

Le invasioni biologiche

Matteo Garbelotto e Paolo Gonthier

Le invasioni biologiche rappresentano un tema di estrema attualità: la frequenza di introduzioni di specie esotiche è in aumento sia in ecosistemi marini sia in ecosistemi terrestri. Il fenomeno è attualmente considerato uno dei segnali più evidenti dei cambiamenti introdotti dall'essere umano nell'ambiente. Effetto collaterale della globalizzazione le invasioni possono trasformare in modo irreversibile l'ecosistema preesistente [1, 2]. Le conseguenze di tali introduzioni, infatti, sono molteplici e complesse, ma in generale risultano nell'eliminazione o in una forte riduzione del numero di specie indigene [2]. Poiché gli organismi esotici si sono evoluti in ecosistemi completamente diversi da quelli invasi, le risorse da essi utilizzate sono sproporzionate e conducono a un progressivo impoverimento dell'intero ecosistema. Purtroppo, tra il momento dell'introduzione dell'organismo esotico e quello della sua individuazione trascorre di norma un notevole periodo di tempo. A volte, questa fase può durare diversi decenni e inevitabilmente, nel momento in cui l'introduzione viene segnalata, è ormai troppo tardi per porvi rimedio. Uno dei problemi fondamentali è infatti quello di saper discriminare e riconoscere la specie esotica da organismi autoctoni simili.

Attualmente, un numero sempre maggiore di scienziati utilizza l'informazione del DNA per individuare specie esotiche e la loro zona di provenienza. Infatti, grazie al principio dell'evoluzione del codice genetico, le sequenze del DNA di organismi appartenenti a diverse specie, sottospecie, varietà e persino zone geografiche sono differenti l'una dall'altra. Nel momento in cui viene catturata una specie di dubbia provenienza, una piccola porzione di tessuto viene sottoposta a un processo di

estrazione e sequenziamento del DNA. Una volta ottenuta la sequenza, essa viene confrontata con sequenze archiviate in una delle banche dati mondiali. Tale confronto si esegue in modo informatico tramite Internet e se la banca dati consultata possiede sequenze simili a quella dell'organismo ignoto, tale sequenza (a cui è associato il nome di un organismo noto e la sua provenienza) ne indicherà la natura e l'origine. Ovviamente questo approccio sarà tanto più utile quanto più ricche sono le banche dati. In assenza di sequenze di DNA simili a quelle dell'organismo ignoto il metodo è inconcludente.

Una delle iniziative più innovative nell'ambiente scientifico è quella di determinare una sequenza di DNA (ovvero la sequenza di un solo gene, non dell'intero genoma) per grandi numeri di organismi viventi; tali operazioni vengono definite con il termine inglese *barcoding*. Tra queste iniziative figurano per esempio il tentativo di sequenziare tutti gli organismi presenti sull'isola polinesiana di Moorea o tutti i campioni biologici contenuti in collezioni museali. Una recente collaborazione tra l'Università della California a Berkeley e il Museo di Storia Naturale di Venezia è finalizzata a depositare in una banca dati internazionale una sequenza di DNA per ciascuna delle 6.000 specie di funghi contenute nell'erbario del museo [3]. La collezione contiene sia funghi benigni, responsabili del riciclo dei nutrienti in ecosistemi naturali, sia funghi patogeni, responsabili della maggior parte delle malattie di piante e alberi. Poiché i funghi sono microbi di difficile identificazione, il progetto di *barcoding* dell'erbario di Venezia aiuterà scienziati di tutto il mondo nell'opera di identificazione di questi organismi, soprattutto quando questi sono nella loro fase di accrescimento indifferenziato.

P



Patogeni forestali esotici

Il 45 per cento delle perdite della produzione legnosa è imputabile a malattie, che ancor più di insetti, fuoco o eventi catastrofici minano l'integrità e la funzionalità degli ecosistemi forestali [4]. Virus, fitoplasmi, batteri e, in misura maggiore, funghi o altri eucarioti assimilabili a funghi, determinano la quasi totalità delle malattie infettive delle piante forestali, molte delle quali sono fortemente debilitanti o letali. L'identificazione di tali patogeni è solitamente molto difficile. Gli effetti di una malattia sono generalmente moderati in sistemi equilibrati, in cui vi è stata coevoluzione tra pianta e patogeno. Tuttavia, un qualsiasi fattore di disequilibrio nel sistema, o la mancata coevoluzione tra i due, determina malattie dagli esiti imprevedibili, con intensità variabili da irrilevanti a estremamente elevate. Lo scenario peggiore prevede, quando le piante sono molto suscettibili, la scomparsa di interi popolamenti forestali o addirittura di specie.

