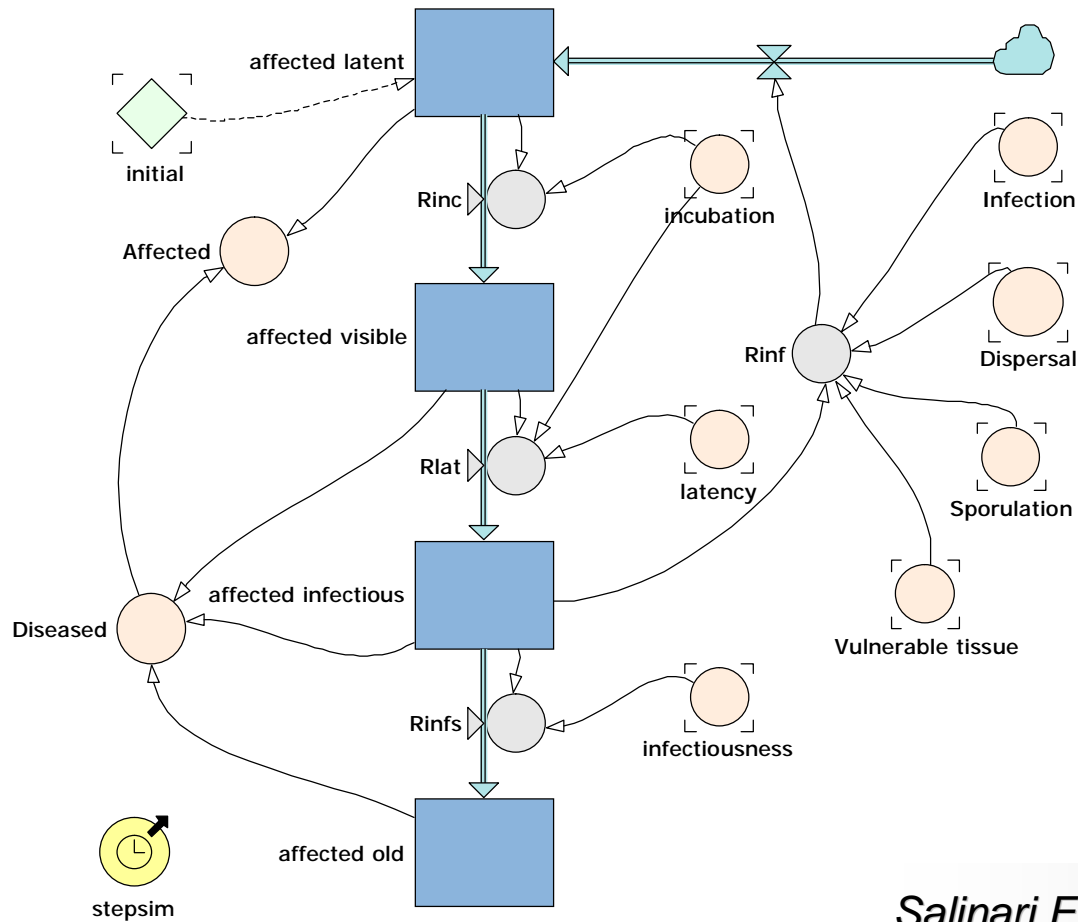




Sviluppo di un modello generico per le epidemie di patogeni fungini



Salinari F., Rossi V.





- ✓ I modelli di previsione delle malattie delle piante sono spesso basati su equazioni i cui **parametri** devono essere stimati per mezzo di **tecniche di regressione**.
- ✓ Necessità di un'ampia **disponibilità** di **dati sperimentali** raccolti in diverse condizioni ambientali, di modo da essere il più possibile **rappresentativi** della risposta del patogeno all'ambiente.
- ✓ **Scarsa disponibilità** di questo tipo di dataset.
- ✓ Parametri stimati empiricamente su un **ridotto database** possono **ridurre** l'**accuratezza** dei modelli.
- ✓ **Modelli generici** con **parametri strettamente legati** all'epidemiologia dei patogeni permettono di ovviare tale problema.



- ✓ Sviluppo di un modello **meccanicistico** per la simulazione della dinamica delle **malattie policicliche** causate dai funghi patogeni a carico delle parti aeree delle piante.
- ✓ Elaborazione di **sotto-modelli** per la simulazione dei seguenti processi: **infezione, incubazione, latenza, infeziosità, sporulazione, dispersione e deposizione delle spore.**
- ✓ Definizione dei **parametri** sulla base di informazioni di chiaro significato biologico (strettamente legati all'epidemiologia dei patogeni).
- ✓ Strumento **flessibile**, facilmente **adattabile** a diversi patosistemi.



- ✓ Sulla base dei principi dell'**ANALISI dei SISTEMI**, gli elementi che interagiscono in un patosistema sono definiti come:
 - ✓ variabili di stato
 - ✓ tassi
 - ✓ variabili ausiliarie
 - ✓ variabili esogene

- ✓ **Equazioni matematiche** permettono di calcolare le variabili di stato e i tassi in base ai quali tali variabili cambiano nel tempo (su base giornaliera) in risposta alle variabili esogene ed ausiliarie, ed in funzione dei parametri

