

## Cancro del Kiwi: importanti scoperte sull'origine della malattia

### **A breve, i risultati della ricerca saranno divulgati dai Ricercatori dell'Università della Tuscia**

Da quando è esploso nel 2008 nel Lazio in tutta la sua virulenza, il cancro batterico dell'actinidia causato dal batterio *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* (Psa), si è poi diffuso tanto rapidamente che oggi l'infezione determinata da questo patogeno ha assunto i caratteri di una vera e propria pandemia.

Questa batteriosi interessa attualmente gli impianti di *Actinidia* spp. (a polpa verde, a polpa gialla ed a polpa rossa) in Cina, Giappone, Corea, Nuova Zelanda, Australia, Cile, Svizzera, Italia, Francia, Portogallo e Spagna.

Alcune tra le principali domande che gli addetti ai lavori si sono sempre posti dalla recente esplosione di questa fitopatia in Italia, sono: da dove e come è arrivato questo patogeno? Come si è diffuso? Siamo in presenza di una o di differenti popolazioni di Psa?

La ricerca, che a breve sarà pubblicata su un'importante rivista scientifica internazionale, coordinata e sviluppata dal Prof. Balestra insieme ai Dr. Mazzaglia e Taratufolo del DAFNE dell'Università della Tuscia, in collaborazione con ricercatori stranieri, ha voluto affrontare queste problematiche per cercare di dare risposte adeguate a degli interrogativi fondamentali.

Essendo in presenza di una fitopatia con una diffusione oramai intercontinentale, lo studio si è concentrato sul sequenziamento e sull'analisi del genoma di numerosi ceppi di Psa isolati in Cina (paese di origine del genere *Actinidia* e dove per primo è stato segnalato il patogeno), Giappone, Corea, Nuova Zelanda, Italia, Francia, Spagna e Portogallo.

Questo studio ha così permesso di iniziare a ricostruire e ad indagare i percorsi e le modalità di trasmissione del patogeno a livello internazionale ed intercontinentale.

Dai risultati conseguiti emerge che: **i)** la popolazione di Psa isolata in Italia nel 1992 è filogeneticamente riconducibile alle popolazioni presenti in Giappone e Corea, ed insieme ad esse costituisce una popolazione ben distinta da quella attuale; **ii)** gli isolati di Psa italiani relativi all'attuale epidemia, appartengono ad un unico clone, con ridottissime differenze tra loro; **iii)** anche gli isolati ottenuti nel resto d'Europa (Francia, Portogallo, Spagna), così come la popolazione virulenta identificata in Nuova Zelanda (Psa V), appartengono a questo stesso genotipo, con minime differenze tra loro; **iv)** gli isolati cinesi sono molto simili a quest'ultimo gruppo, anche se è

possibile distinguerli per alcuni caratteri genomici; **v**) tanto gli isolati di Psa dell'Europa, della Nuova Zelanda (Psa V) che quelli della Cina, sembrano derivare da un unico genotipo ancestrale.

Sulla base dei risultati conseguiti, nel lavoro vengono poi ipotizzati i percorsi che il batterio nel tempo può aver intrapreso, come le sue modalità di diffusione.

Dalle scoperte scientifiche evidenziate, Psa potrebbe essere stato introdotto in Italia mediante materiale infetto proveniente direttamente dalla Cina, o dalla Nuova Zelanda, ma sempre con origini cinesi.

L'infezione di Psa sviluppatasi in Europa, sembra prevalentemente associata all'infezione iniziale del 2008 registrata in Italia e quindi, successivamente, mediante materiale infetto, il patogeno ha potuto diffondersi negli altri stati europei.

Al momento, il gruppo di ricerca dell'Ateneo viterbese sta proseguendo gli studi mediante ulteriori approfondimenti scientifici al fine di fornire ulteriori elementi in grado di affrontare e chiarire adeguatamente il problema.