

Report

AppleBIOME: analisi dell'interazione tra microbioma e piante di melo

AppleBIOME: analysis of the interaction between microbiome and apple trees

AppleBIOME: Untersuchung der Wechselwirkungen zwischen Mikrobiom und Apfelbäumen

Francesco Panzeri¹, Thomas Letschka¹, Elias Holzknecht¹, Walter Guerra¹

¹Laimburg Research Centre, 39040 Ora (Auer), Italy

CORRESPONDING AUTHOR

Francesco Panzeri, Laimburg Research Centre, Laimburg 6, Pfatten/Vadena, 39040 Auer/Ora, BZ, Italy, francesco.panzeri@laimburg.it, +390471969687

CITE ARTICLE AS

Panzeri Francesco, Letschka Thomas, Holzknecht Elias et al. (08/2026). AppleBIOME: analysis of the interaction between microbiome and apple trees. Laimburg Journal 08/2026 [DOI:10.23796/LJ/2026.006](https://doi.org/10.23796/LJ/2026.006).

KEYWORDS

Microbiome, Apple REFPOP, biodiversity, apple breeding, climate change



Dieses Werk ist lizenziert unter einer [Creative Commons Namensnennung-Nicht kommerziell 4.0 International Lizenz](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

Quest'opera è distribuita con [Licenza Creative Commons Attribuzione -Non commerciale 4.0 Internazionale](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

Für alle Abbildungen und Tabellen ohne Nennung des Urhebers gilt: © Versuchszentrum Laimburg.

Per tutte le immagini e tabelle senza menzione dell'artefice vale: © Centro di sperimentazione Laimburg.

For all figures and tables without mention of the originator applies: © Laimburg Research Centre.

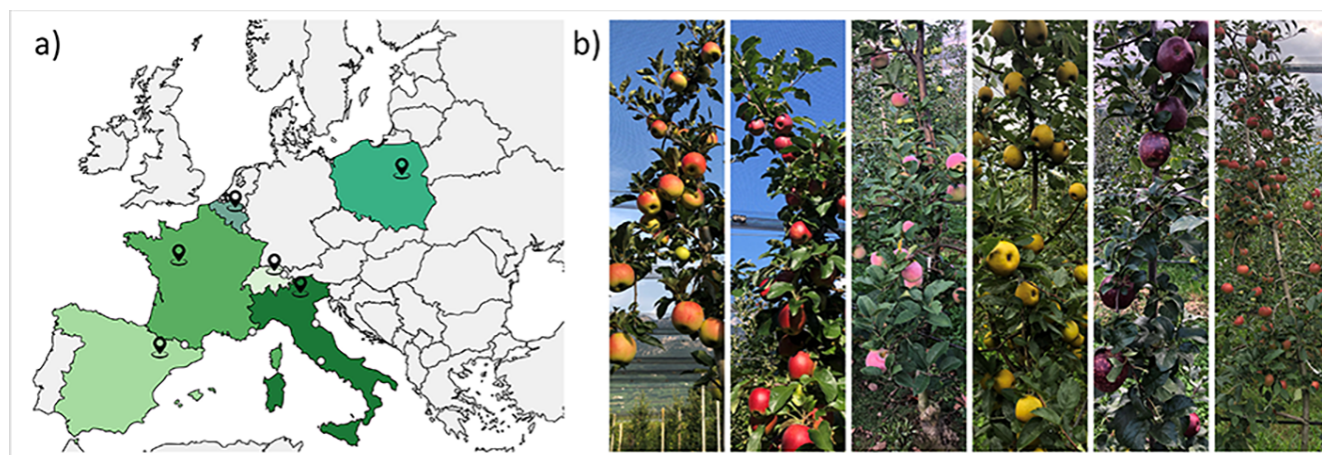


Fig. 1: Mappa dell'Europa (a) raffigurante i sei siti della Apple REFPOP in Belgio (BE), Francia (FR), Italia (IT), Polonia (PL), Spagna (SP) e Svizzera (CH). Esempio della variabilità fenotipica presente nella Apple REFPOP (b) in termini di colorazione dei frutti e portamento degli alberi presso il Centro di Sperimentazione Laimburg (IT). // Map of Europe (a) showing the six Apple REFPOP sites in Belgium (BE), France (FR), Italy (IT), Poland (PL), Spain (SP) and Switzerland (CH). An example of the phenotypic variability present in Apple REFPOP (b) in terms of fruit colour and tree habit at Laimburg Research Centre (IT).

