

Relazione dell' attività svolta da **Valeria Bianciotto** durante la Short Term Mobility 2016 presso **Universidade Federal de Pernambuco-UFPE - Departamento de Micologia/Centro de Biociências/UFPE Avenida da Engenharia, S/N - Cidade Universitária Cap: 50740-600 Città: Recife - Stato: Pernambuco - Nazione: Brasile**

Titolo del programma

Selezione e caratterizzazione di nuovi isolati fungini simbiotici del mais per la formulazione di inoculi a base di biofertilizzanti per un'agricoltura a basso impatto ambientale.

Obiettivi

Selezionare e caratterizzare alcuni isolati di funghi micorrizici arbuscolari (AMF) provenienti da colture di mais brasiliane e italiane particolarmente efficienti come simbiotici e biofertilizzanti. Durante il periodo svolto presso il laboratorio di micologia dell'Università Federale de Pernambuco (Recife) il microbioma fungino micorrizico arbuscolare associato al mais è stato studiato attraverso:

- l'analisi bioinformatica e filogenetica dei dati relativi alle sequenze ribosomiali di comunità fungine AMF dei suoli e delle radici di mais di colture brasiliane e italiane
- la selezione e la caratterizzazione morfologica e molecolare di alcuni isolati fungini AMF risultati più efficienti, nelle prove in laboratorio, come biofertilizzanti nella coltivazione del mais.

In particolare l'utilizzo di analisi molecolari abbinate alla caratterizzazione morfologica ha contribuito a ottenere una rappresentazione più completa della comunità AMF presenti nel suolo rizosferico ma soprattutto durante la fase di colonizzazione endofitica dei funghi AMF a livello delle radici. Il lavoro svolto ha infatti permesso di chiarire la diversità delle comunità AMF nelle radici e nella rizosfera delle piante di mais, determinando l'influenza delle fasi fenologiche vegetali sull'associazione simbiotica. In particolare durante la Short Term Mobility sono state analizzate le comunità AMF provenienti da tre siti differenti localizzati in zone brasiliane di foresta pluviale e di aree semiaride (comuni di Igarassu, Passira e Serra Talhada) durante due fasi della crescita vegetale del mais (maturazione e raccolta). Le proprietà del suolo, la colonizzazione radicale e la diversità AMF di questi siti

sono state determinate sulla base di analisi molecolari e morfologiche delle spore e delle radici colonizzate. In totale, 43 specie AMF, prevalentemente appartenenti ai generi *Acaulospora* e *Glomus*, sono state identificate mediante analisi morfologica. Per quanto riguarda invece le analisi molecolari della radice, 433 cloni sono stati sequenziati. In dettaglio sono stati ottenuti 164 SSU rDNA di cui 93 appartenenti agli ordini Diversisporales, Gigasporales, Paraglomerales e Glomerale, 259 cloni della LSU rDNA corrispondenti a generi compresi nella Diversisporales, Gigasporales e Glomerales. Gli altri cloni erano legati ad altri gruppi di eucarioti. Le analisi dei dati molecolari hanno mostrato che la struttura della comunità AMF era significativamente diversa tra le aree. Le analisi microscopiche hanno mostrato che la più alta percentuale di radici colonizzate veniva riscontrata nei campioni raccolti nell'area boschiva più umida, ma la ricchezza più alta in specie è stata registrata nei siti semi selvatici (semiaridi). L'insieme dei dati ottenuti ed elaborati durante questo periodo di lavoro presso il laboratorio di Micologia dell'UFPE ci ha permesso di concludere che la diversità dei funghi AMF nel suolo è diversa da quella riscontrata nel sistema radicale delle piante colonizzate. Le analisi filogenetiche hanno comunque messo in evidenza come alcuni problemi di identificazione siano comunque ancora riscontrabili con l'identificazione molecolare mediante le sequenze ribosomiali. Tuttavia, la combinazione dell'identificazione morfologica delle spore, in cui il team coordinato dal Prof Da Silva è esperto a livello internazionale, e le analisi molecolari hanno permesso di caratterizzare al meglio le comunità AMF all'interno del sistema radicale e che tale approccio integrato potrà permettere una migliore comprensione dell'ecologia e l'effetto di fattori biotici e abiotici sulle comunità AMF. Il lavoro su questi siti brasiliani e la loro comparazione con dati precedentemente ottenuti dal nostro gruppo di ricerca in siti italiani coltivati a mais ha permesso di confermare che la diversità di AMF trovata nel suolo differisce da quella che si trova nel sistema radicale delle piante colonizzate (Borriello et al. Effects of different management practices on arbuscular mycorrhizal fungal diversity in maize field soils and roots *Biology and Fertility of Soils* , 48:911-922).

Sulla base dei risultati ottenuti spore, provenienti dalle diverse aree di studio e da aree di diverse provenienze geografiche, sono state selezionate microscopicamente per morfotipi e poi identificate sia a livello morfologico che molecolare. Le spore sono poi state utilizzate per colonizzare, durante la STM nel laboratorio ospitante, piante trappola di trifoglio per poter amplificare la produzione di spore attraverso cicli ripetuti (almeno di 4 mesi ciascuno) di colonizzazione radicale. Con questo esperimento si prevede che nel 2017 si

possa raggiungere una produzione massiva di spore AMF tale da permettere di sviluppare una serie di inoculi fungini AMF ad alto grado di adattabilità a differenti ospiti vegetali e di nicchia ambientale (condizioni edafiche e di gestione del terreno) e di trasferire in campo i risultati delle ricerche di laboratorio per poter raggiungere l'obiettivo di ottenere formulazioni efficienti di biofertilizzanti a base di funghi micorrizici arbuscolari. Inoltre sulla base dei risultati ottenuti è stata iniziata la stesura di un articolo scientifico in collaborazione. Il periodo di ricerca nell'ambito della STM ha poi permesso di consolidare i rapporti con il gruppo di ricerca brasiliano, esperto a livello internazionale nella coltivazione e selezione di isolati fungini AM, e di intraprendere relazioni per lo scambio futuro di dottorandi tra i due paesi per periodi di ricerca prolungati e valutare proposte di tesi di dottorato di ricerca in cotutela tra le nostre istituzioni.