Il cancro del platano in Europa e la ruggine vescicolosa della corteccia dei pini a cinque aghi nell'America del Nord, sono alcuni esempi di malattie epidemiche dovute all'introduzione, nel secolo scorso, di funghi esotici, i cui effetti devastanti hanno avuto ripercussioni fino ai giorni nostri (Tabella 1). Ancor più emblematiche, in quanto malattie che si sono diffuse pandemicamente in entrambi i continenti, sono il cancro del casta-

gno e la grafiosi dell'olmo. La prima, provocata da un fungo segnalato agli inizi del Novecento a New York ma di probabile origine asiatica, in meno di 40 anni uccise 3,5 miliardi di piante di castagno americano, portandolo quasi all'estinzione. Esso sopravvisse allo stato arbustivo in alcune zone marginali del suo areale. Dagli Stati Uniti, il patogeno fu poi importato in Europa, dove venne segnalato prima della Seconda Guerra Mondiale e dove si diffuse rapidamente provocando ingenti danni.

La grafiosi dell'olmo è una malattia vascolare comparsa nell'Europa Centrale dopo la fine della Prima Guerra Mondiale e diffusasi con grande rapidità in tutto il continente europeo e nell'America del Nord. In Italia, segnalata a partire dagli anni Trenta, ha provocato la scomparsa quasi totale dell'olmo campestre. La gravità degli esiti dell'epidemia andò attenuandosi negli anni Cinquanta e Sessanta, fino a che, a metà degli anni Settanta, nel nostro paese si assistette a una recrudescenza dell'epidemia dalle conseguenze ben più gravi. In realtà si trattava di una seconda pandemia, provocata da una specie fungina, anch'essa di origine esotica, molto affine a quella responsabile della prima moria.

L'introduzione di patogeni forestali esotici avviene generalmente attraverso l'importazione di piantine, o altro materiale vivaistico, oppure di legname infetto [5, 6, 7]. Questa via, di tipo commerciale, è ampiamente ri-

*Querceto colpito da **Phytophthora ramorum**.*

conosciuta, regolamentata e monitorata. Esistono tuttavia altre modalità di introduzione di patogeni forestali esotici, molto meno conosciute. Secondo una delle ipotesi più accreditate, nota come *enemy release hypothesis*, il successo degli organismi esotici deriverebbe, almeno in parte, dall'assenza o minor presenza di limitatori naturali o competitori nei nuovi ecosistemi rispetto a quelli di origine [8]. Tuttavia non tutti gli organismi esotici sono invasivi, anzi, solamente una piccola parte di essi riesce ad affermarsi e una parte ancor più piccola riesce a diffondersi. Ciò è ben sintetizzato dalla regola dei dieci (*tens rule*), codificata per le piante ma ampiamente utilizzata anche per altri organismi, secondo la quale solamente 1/10 delle specie importate si afferma in natura e solamente 1/10 di queste ultime si diffonde [9]. La possibilità che un organismo esotico si diffonda in un nuovo ecosistema dipende in maniera preponderante dalla biologia dell'organismo. Se questo è patogeno, dipende anche dalle sue modalità di infezione, dalla sua capacità di causare malattia su nuove specie ospiti e di sopravvivere in nuovi habitat. Di estrema importanza per un'efficace difesa dai patogeni forestali esotici è la loro tempestiva segnalazione al momento dell'introduzione o nelle prime fasi di manifestazione in natura. Come già accennato, il riconoscimento di patogeni forestali esotici può essere tutt'altro che semplice, soprattutto nel caso in cui questi, per le loro caratteristiche fenotipiche e per il quadro sintomatologico determinato, siano somiglianti a patogeni autoctoni.