INTRODUZIONE

IL MICROBIOMA DELLE PIANTE: UNA NUOVA RISORSA PER FAVORIRE IL LORO ADATTAMENTO AL CAMBIAMENTO CLIMATICO

L'agricoltura globale ed europea si trova oggi ad affrontare delle sfide ambientali sempre più complesse caratterizzate anche da una crescente incertezza. L'aumento delle temperature, l'irregolarità delle precipitazioni e la diffusione di nuove malattie compromettono sempre di più la stabilità e la resilienza dei sistemi produttivi agricoli [1] [2]. In questo contesto, la selezione di nuove varietà più resistenti a stress di tipo abiotico e biotico, insieme all'adozione o sviluppo di strategie colturali più sostenibili, rappresentano sempre più una priorità per garantire la produttività e la sostenibilità futura delle produzioni agricole.

Un potenziale approccio innovativo per studiare i meccanismi di adattamento delle piante a condizioni ambientali in continua evoluzione, determinate dal cambiamento climatico, è lo studio del microbioma delle piante. Quest'ultimo comprende l'insieme di tutti i microrganismi presenti sulla superficie e all'interno dei tessuti vegetali e svolge un ruolo chiave nella risposta agli stress ambientali.

Iniziative europee quali il progetto AppleBIOME, in cui è stato studiato il microbioma fogliare del melo, mirano ad approfondire proprio il ruolo di tale microbioma, considerato oggi non più esclusivamente come un elemento marginale nel determinare lo stato di salute e di produttività degli alberi da frutto, bensì come un componente fondamentale per comprendere le strategie di adattamento a condizioni avverse.

Questo articolo presenta i principali risultati ottenuti nell'ambito di questo progetto, avviato nel 2023 e realizzato con il coinvolgimento di partner da sei stati europei: Better3Fruit in Belgio, INRAE e Novadì in Francia, Centro di Sperimentazione Laimburg e Alpoma in Ita-

lia, InHort in Polonia, IRTA (CRAG) e Nufri in Spagna ed Agroscope in Svizzera. In particolare, nell'articolo vengono evidenziate le potenziali applicazioni delle nuove conoscenze acquisite per quanto riguarda la gestione agronomica del frutteto, il miglioramento varietale e il possibile sviluppo di nuovi trattamenti basati su microrganismi benefici.

IL RUOLO DEL MICROBIOMA IN FRUTTICOLTURA

Ogni foglia, radice e frutto ospita una complessa comunità di funghi e batteri. Questo insieme di microrganismi prende il nome di microbioma e compie delle funzioni fondamentali, in quanto contribuisce allo stato di salute della pianta, alla tolleranza a stress idrici e termici e partecipa all'equilibrio ecologico del frutteto [3]. La composizione del microbioma, intesa come struttura della comunità microbica e descritta in termini di diversità, presenza e abbondanza relativa dei diversi microrganismi, è un importante parametro da studiare per valutarne le caratteristiche e comprendere le interazioni tra l'ambiente e la pianta. Il microbioma può agire in modo complementare, contribuendo a rafforzare le caratteristiche intrinseche della pianta in termini di resistenza a malattie o tolleranza a situazioni di stress abiotico. Studiare il microbioma permette quindi di identificare quali microrganismi o condizioni siano associati a un buono stato di salute della pianta o quali, al contrario, possano aumentare il rischio di fitopatologie. Queste informazioni sono particolarmente importanti nel contesto del cambiamento climatico, in cui le infezioni da parte di patogeni e le condizioni ambientali sono sempre più imprevedibili.