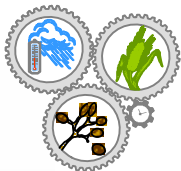
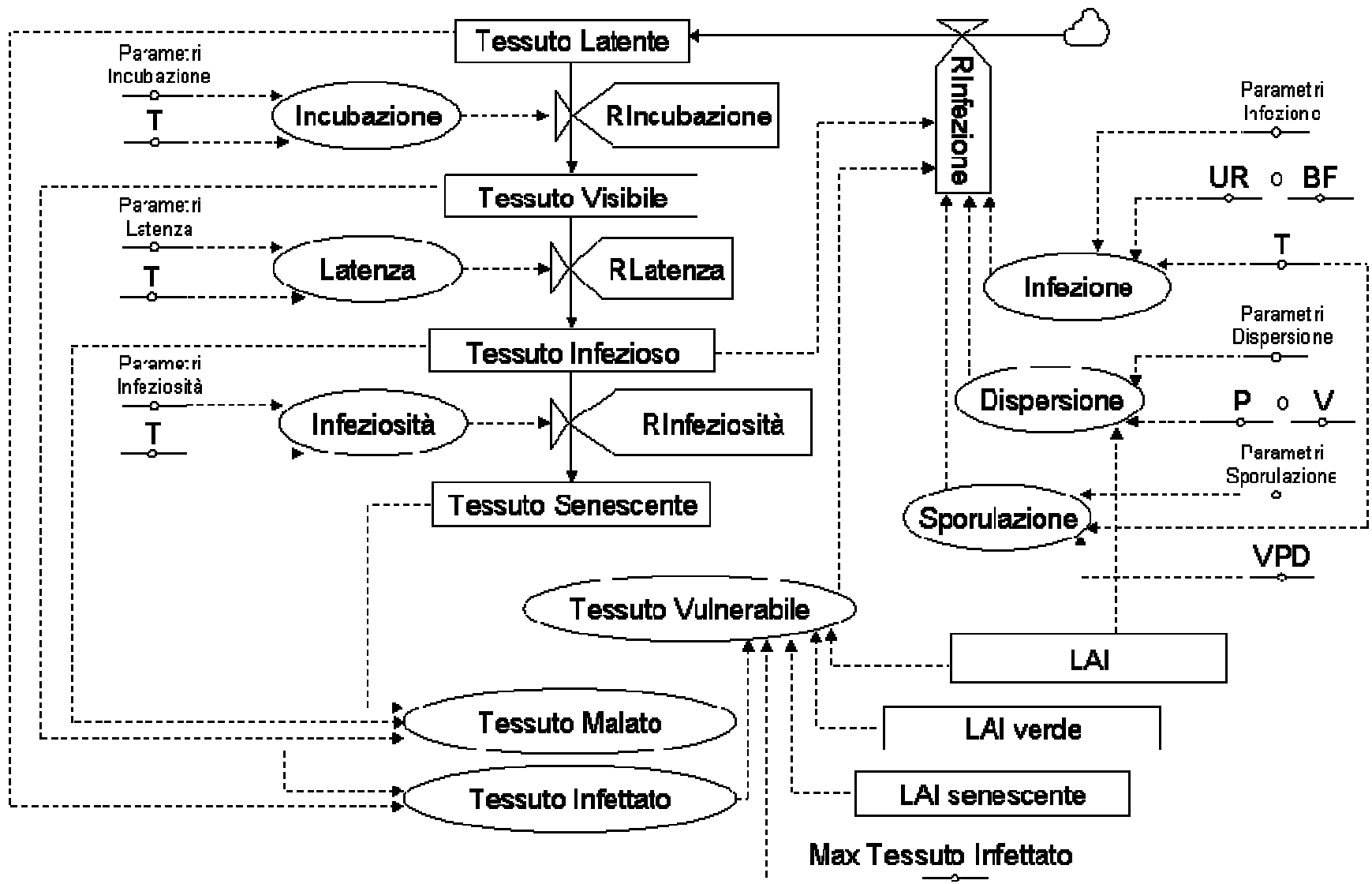


Diagramma relazionale





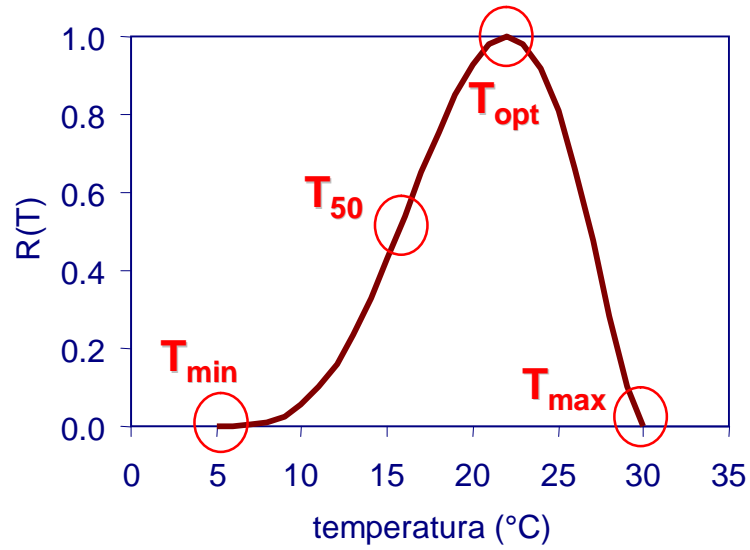
✓ I sotto-modelli sono stati validati sulla base di dataset pubblicati su lavori sperimentali disponibili in letteratura.

✓ I seguenti criteri sono stati adottati per la scelta dei dati adatti allo scopo di validare i modelli:

- ✓ minimo di tre osservazioni;
- ✓ prove sperimentali condotte in condizioni di ambiente controllato;
- ✓ risposta alla temperatura rilevata in condizioni di temperatura costante;
- ✓ dati non presentati sotto forma di grafici tridimensionali (difficoltà di estrapolazione).

