotetraploidi, diversi ibridi di limone e di cedro e altre specie di agrumi, per un totale di 50 genotipi. Dopo qualche anno dall'impianto alcuni genotipi sono morti a causa della malattia. Quindi sui genotipi restanti in collezione è stata effettuata un'analisi di fenotipizzazione dei sintomi della malattia utilizzando una scala fenotipica, e una diagnosi molecolare, tramite Real-time PCR, per l'identificazione molecolare del patogeno. Oltre alla fenotipizzazione dei sintomi, per ogni genotipo è stata misurata la dimensione della chioma. L'analisi molecolare ha permesso di diagnosticare il patogeno in tutti i cloni di limone, anche in quei cloni senza chiari sintomi, indicando la loro attitudine a tollerare la malattia. Inoltre, combinando le due tecniche analitiche, fenotipizzazione e diagnosi molecolare, questo lavoro fornisce un valido metodo per la valutazione della presenza della malattia, infatti la correlazione calcolata tra le due variabili ottenute è risultata significativa. Il volume della chioma ha permesso di identificare quei genotipi più sensibili alla malattia, perché le potature effettuate per eliminare i rami infetti, ne hanno influenzato lo sviluppo. Infine, diversi genotipi hanno mostrato resistenza alla malattia ed alcuni di questi sono stati selezionati come parentali, in grado di generare popolazioni segreganti, con la possibilità di indentificare dei QTLs (Quantitative Trait Locus) relativi alla resistenza al patogeno.

Parole chiave: limone, fenotipizzazione, *Plenodomus tracheiphilus*, poliploidi, real-time PCR.