Un nuovo, particolare caso

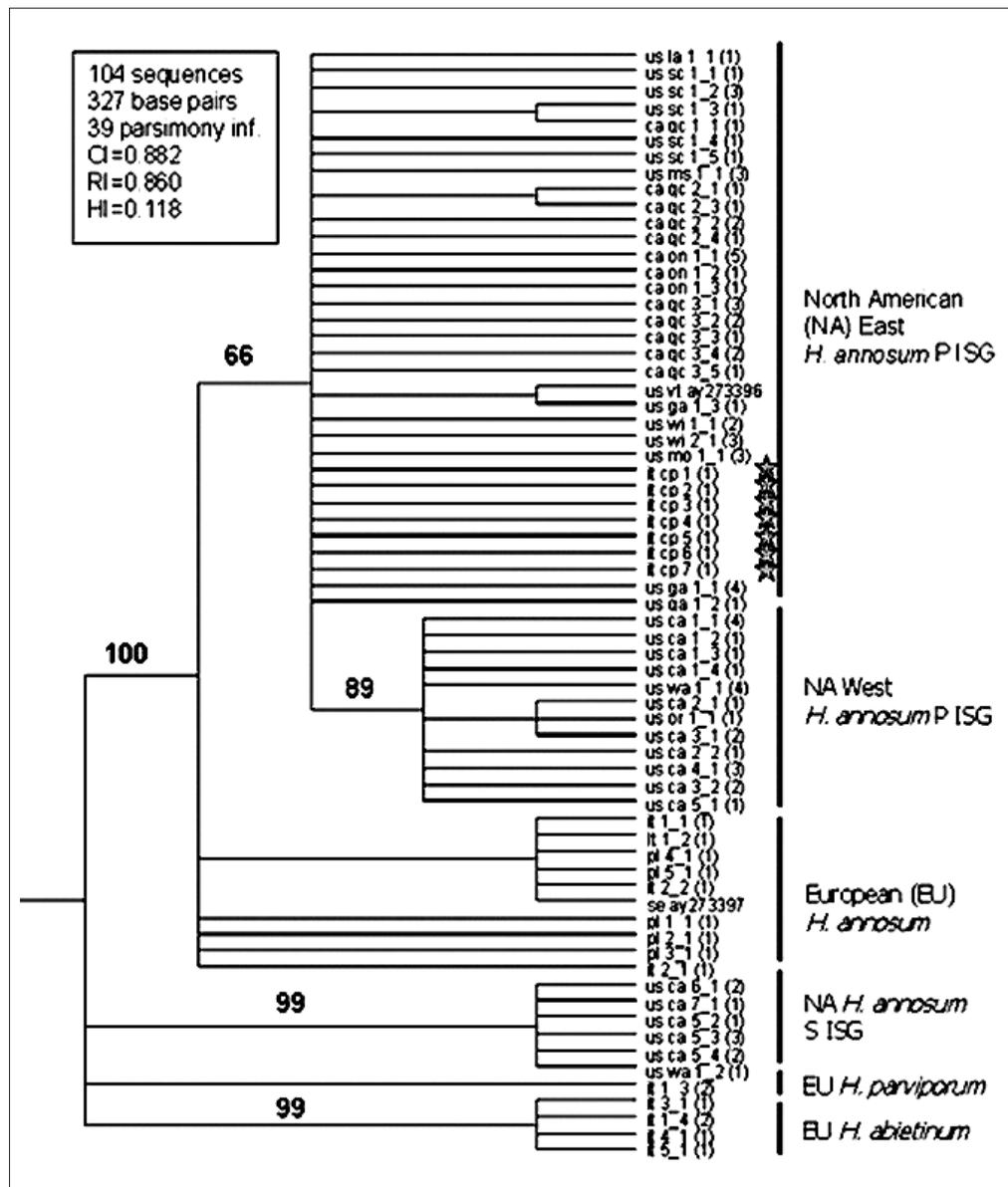
L'Europa, e l'Italia in particolare, hanno assistito, nel recente passato, all'introduzione e alla successiva diffusione di una nuova specie fungina parassita di conifere, appartenente alla specie collettiva *Heterobasidion annosum*. La segnalazione, frutto di ricerche congiunte dell'Università di Torino e dell'Università della California a Berkeley [10,11], assume una certa rilevanza non solo perché le specie di *H. annosum*, tutte patogene, sono causa di alcune tra le più importanti malattie di conifere a livello globale, ma anche per via della modalità di introduzione e della particolare biologia di invasione.