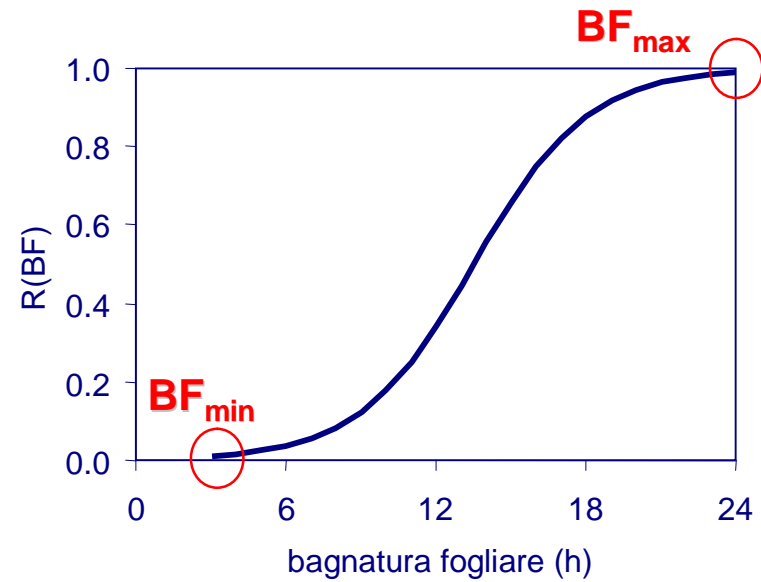


Infezione in f della bagnatura fogliare



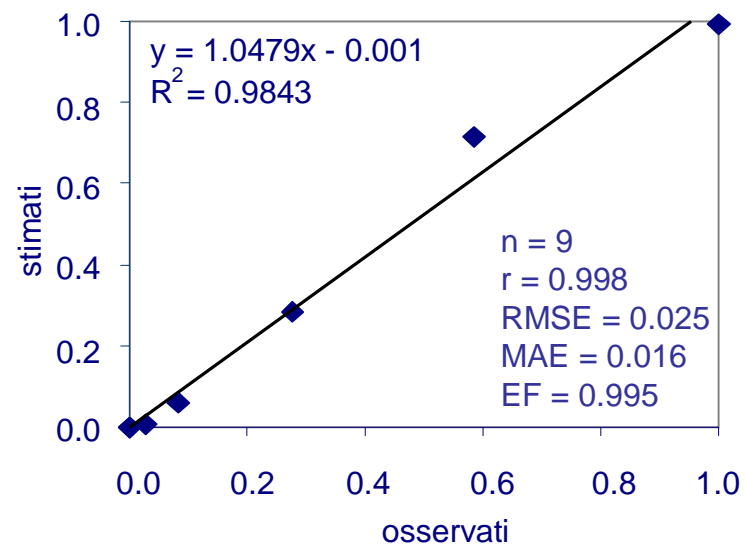
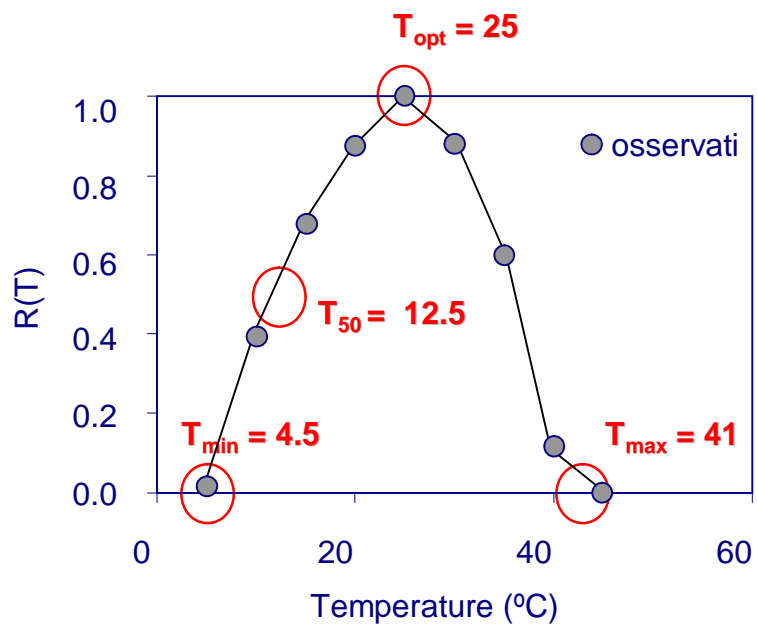
$$R(T) = \frac{(n+m)^{(n+m)}}{n^n * m^m} * t_n^n * (1-t_n)^m$$

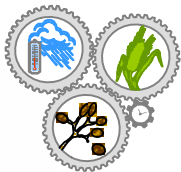
$$R(BF) = \frac{1}{1 + \exp(a - b * BF)}$$