Tra i diversi microrganismi che compongono il microbioma, i funghi sono tra i più importanti da un punto di vista agronomico, poiché sono anche agenti causali di alcune delle più importanti malattie delle piante. In funzione della specie presa in considerazione, i funghi hanno il duplice ruolo di organismi patogeni [4] [5] e di organismi

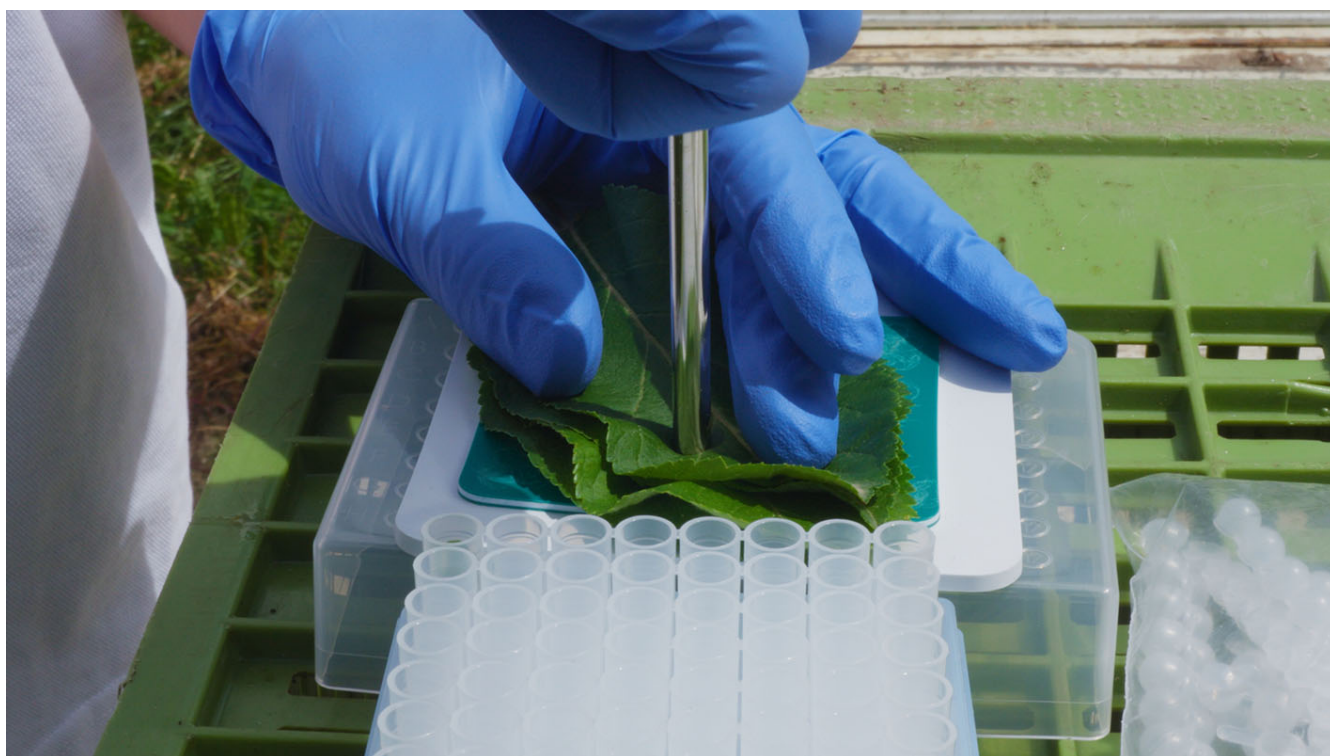


Fig. 2: Prelievo di campioni di porzioni di tessuto fogliare delle piante della collezione varietale Apple REFPOP // *Sampling of leaf tissue samples from Apple REFPOP trees.*

benefici/antagonisti [6] [7]. In particolare, per quanto riguarda il melo, è stato evidenziato che la composizione del microbioma sia influenzata da diversi fattori ambientali e gestionali, tra cui le condizioni climatiche e l'agrotecnica applicata al frutteto, ma anche il genotipo della varietà coltivata [8].

Le piante selezionano parte del proprio microbioma attraverso specifici composti che vengono rilasciati nell'ambiente, ma anche in funzione del proprio patrimonio genetico. Tra la pianta e le comunità microbiche associate si sviluppa una relazione dinamica: da un lato la pianta influenza la composizione e la struttura del microbioma e dall'altro il microbioma stesso contribuisce al mantenimento dello stato di salute della pianta. Quando questa interazione risulta equilibrata, il microbioma integra e potenzia le capacità fisiologiche della pianta, favorendo l'assorbimento dei nutrienti, e aumentando la tolleranza agli stress biotici ed abiotici.