Heterobasidion annosum è un fungo superiore che differenzia i propri corpi fruttiferi alla base delle piante infette o su residui legnosi (vedi figure a pag 50). Il fungo si diffonde per mezzo di spore che infettano le piante tramite ferite oppure si insediano su ceppaie appena tagliate. Stabilitosi nelle radici, il fungo può propagarsi su piante sane sfruttando i punti di contatto tra le radici. Le cinque specie di *H. annosum*, tre delle quali distribuite in Eurasia e due nell'America del Nord, hanno acquisito nel corso dell'evoluzione un certo grado di specializzazione d'ospite. Due di esse, *H. annosum sensu stricto* in Eurasia e *H. annosum Am-P* nell'America del Nord, attaccano prevalentemente i pini e ne provocano la morte distruggendone l'apparato radicale. Le diverse specie di *H. annosum* sono presso-

Tab. 1. Principali malattie forestali epidemiche dovute a patogeni esotici.

Malattia	Patogeno	Vettori associati	Area di origine del patogeno	Area invasa dal patogeno	Anno di introduzione o di prima segnalazione
Cancro del castagno <i>Chestnut blight</i>	<i>Cryphonectria parasitica</i>	–	Asia orientale	Nord America Europa	1904 1924
Grafiosi dell'olmo <i>Dutch elm disease</i>	<i>Ophiostoma ulmi</i>	insetti	Asia o Europa?	Europa Nord America	1921 1930
	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>	insetti	?	Europa Nord America	fine anni '60 ?
Ruggine vescicolosa della corteccia dei pini <i>White pine blister</i>	<i>Cronartium ribicola</i>	–	Europa	Nord America	1906
Cancro del platano <i>Cerartocystis canker</i>	<i>Ceratocystis fimbriata</i> f.sp. <i>Platani</i>	–	America del Nord	Europa	inizio anni '70
Malattia della corteccia del faggio <i>Beech bark disease</i>	<i>Nectria coccinea</i> var.	insetti	Europa	America del Nord	1920
Cancro del larice <i>Larch canker</i>	<i>Lachnellula willkommii</i>	–	Europa	America del Nord	1927
Morte improvvisa della quercia <i>Sudden oak death</i>	<i>Phytophthora ramorum</i>	–	Asia	America del Nord	2000

Fig 1. Strict consensus dei 3.840 alberi più parsimoniosi di una porzione del gene nucleare codificante per il fattore di allungamento 1- α (elongation factor 1- α). Gli individui di *H. annosum* di Castelporziano (cp) ricadono nel gruppo degli individui della specie nordamericana di *H. annosum* (*Am-P*) originari degli Stati Uniti orientali. I numeri sopra i rami rappresentano i valori di Bootstrap. Le sequenze tratte da GenBank sono indicate con i propri numeri di accessione, mentre per gli altri individui la sigla rappresenta: il paese (es. us=USA; ca=Canada; it=Italia, pl=Polonia, se=Svezia), l'abbreviazione dello Stato o provincia per gli individui americani, e due numeri che si riferiscono rispettivamente al sito di origine e al genotipo. Il numero di genotipi identici è riportato tra parentesi. L'origine nordamericana degli individui di Castelporziano è stata inoltre confermata dall'analisi delle sequenze del gene nucleare codificante per la gliceraldeide 3-fosfato deidrogenasi (nuclear glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase) e dei loci mitocondriali della subunità 6 dell'ATPasi (mitochondrial ATPase subunit 6) e di un inserto della subunità maggiore del gene ribosomiale. Da riferimento [10].



ché indistinguibili tra loro dal punto di vista del fenotipo. Di conseguenza, l'identificazione a livello specifico di questi patogeni, spesso richiesta in fase di diagnosi, prevede test di laboratorio con metodiche che sempre più si avvalgono di conoscenze sul DNA di questi funghi.

Alcuni corpi fruttiferi di *H. annosum* raccolti nel 2002 in zone caratterizzate da mortalità di pino domestico (*Pinus pinea*) nell'area della tenuta presidenziale di Castelporziano (Roma) presentavano dei profili molecolari anomali, non riconducibili né ad *H. annosum sensu stricto*, che per le sue caratteristiche ecologiche era lecito attendersi in quelle zone, né alle altre due specie eurasiatiche del fungo. Un'analisi filogenetica delle sequenze di quattro diversi loci genetici, due nucleari e due mi-

tocondriali, degli individui di Castelporziano e di circa 140 individui di varia origine di tutte le specie di *H. annosum* dimostrò che gli individui prelevati nella tenuta romana appartenevano alla specie nordamericana *Am-P* e ne restrinse inoltre l'origine ad alcune regioni sud-orientali degli Stati Uniti (Fig. 1).