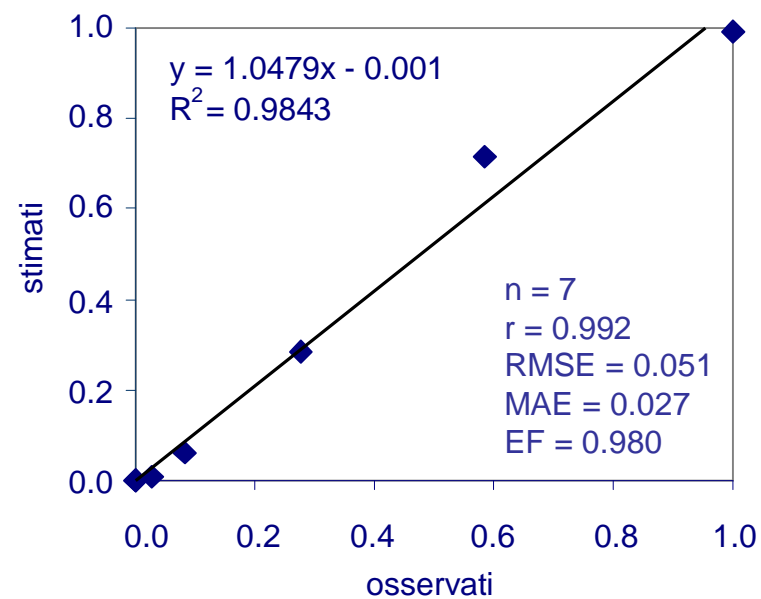
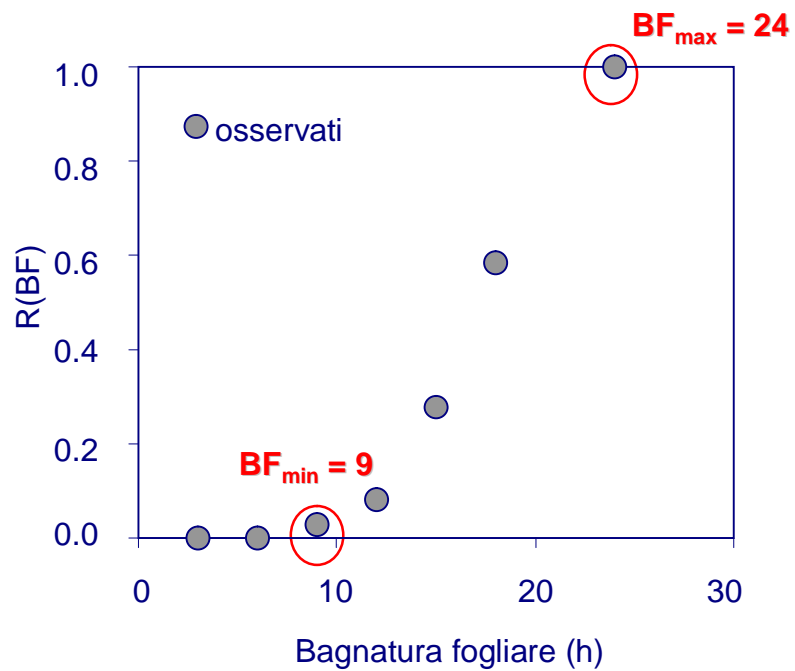
Cercospora beticola su barbabietola

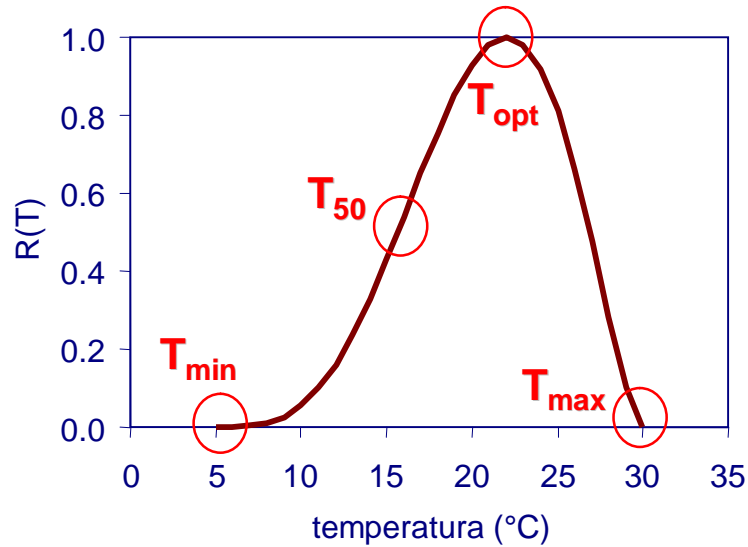




Rhizoctonia solani su loglio ($T_{opt} = 24^{\circ}\text{C}$)

