



di Valeria Terzi

30 novembre 2011

IL GENOMA DEL BATTERIO CHE CAUSA IL CANCRO DEL KIWI



L'analisi comparativa del genoma di tre isolati dell'agente del cancro batterico dell'actinidia ha messo in luce che l'attuale grave epidemia in corso in Italia è causata da un nuovo ceppo e non da un'evoluzione del batterio già presente in Italia fin dagli anni '90.

Lo studio recentemente pubblicato da Marcelletti, Ferrante, Petriccione, Firrao e Scortichini sulla rivista **PLoS One** (doi: 10.1371/journal.pone.0027297), è il risultato di una collaborazione tra il Consiglio per la Ricerca e Sperimentazione in Agricoltura (sedi di Roma e Caserta) e il Dipartimento di Scienze agrarie e ambientali dell'Università di Udine.

Nell'ambito della ricerca sono stati sottoposti a sequenziamento con tecnica ILLUMINA tre ceppi di *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae*, due isolati in Italia (I-Psa e I2-Psa) ed uno in Giappone (J-Psa). Mentre i genomi di J-Psa e I-Psa, entrambi isolati più di 15 anni fa, sono risultati molto simili, il genoma di I2-Psa, ceppo isolato durante l'attuale epidemia in Italia, è risultato mancare di alcune regioni cromosomiche, come quella contenente il cluster genico necessario alla produzione di faseolotossina, ma possedere un plasmide di 160 kb assente negli altri ceppi. Il lavoro ha anche rivelato che la *pathovar actinidiae* di *Ps. syringae* ha un potenziale genetico che la rende in grado di esprimere resistenza al rame e di degradare antibiotici, ossido nitrico e composti aromatici di origine vegetale.

Gli studi di genomica confermano che gli aspetti preventivi sono determinanti per il successo della lotta contro questa grave avversità dell'actinidia.

(Foto: una pianta malata)