Occorre sottolineare che l'introduzione di funghi parassiti delle radici di piante forestali è da sempre considerata assai improbabile [12]. Nel caso di *Heterobasidion*, tale eventualità non è stata mai neppure ipotizzata, considerando la scarsa vitalità nel tempo delle sue spore e l'incapacità del fungo di vivere nel suolo e di differenziare strutture di resistenza. L'ipotesi che il patogeno possa essere stato introdotto con piantine infette è da scartare innanzitutto



poiché *Heterobasidion* non è un patogeno dei vivai e inoltre poiché l'area di Castelporziano, il cui accesso è severamente controllato, presenta una flora quasi completamente autoctona. Tuttavia, nell'estate del 1944, quelle foreste furono occupate da alcuni reggimenti della V armata statunitense, che lì insediarono un campo di riposo e addestramento. L'introduzione con tutta probabilità è avvenuta attraverso *pallets* o cassette varie costruite con legname infetto

non trattato. Questa segnalazione riveste un certo rilievo poiché indica che l'introduzione di patogeni forestali esotici può avvenire per vie diverse da quella commerciale o turistica, vie per lo più non regolamentate e non soggettive agli stessi standard.

L'uso combinato, nel monitoraggio di circa 280 chilometri di foreste costiere, di dispositivi per l'intrappolamento dei principali elementi infettivi del fungo (le spore) e di marcatori molecolari (*primer taxon specifici*) ap-



Striature vascolari causate dalla grafiosi dell'olmo.

Corpi fruttiferi di Heterobasidion annosum.

positamente disegnati su regioni del DNA nucleare e mitocondriale per discriminare la specie esotica dalle specie eurasiatiche, ha consentito di documentare che la specie esotica è invasiva, poiché essa è riuscita non solo ad affermarsi ma anche a diffondersi. Allo stato attuale essa è presente nelle pinete comprese in poco meno di 105 chilometri di costa laziale (Fig. 2). I dati indicano che la specie esotica si è diffusa, a partire dal litorale romano, a una velocità stimata di circa un chilometro e mezzo all'anno, invadendo sia foreste dove la specie autoctona *H. annosum sensu stricto* era già presente sia foreste dove questa era assente o presente ma in modo sporadico. A giudicare dalla concentrazione di spore nell'aria, la specie esotica sembra ben adattata e ancor più competitiva di quella autoctona negli ecosistemi forestali dell'Italia centrale e, attualmente, è la specie di *Heterobasidion* dominante nel suo areale di invasione. La contemporanea presenza nella stessa area del litorale romano di due specie affini evo-

lutesi, separate da un oceano, in modo indipendente per milioni di anni, senza aver differenziato meccanismi di riconoscimento e barriere all'ibridazione, può implicare oltre che interazioni di tipo ecologico (per esempio sinergismo, competizione) anche interazioni di tipo genetico. Per alcune spore intrappolate, l'identificazione eseguita con i marcatori del DNA nucleare non concordava con quella eseguita con i marcatori del DNA mitocondriale. Spore con mitocondri di *H. annosum sensu stricto* possedevano cioè nuclei di *H. annosum Am-P* e viceversa e ciò era compatibile con una natura ricombinante di quelle spore. L'analisi filogenetica combinata delle sequenze di tre diversi loci, due nucleari e uno mitocondriale, ha confermato che quelle spore erano ricombinanti e ha permesso di documentare, per la prima volta, l'ibridazione tra una specie fungina introdotta e una autoctona (Fig. 3). L'ibridazione è una precondizione per l'introgresione genica, ovvero l'incorporazione di geni di una specie nel complesso genico di un'altra specie.