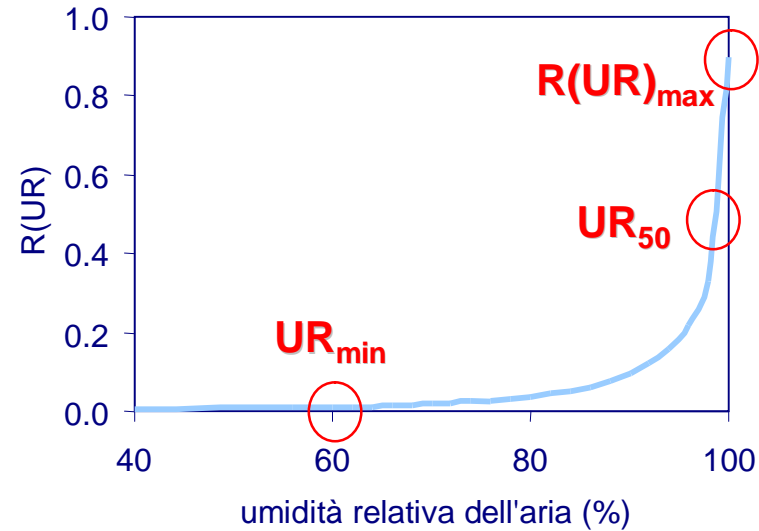
VALIDAZIONE – $R(\text{BF})$





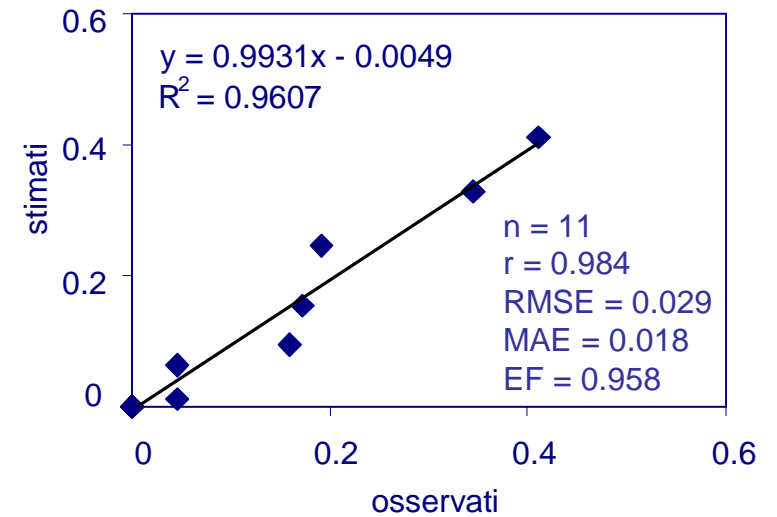
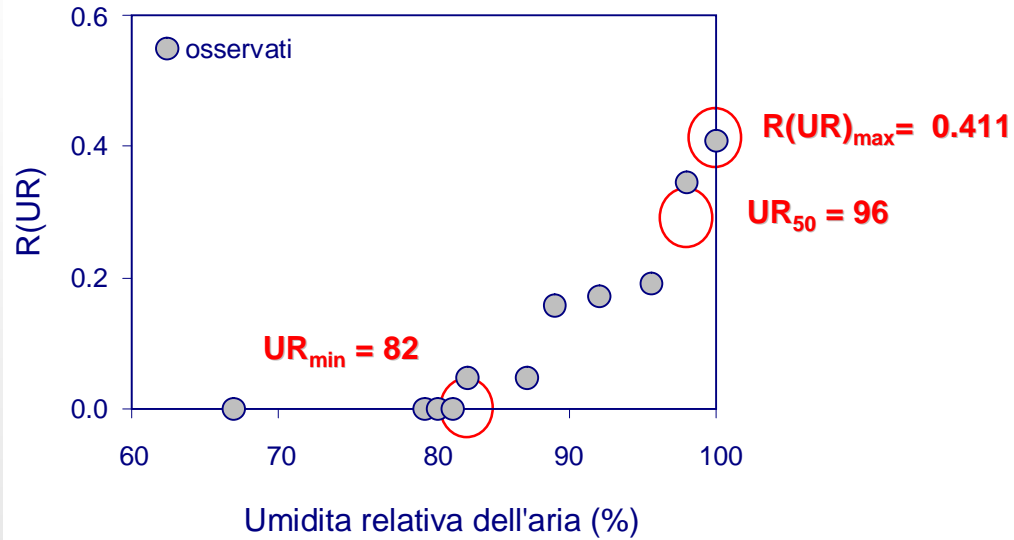
$$R(T) = \frac{(n+m)^{(n+m)}}{n^n * m^m} * t_n^n * (1-t_n)^m$$

$$R(UR) = \left(e^{b*(100-UR)} - c * e^{b*(100-UR_{min})} \right) * R(UR)_{max}$$





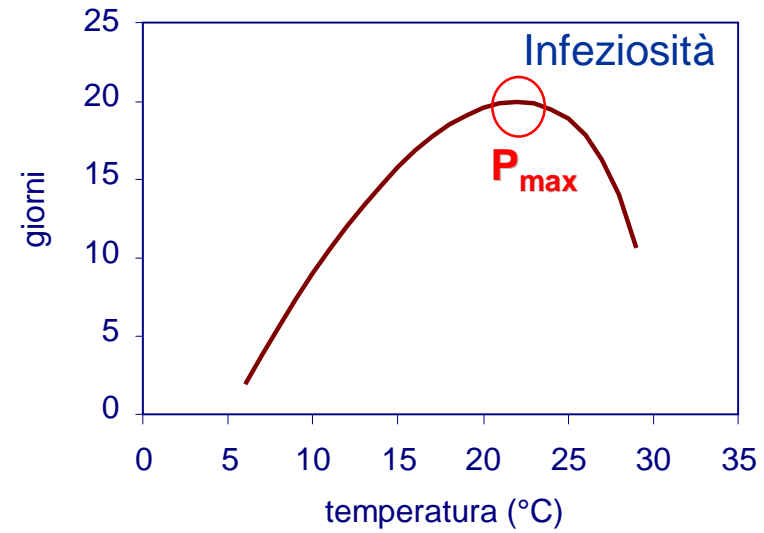
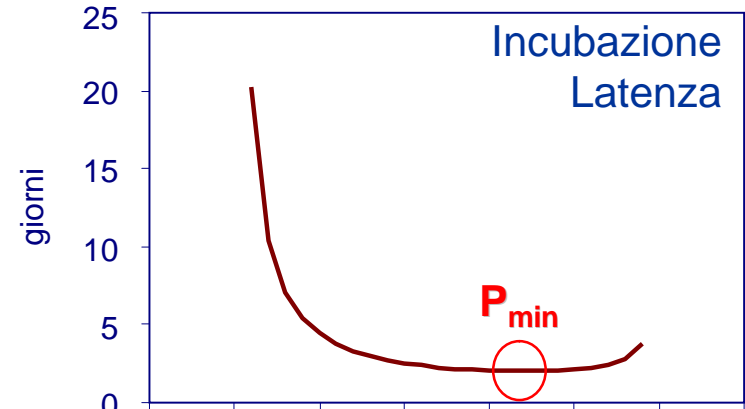
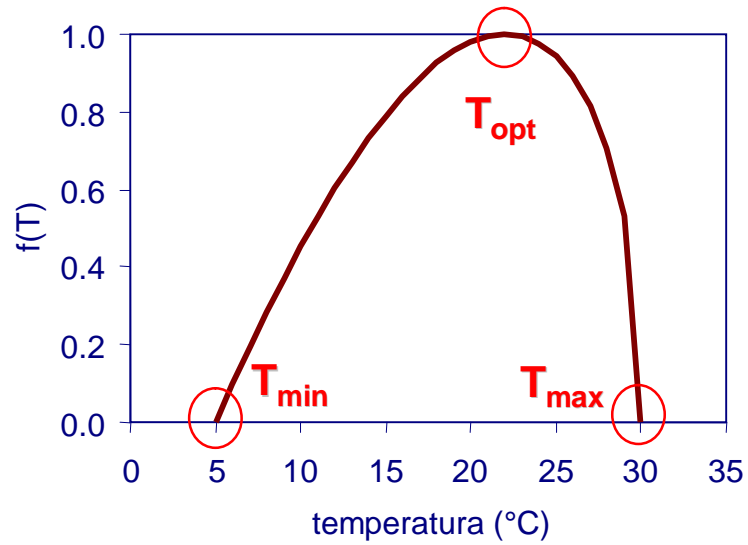
Pleospora alii su pero ($T_{opt} = 25^{\circ}C$)