APPLEBIOME: UN PROGETTO EUROPEO SENZA PRECEDENTI

Nel progetto europeo AppleBIOME sono stati analizzati 4661 campioni fogliari di piante di melo, provenienti dalla cosiddetta "Apple REFPOP" [9], la collezione varietale di riferimento per il melo in Europa. Questa collezione varietale è composta da più di 530 diverse varietà di melo. Inoltre, la stessa collezione varietale è gestita e coltivata in sei differenti stati europei caratterizzati da condizioni climatiche differenti. I sei siti della Apple REFPOP sono localizzati in Belgio, Francia, Italia, Polonia, Spagna e Svizzera (Fig. 1). In ogni sito è mantenuta

la stessa copia della collezione varietale, permettendo ai ricercatori di confrontare come le stesse varietà rispondono a condizioni ambientali e climatiche differenti. Inoltre, i frutteti della collezione varietale sono divisi in due diversi sistemi di gestione: un sistema convenzionale e un sistema a basso input. Nel sistema convenzionale vengono applicate le pratiche culturali tipiche per quel dato territorio, in termini di trattamenti fitosanitari e gestione irrigua. La parte invece che consiste in pratiche a basso input è invece gestita con diverse modalità tra i diversi siti. Ad esempio, in Italia e in Polonia, viene applicato un ridotto apporto idrico al frutteto, mentre nei rimanenti siti sono stati ridotti i trattamenti fitosanitari. In questo modo è stato possibile studiare gli effetti dovuti a condizioni avverse, simulando le condizioni di stress idrico e alta pressione dei patogeni causate dal cambiamento climatico.

Nell'ambito del progetto, la diversità dei microrganismi del microbioma fogliare è stata caratterizzata attraverso tecniche di sequenziamento high-throughput, ovvero in grado di processare simultaneamente un grande numero di campioni con elevata efficienza. Per garantire affidabilità e comparabilità dei risultati ottenuti, sono stati preliminarmente ottimizzati e standardizzati i protocolli per il campionamento e l'estrazione del DNA. In ciascun sito della Apple REFPOP sono state quindi prelevate porzioni di tessuto fogliare (Fig. 2) da tutte le varietà che compongono la collezione; successivamente, tali campioni sono stati sottoposti ad ulteriori analisi di laboratorio necessarie per la caratterizzazione molecolare delle comunità microbiche (Fig. 3).