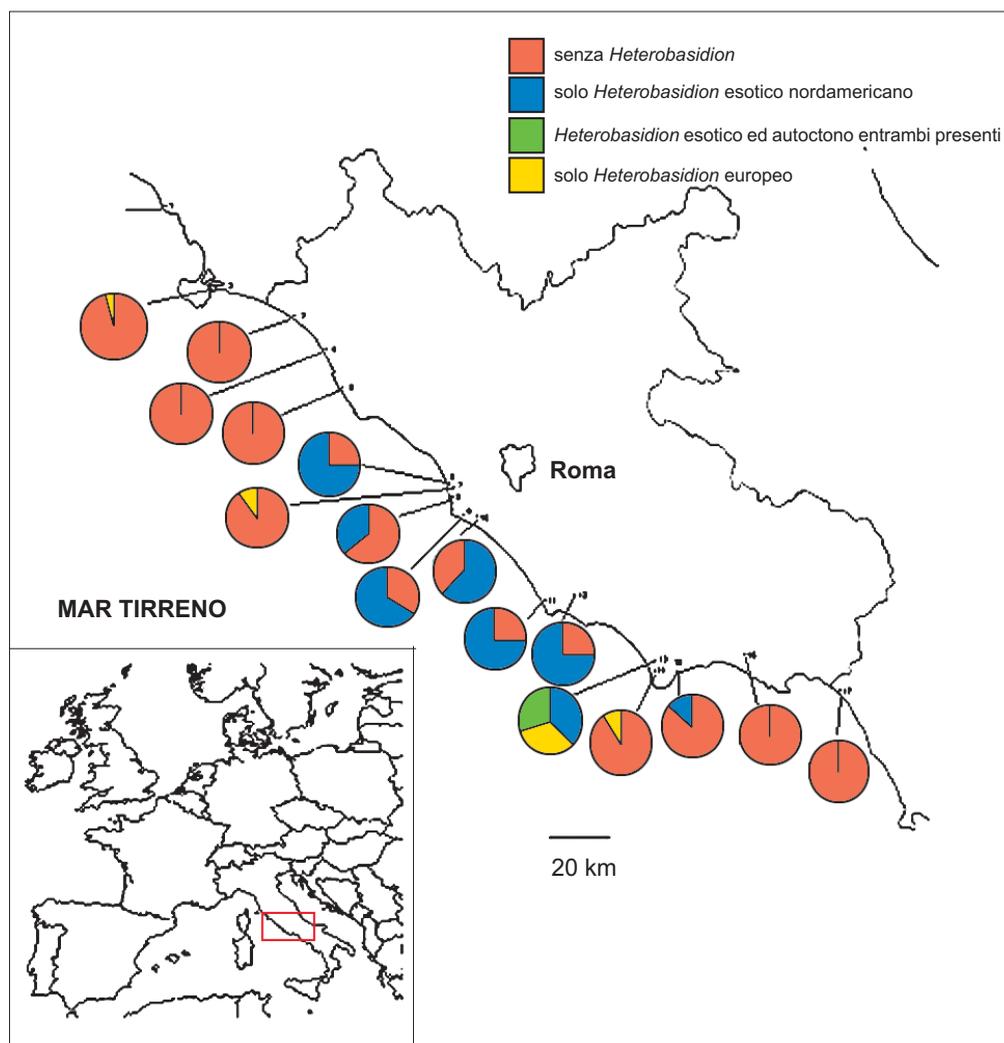


Fig. 2. Distribuzione della specie esotica nordamericana di *Heterobasidion annosum* al 2006. I grafici a torta esprimono la percentuale di dispositivi per l'intrappolamento di spore non infettati da *Heterobasidion*, o infettati dalla specie autoctona, dalla specie esotica o da entrambe le specie del fungo. Da riferimento [11]

