

PIANO DI FORMAZIONE
“Studi tassonomici di isolati appartenenti al genere *Colletotrichum*”

Una corretta identificazione delle specie è fondamentale, in particolare tra i generi fitopatogeni e negli studi incentrati su biodiversità, conservazione ed evoluzione, nonché per l'attuazione di misure di quarantena.

Una delle principali sfide nello studio di *Colletotrichum* è l'affidabilità delle passate assegnazioni tassonomiche. Il genere ha subito continui riarrangiamenti tassonomici negli ultimi decenni, principalmente a causa di poca chiarezza nella definizione di specie e della mancanza di coordinamento nella comunità scientifica. Negli ultimi 15 anni diverse specie sono state separate mentre altre sono state fuse, creando una grande confusione e informazioni tassonomiche inaffidabili.

Un esempio è fornito dalle specie di *Colletotrichum* associate a *Malus domestica* (melo) e responsabili del marciume amaro del melo (Apple Bitter Rot: ABR) e della necrosi fogliari (Glomerella Leaf Spot: GLS) in tutto il mondo. Originariamente assegnate alla specie *Colletotrichum fructicola*, è ormai noto che le specie coinvolte sono tre: *C. noveboracense*, *C. chrysophilum* e *C. fructicola* (solo parzialmente coincidente con il concetto di specie definito precedentemente). Questo riarrangiamento tassonomico implica che gli isolati assegnati a *C. fructicola* tra il 2012 e il 2016 potrebbero ora necessitare di una riassegnazione. Inoltre, i confini di specie delle suddette specie potrebbero richiedere una riconsiderazione, come evidenziato dai risultati genomici recentemente pubblicati.

L'obiettivo di questo progetto mira quindi a riallocare tassonomicamente i record di *Colletotrichum* per validare i modelli di associazione con l'ospite e la distribuzione globale di questo importantissimo patogeno.

Per raggiungere questo obiettivo, verranno analizzati diversi isolati fungini combinando analisi morfologiche classiche su diversi substrati, sequenze di geni specifici (MLS, tra cui ACT, CHS, GAPDH, TUB2, CAL, SOD2, GS, HIS3, SLA2, APN2, APN2/MAT1-2 e MAT1-2) e analisi genomiche.

Nello specifico l'attività prevede Isolamento su substrati agarizzati universali e/o specifici

- Identificazione e caratterizzazione morfologica mediante visualizzazione macroscopica e microscopica delle colonie
- Identificazione e caratterizzazione delle colonie tramite estrazione del DNA, amplificazione con primers specifici e/o sequenziamento di geni informativi
- Analisi genomiche