L'obiettivo del progetto è quello di approfondire diversi

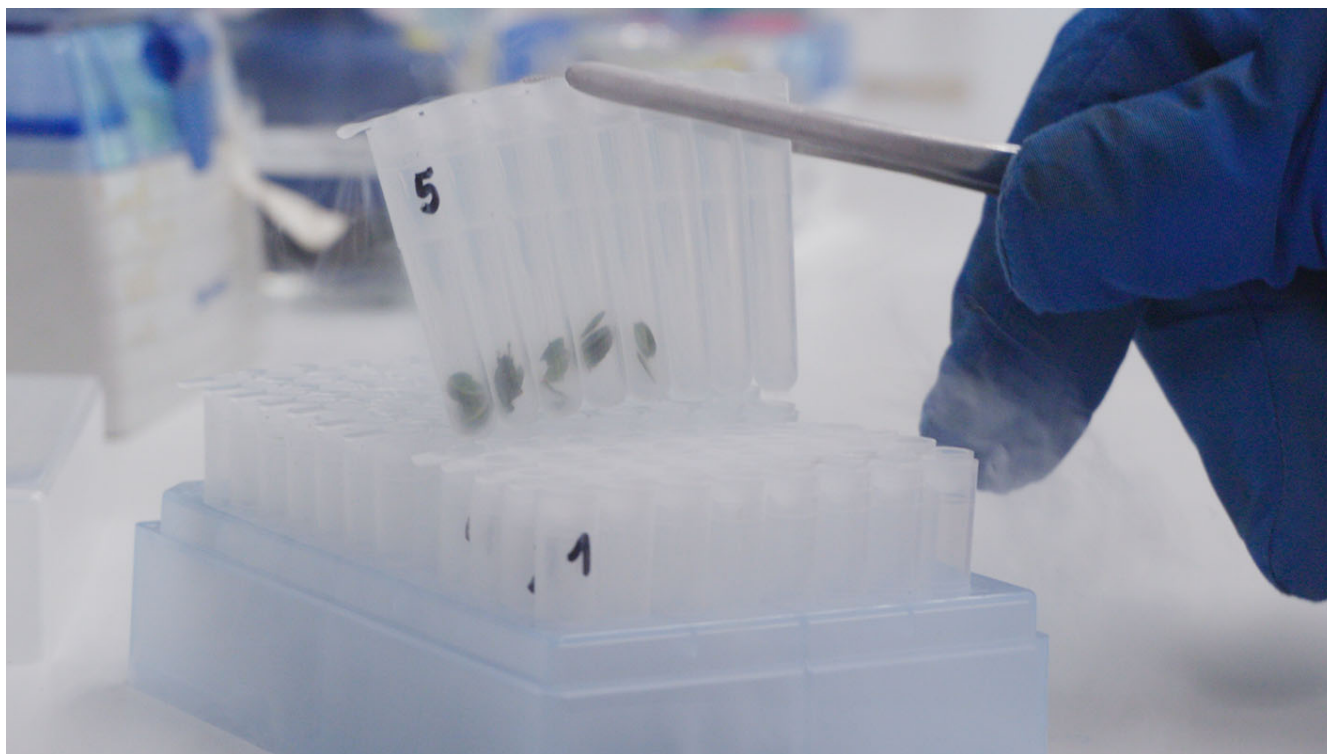


Fig. 3: I campioni di tessuto fogliare raccolti in campo vengono successivamente processati in laboratorio e utilizzati per l'estrazione del DNA // After the collection of the leaf samples in the orchard, the samples are prepared in the laboratory for DNA extraction.

aspetti del microbioma fogliare del melo, tra cui la diversità dei microrganismi e delle loro variazioni, anche in funzione della zona climatica e delle diverse pratiche di gestione adottate. Inoltre, il progetto mira all'identificazione delle specifiche condizioni che favoriscono o penalizzano lo sviluppo di determinati microrganismi e ne influenzano le interazioni reciproche. I risultati del progetto offrono un quadro dettagliato di come la composizione del microbioma possa variare a seconda della zona geografica, del sistema di gestione agronomico, della varietà e, infine, dell'influenza del clima.

RISULTATI E NUOVE PROSPETTIVE DAL PROGETTO APPLEBIOME

MICROBIOMA E GESTIONE AGRONOMICA DEL FRUTTETO: EFFETTO SUI PATOGENI E RUOLO DEI MICRORGANISMI BENEFICI

La relazione tra gestione agronomica del frutteto e la composizione del microbioma rappresenta uno dei risultati più rilevanti e interessanti del progetto. Le diverse strategie di gestione influenzano la composizione e anche la funzione dei microrganismi del microbioma.

Complessivamente, è risultato che una maggiore diversità nella composizione microbica è presente nella parte di collezione varietale gestita a basso input, rispetto alla parte gestita convenzionalmente. Il microbioma, in questo caso, è composto da una molteplicità di generi fungini, alcuni dei quali risultano predominanti rispetto ad altri in funzione delle diverse zone climatiche. I risultati differiscono dunque tra sito e sito, non solo in termini

di abbondanza relativa dei diversi generi, ma anche in termini di una maggiore ricchezza in quanto a numero di diversi microrganismi che compongono il microbioma. Tra i generi di funghi maggiormente presenti sono stati riscontrati sia organismi benefici (quali *Aureobasidium*, *Vishniacozyma* e *Filobasidium*), sia organismi patogeni (quali *Venturia*, *Podosphaera* e *Alternaria*) (Fig. 4).

In particolare, nei siti con applicazioni irrigue ridotte (Italia e Polonia), non è stata osservata alcuna differenza tra la gestione convenzionale e la gestione a basso input, facendo ipotizzare che lo stress idrico abbia un effetto ridotto sulla composizione del microbioma fogliare. La riduzione dei trattamenti fitosanitari ha portato invece a risultati maggiormente variabili e meno definiti. Le principali differenze nella diversità microbica sono legate soprattutto alla zona geografica e alle caratteristiche climatiche specifiche del sito in cui si trova il frutteto, piuttosto che alla presenza o assenza di trattamenti fitosanitari. Questi modelli non costituiscono una valutazione comparativa tra i diversi sistemi di gestione, ma riflettono piuttosto il fatto che ciascuna strategia favorisce comunità microbiche caratteristiche e differenti.