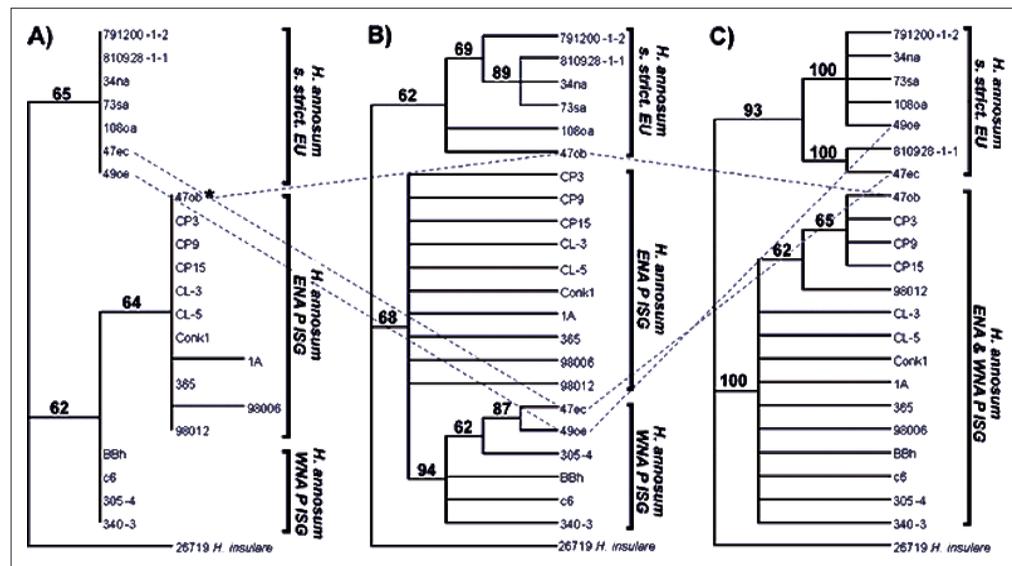


Fig. 3. Analisi filogenetica di una selezione rappresentativa di genotipi di *H. annosum* di varia provenienza, comprendente tre genotipi ricombinanti della specie esotica e autoctona di *H. annosum* riscontrati nella zona di invasione. A) Strict consensus dell'albero più parsimonioso di una porzione della subunità 6 dell'ATPasi mitocondriale. B) Strict consensus di 12 alberi egualmente parsimoniosi di una porzione del gene nucleare codificante per il fattore di allungamento 1- α . C) Strict consensus di 6 alberi egualmente parsimoniosi di una porzione del gene nucleare codificante per la gliceraldeide 3-fosfato deidrogenasi. I numeri sopra i rami rappresentano i valori di Bootstrap al di sopra del 50 per cento da 1.000 repliche. Le linee tratteggiate collegano lo stesso genotipo ricombinante nei tre diversi alberi. WNA = Nord America dell'ovest; ENA = Nord America dell'est; Eu = Europa. Per tutte le analisi, la specie di controllo esterna (outgroup) era *Heterobasidion insulare*. Da riferimento [11].

Difesa dai patogeni forestali invasivi

Le opzioni per la difesa dalle specie esotiche invasive sono molteplici e la scelta della strategia o delle strategie più idonee deve essere eseguita sulla base delle caratteristiche biologiche ed ecologiche della specie introdotta e del grado di affermazione o diffusione da essa raggiunto nel nuovo ambiente [13]. Le linee guida di difesa, comprese quelle di quarantena, sono codificate in misure standard internazionali (*International Standards for Phytosanitary Measures*) [14].

La prevenzione all'introduzione è la prima linea di difesa contro le invasioni biologiche ed è anche la più economica, considerato che l'eradicazione di una specie esotica una volta che questa si è affermata è estremamente difficile e quindi onerosa. Più che determinare a priori le specie potenzialmente invasive e, sulla base delle loro caratteristiche, le zone a rischio di invasione, è preferibile individuare le possibili vie e modalità di introduzione. Il monitoraggio intensivo in pochi punti, nei quali l'introduzione è più probabile (per esempio, porti e aeroporti), consente di massimizzare il risultato in termini di numero di patogeni esotici o di vettori identificati.

Più lungo è il periodo trascorso tra l'introduzione e la prima segnalazione del patogeno esotico, minori saranno le possibilità di eradicarlo. L'identificazione precoce di un patogeno esotico, quando esso è nei primi stadi di affermazione, aumenta le possibilità di eradicazione, specialmente nel caso di

specie le cui popolazioni esplodono dal punto di vista numerico molto tempo dopo l'introduzione. Il continuo sviluppo di marcatori molecolari basati soprattutto sulla reazione a catena del DNA polimerasi (*Polymerase Chain Reaction-PCR*) ha aumentato notevolmente l'efficacia delle operazioni diagnostiche e di monitoraggio, anche se tali marcatori sono disponibili per un numero limitato di specie. È prevedibile che nel prossimo futuro, per via della crescente disponibilità di sequenze del DNA delle più svariate specie e provenienze di organismi archiviate in veri e propri database informatici, aumenti in modo significativo la possibilità di scoprire specie esotiche.

Quando l'attività di prevenzione fallisce, la successiva misura di difesa è l'eradicazione del patogeno. Questa misura prevede l'eliminazione dell'intera popolazione della specie esotica ed è generalmente perseguita attraverso l'eliminazione, all'interno dell'areale di invasione, degli ospiti principali od occasionali del patogeno o altri substrati sui quali esso può vivere e riprodursi. Diversamente da piante, vertebrati terrestri e, in qualche caso, da insetti, l'eradicazione di patogeni forestali esotici è sempre estremamente difficile e spesso impossibile.