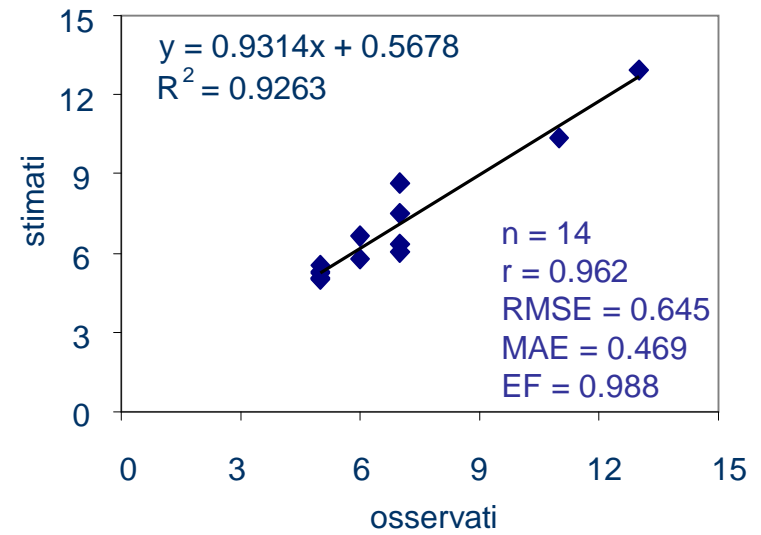
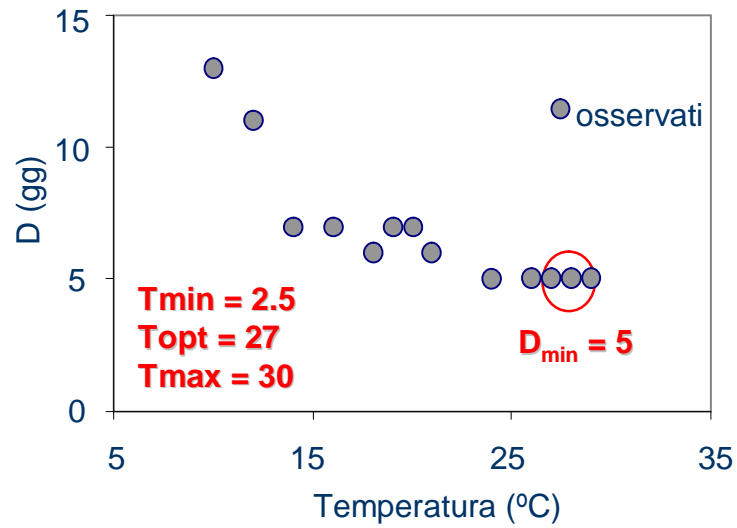
Incubazione – Latenza - Infeziosità

$$f(T) = \left(\frac{T - T_{\min}}{T_{\text{opt}} - T_{\min}} \right) * \left(\frac{T_{\max} - T}{T_{\max} - T_{\text{opt}}} \right)^{\frac{T_{\max} - T_{\text{opt}}}{T_{\text{opt}} - T_{\min}}}$$