È interessante notare che la riduzione della presenza dei patogeni nei siti in cui è stata applicata una gestione agronomica convenzionale ha favorito la creazione di condizioni favorevoli per lo sviluppo di alcuni microrganismi benefici, tra cui i lieviti antagonisti, in grado di occupare il derivante nuovo spazio disponibile e quindi svolgere anche un ruolo di biocontrollo nei confronti dei patogeni rimasti. Al contrario, ridurre il numero di trattamenti fitosanitari può aver favorito la proliferazione di

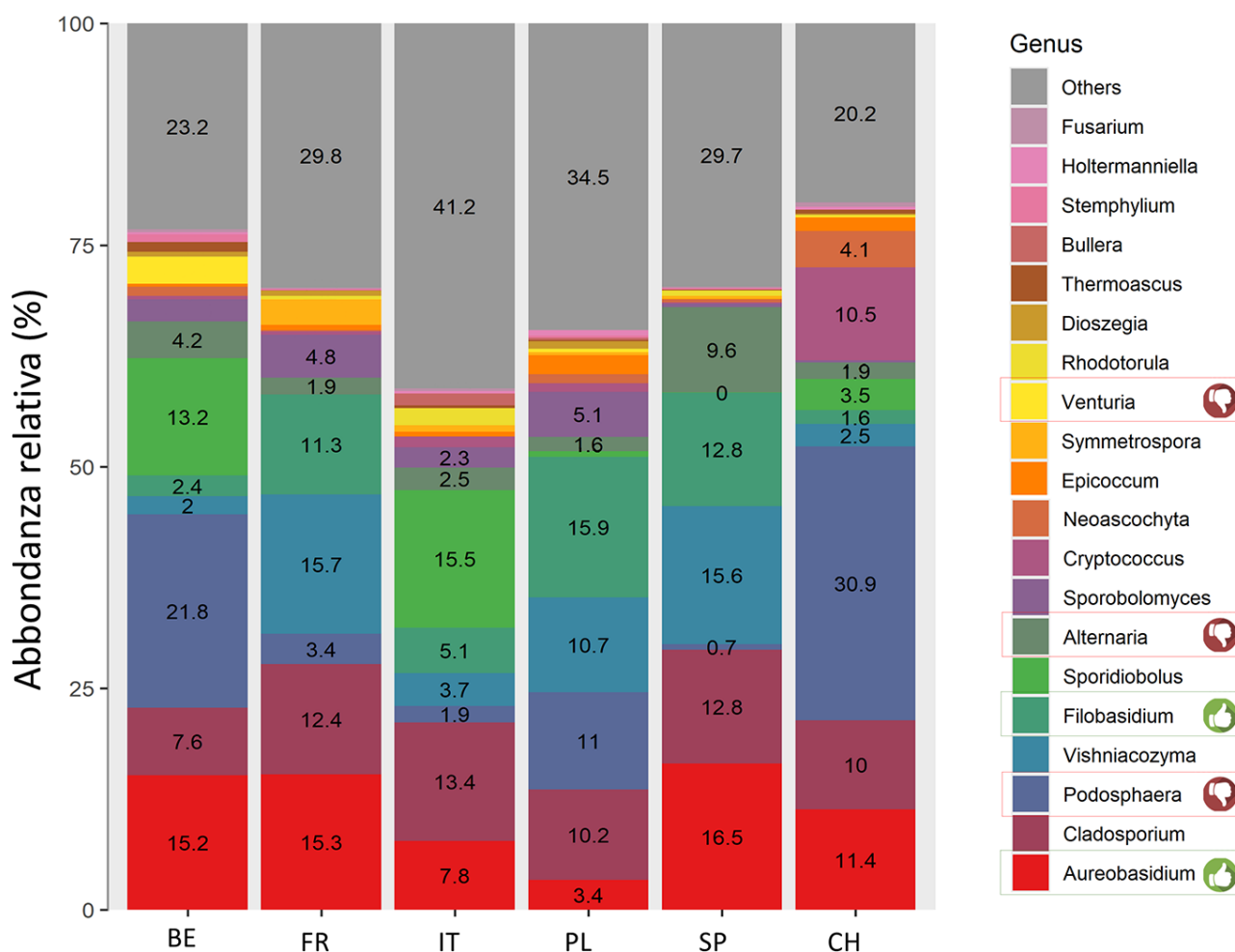


Fig. 4: Abbondanza relativa percentuale (%) dei generi di funghi identificati nei sei siti europei della Apple REFPOP nella sezione gestita secondo pratiche convenzionali. I diversi generi di funghi sono riportati in legenda e indicati con diversi colori. Tra questi sono stati evidenziati in particolare i generi potenzialmente benefici (verde) e patogeni (rosso). // Percentage relative abundance of the fungal genera found in the conventional management of the six Apple REFPOP sites. In the legend to the left of the graph, which lists the fungal genera present, certain genera considered beneficial (green) and pathogenic (red) have been highlighted.

alcuni agenti patogeni, vanificando il potenziale controllo biologico esercitato sui patogeni dai generi benefici presenti.