Anche misure di contenimento della diffusione possono fallire in presenza di patogeni molto invasivi. Nel caso del cancro del castagno, per esempio, neppure l'eliminazione preventiva di una fascia di foresta di 1,6 chilometri in larghezza riuscì a contenere, in Pennsylvania, la diffusione della malattia, che in quegli anni progrediva negli Stati

Uniti alla velocità di 38 chilometri all'anno. Quando l'eradicazione è impossibile, il contenimento del patogeno all'interno del proprio areale di invasione può essere l'unico modo per salvaguardare altre regioni di una stessa area geografica. Tale misura di difesa può essere perseguita, per esempio, limitando o regolamentando, nelle fasce immediatamente esterne la zona invasa, qualsiasi operazione possa favorire le infezioni. Molto importante è anche evitare l'accidentale trasporto del patogeno, limitando il trasporto di ospiti o altri substrati infetti dall'interno della zona invasa all'esterno. Se l'adozione di una o più delle precedenti strategie di difesa non ha avuto buon esito, l'unica opzione che resta è accettare la specie esotica cercando di limitarne gli effetti negativi attraverso un'azione di mitigazione. In questo caso, gli sforzi andranno concentrati sulla protezione delle specie ed ecosistemi autoctoni più che sulla lotta diretta al patogeno esotico. ●

BIBLIOGRAFIA

- [1] **VITOUSEK P.M., D'ANTONIO C.M., LOOPE L.L. E WESTBROOKS R.**, «Biological invasions as global environmental change», *Am. Sci.*, 84, 1996, pp. 468-478.
- [2] **LÖVEI G.L.**, «Global change through invasion», *Nature*, 388, 14, agosto 1997, pp. 627-628.
- [3] www.cnr.berkeley.edu/garbelotto/english/venice.php.
- [4] **TAINTER F.H. E BAKER F.A.**, *Principles of Forest Pathology*, John Wiley and Sons Inc., New York, USA 1996.
- [5] **MILGROOM M.G., WANG K.R., ZHOU Y., LI-PARI S.E. E KANEKO S.**, «Intercontinental population structure of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*», *Mycologia*, 88, 1996, pp. 179-190.
- [6] **BRASIER C.M.**, «Rapid evolution of introduced plant pathogens via interspecific hybridization», *BioScience*, 51, 2001, pp. 123-133.
- [7] **COETZEE M.P.A., WINGFIELD B.D., HARRINGTON T.C., STEIMEL J., COUTINHO T.A. E WINGFIELD M.J.**, «The root rot fungus *Armillaria mellea* introduced into South Africa by early Dutch settlers», *Mol. Ecol.*, 10, 2001, pp. 387-396.
- [8] **TORCHIN M.E., LAFFERTY K.D., DOBSON A.P., MCKENZIE V.J. E KURIS A.M.**, «Introduced species and their missing parasites», *Nature*, 421, 6, febbraio 2003, pp. 628-630.
- [9] **VANDER ZANDEN M.J.**, «The success of animal invaders», *PNAS*, 102, 17, maggio 2005, pp. 7055-7056.
- [10] **GONTHIER P., WARNER R., NICOLOTTI G., MAZZAGLIA A. E GARBELOTTO M.M.**, «Pathogen introduction as a collateral effect of military activity», *Mycol. Res.*, 108, 2004, pp. 468-470.
- [11] **GONTHIER P., NICOLOTTI G., LINZER R., GUGLIELMO F. E GARBELOTTO M.**, «Invasion of European pine stands by a North American forest pathogen and its hybridization with a native interfertile taxon», *Mol. Ecol.*, 16, 2007, pp. 1389-1400.
- [12] **WINGFIELD M. J., SLIPPERS B., ROUX J. E WINGFIELD B.D.**, «Worldwide movement of exotic forest fungi, especially in the tropics and the Southern Hemisphere», *BioScience*, 51, pp. 134-140.
- [13] **WITTENBERG R. E COCK M.J.W.**, *Invasive alien species: a toolkit of best prevention and management practices*, CAB International, Oxon, UK 2001.
- [14] **IPCC**, *Glossary of phytosanitary terms*, IPCC Secretariat, FAO, Roma 2005.

Matteo Garbelotto
è professore associato di Micologia ed esperto (*Extension Specialist*) di Patologia Forestale presso l'Università della California a Berkeley.

Paolo Gonthier
è professore aggregato di Patologia Forestale e ricercatore confermato presso il Dipartimento di Valorizzazione e Protezione delle Risorse Agroforestali dell'Università degli Studi di Torino.