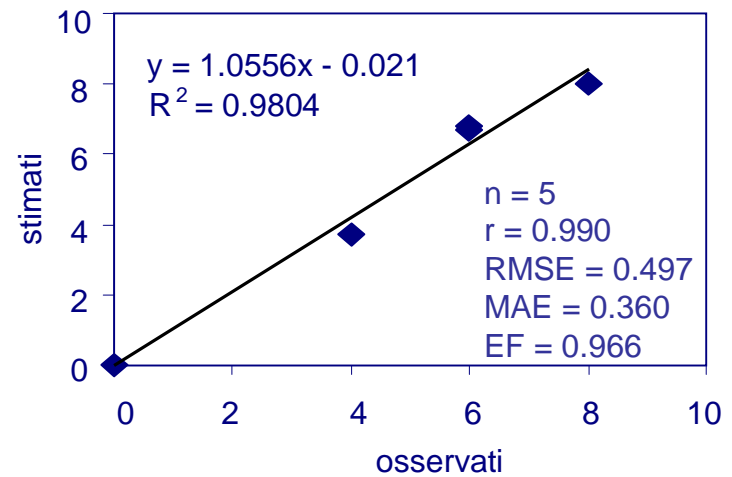
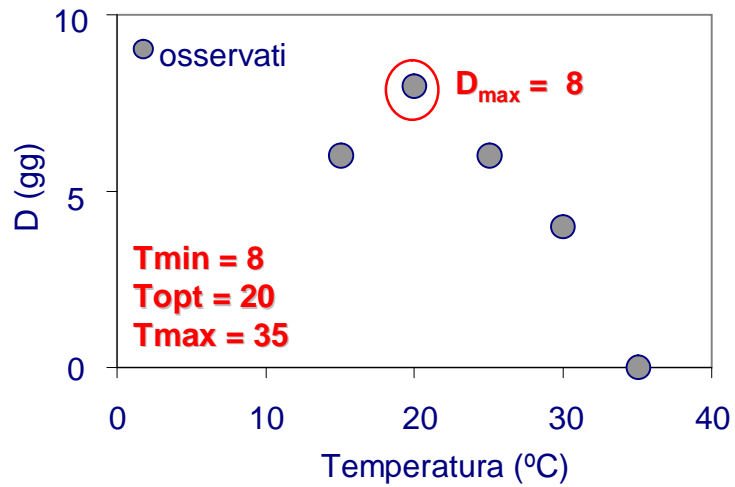
Erysiphe polygoni su clematide