Comprendere queste dinamiche è essenziale per elaborare strategie di gestione che promuovano microbiomi equilibrati e sani e che al contempo moderino gli interventi chimici effettuati per il controllo delle malattie.

L'IMPORTANZA DELLA SCELTA VARIETALE

Nonostante l'analisi comparativa tra diverse varietà commerciali di melo (*Gala*, *Golden Delicious* e *CIV198/Modi®*) e la diversità microbica non abbia mostrato differenze significative, è stata comunque osservata una variazione nell'abbondanza relativa di alcuni patogeni. Ad esempio, i funghi appartenenti al genere *Venturia*, di cui fa parte il patogeno che causa la ticchiolatura del melo (*Venturia inaequalis*), sono risultati essere meno presenti nel microbioma della varietà *CIV198/Modi®*, una cultivar che ha una resistenza mo-

nogenica alla ticchiolatura. Questo risultato suggerisce che alcune varietà possono favorire un microbioma più bilanciato e meno propenso alla colonizzazione da parte di alcuni patogeni, grazie a fattori intrinseci alla varietà stessa, quali resistenze genetiche a determinate malattie.

Queste informazioni sono particolarmente importanti per i programmi di selezione varietale e miglioramento genetico. La potenziale integrazione delle informazioni riguardanti la composizione del microbioma nei programmi di miglioramento varietale potrebbe consentire in futuro lo sviluppo di nuove varietà. Questi nuovi incroci, che includono anche le informazioni relative al microbioma, oltre a garantire un'ottima produzione e una buona qualità, possono contribuire positivamente allo stato di salute della pianta e alla risposta a condizioni di stress, conservando comunità microbiche che favoriscono microrganismi benefici.

APPLICAZIONI PRATICHE: DALLE CONOSCENZE SCIENTIFICHE AI POSSIBILI UTILIZZI FUTURI IN CAMPO

La ricerca sul microbioma delle piante consente di individuare nuove strategie per migliorare la resilienza delle colture e valutare future soluzioni applicative. Tra le applicazioni più promettenti rientrano le seguenti potenzialità:

- L'integrazione tra microbioma e resistenza genetica tradizionale può contribuire a identificare genotipi che favoriscono l'insediamento e il mantenimento di comunità microbiche più equilibrate e funzionali. La selezione di queste nuove varietà, in grado di mantenere un microbioma equilibrato, può ridurre l'incidenza di malattie e migliorare la stabilità delle rese in condizioni climatiche avverse.
- Una conoscenza approfondita dei microrganismi benefici caratteristici di ciascun areale geografico può favorire lo sviluppo di prodotti a base di lieviti o funghi antagonisti per il controllo biologico, adattati ai diversi climi locali. Questi prodotti potrebbero diventare alternative efficienti ai fungicidi convenzionali da poter adottare a livello locale, contribuendo ad un'agricoltura più sostenibile.
- Il microbioma potrebbe fungere da indicatore precoce dello stato fitosanitario della pianta. Alterazioni nella composizione microbica potrebbero fungere da indicatore di condizioni favorevoli all'insorgenza di malattie, ad esempio in seguito all'aumento di un microorganismo patogeno nella comunità microbica. Questo approccio potrebbe consentire anche di intervenire anticipatamente prima della comparsa di sintomi visibili, favorendo così strategie di controllo preventivo.
- La composizione del microbioma nella pianificazione di strategie di gestione del frutteto può supportare l'applicazione di pratiche che favoriscano lo sviluppo di microrganismi benefici, come ad esempio la riduzione di trattamenti, dell'umidità all'interno della chioma o dell'ottimizzazione dell'irrigazione.

REFERENCES

- [1] Moretti C.L., Mattos L.M., Calbo A.G. et al. (2010). Climate changes and potential impacts on postharvest quality of fruit and vegetable crops. a review. *Food Research International* 43(7), 1824-1832, DOI:10.1016/j.foodres.2009.10.013.
- [2] Lahlali R., Taoussi M., Laasli S.E. et al. (2024). Effects of climate change on plant pathogens and host-pathogen interactions. *Crop and Environment*, 3 (3), 159-170, DOI:10.1016/j.crope.2024.05.003.
- [3] Shen J., Wang M., Wang E. (2024). Exploitation of the microbiome for crop breeding. *Nature Plants* 10 (4), 533-534, DOI:10.1038/s41477-024-01657-4.

CONCLUSIONI

IL MICROBIOMA COME STRUMENTO PER L'AGRICOLTURA DEL FUTURO

Lo studio del microbioma delle piante rappresenta una soluzione promettente per affrontare le sfide poste dal cambiamento climatico e per favorire la transizione verso un'agricoltura più sostenibile. Nonostante le conoscenze riguardo al microbioma delle piante e al suo sviluppo applicativo in agricoltura siano ancora in uno stadio iniziale, progetti come AppleBIOME pongono le basi per la comprensione della diversità microbica. Inoltre, tali iniziative permettono di sfruttare il ruolo del microbioma come risorsa per migliorare la resilienza delle colture, ridurre la dipendenza dai trattamenti fitosanitari e favorire lo sviluppo di nuove soluzioni basate su microrganismi benefici.

Comprendere il ruolo del microbioma, nonostante la sua complessità, non ha solo una valenza scientifica ma rappresenta anche un'opportunità per anticipare le sfide future e adottare pratiche che migliorino la salute e la produttività delle piante in frutticoltura. L'integrazione del microbioma come aspetto da tenere in considerazione nei programmi di miglioramento varietale, nella gestione delle colture e nello sviluppo di prodotti naturali per la protezione delle piante dalle malattie, potrà fornire un contributo importante alla sostenibilità dell'agricoltura europea del futuro.

ACKNOWLEDGMENTS

Si ringraziano per il contributo fornito al progetto i seguenti enti e il personale che vi hanno preso parte: Better3Fruit, INRAE, Novadì, Centro di Sperimentazione Laimburg, Alpoma, InHort, IRTA, CRAG, Nufri ed Agroscope.

FUNDING

Questi risultati sono stati ottenuti nell'ambito del 4° bando di ricerca della rete ERA-NET SUSCROP, con il finanziamento del ministero dell'agricoltura, della sovranità alimentare e delle foreste (MASAF).

- [4] Strickland D.A., Hodge K.T., Cox K.D. (2021). An Examination of Apple Powdery Mildew and the Biology of *Podosphaera leucotricha* from Past to Present. *Plant Health Progress* 22 (4), 421-432, DOI:10.1094/PHP-03-21-0064-RV.
- [5] Bowen J.K., Mesarich C.H., Bus V.G.M. et al. (2011). *Venturia inaequalis*: the causal agent of apple scab. *Molecular Plant Pathology* 12 (2), 105-122, DOI:10.1111/j.1364-3703.2010.00656.x.
- [6] Bolívar-Anillo H.J., Garrido C., Collado I.G. (2020). Endophytic microorganisms for biocontrol of the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*. *Phytochemistry Re-*

views 19 (3), 721-740, [DOI:10.1007/s11101-019-09603-5](https://doi.org/10.1007/s11101-019-09603-5).

- [7]** Madbouly A.K., Abo Elyousr K.A.M., Ismail I.M. (2020). Biocontrol of *Monilinia fructigena*, causal agent of brown rot of apple fruit, by using endophytic yeasts. *Biological Control*, 144:104239, [DOI:10.1016/j.biocontrol.2020.104239](https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2020.104239).
- [8]** Abdelfattah A., Tack A.J.M., Wasserman B. et al. (2022). Evidence for host–microbiome co-evolution in apple. *New Phytologist*, 234 (6), 2088-2100, [DOI:10.1111/nph.17820](https://doi.org/10.1111/nph.17820).
- [9]** Jung M., Roth M., Aranzana M.J. et al. (2020). The apple REFPOP - a reference population for genomics-assisted breeding in apple. *Horticulture Research* 7 (1), 189, [DOI:10.1038/s41438-020-00408-8](https://doi.org/10.1038/s41438-020-00408-8).