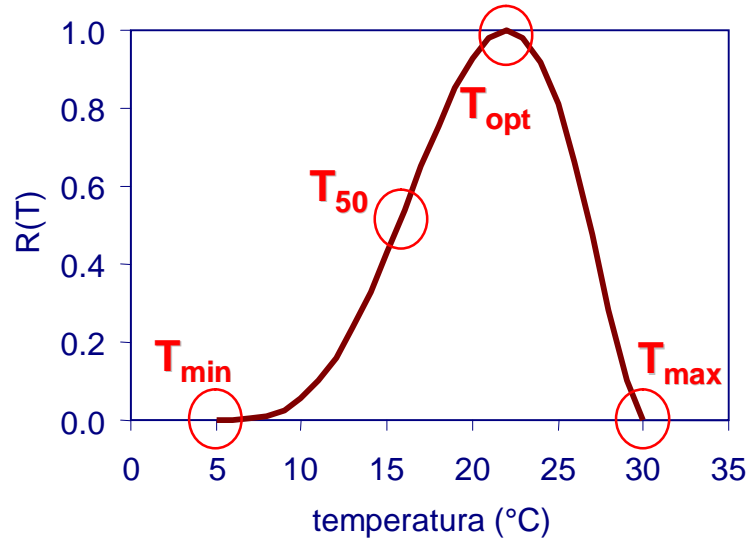




Cercosporidium personatum su arachide

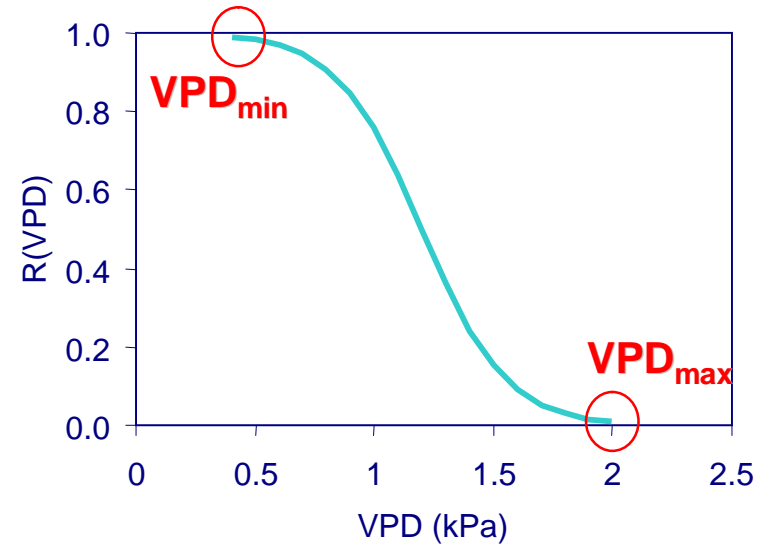
VALIDAZIONE – Infeziosità





$$R(T) = \frac{(n+m)^{(n+m)}}{n^n * m^m} * t_n^n * (1-t_n)^m$$

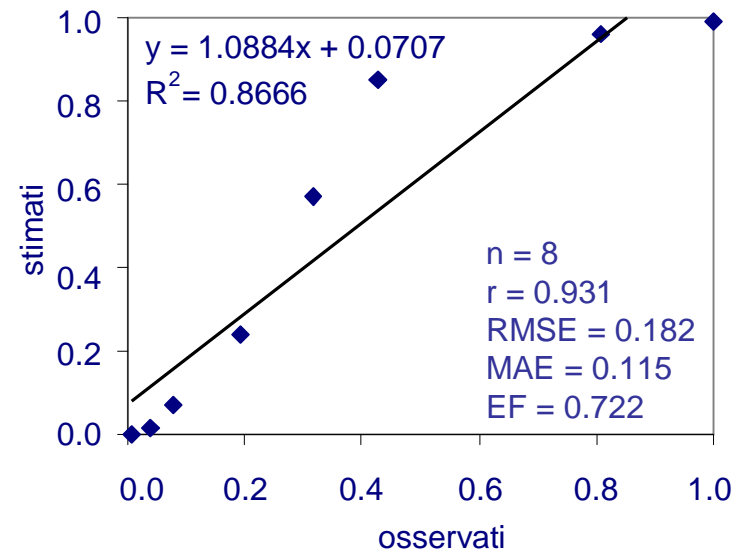
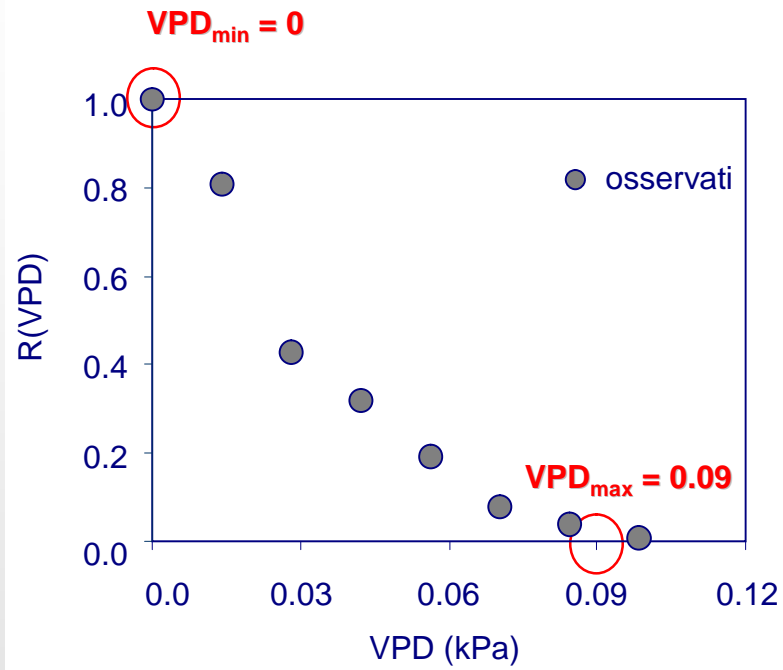
$$R(\text{VPD}) = \frac{1}{1 + \exp(-a + b * \text{VPD})}$$

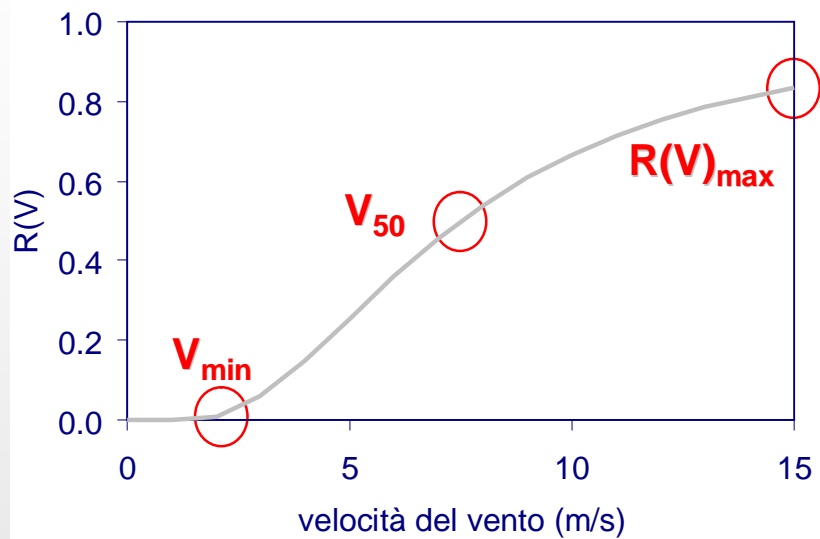




Peronospora destructor su cipolla ($T_{opt} = 12^{\circ}\text{C}$)

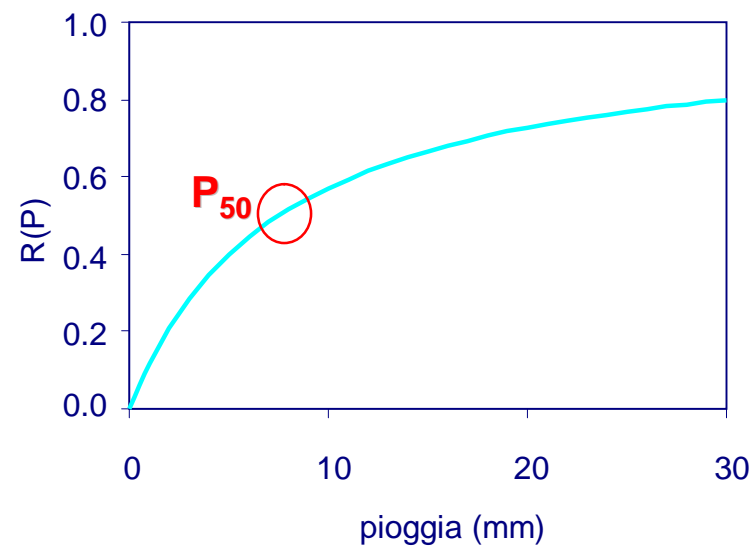
VALIDAZIONE – $R(\text{VPD})$

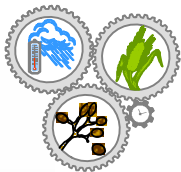




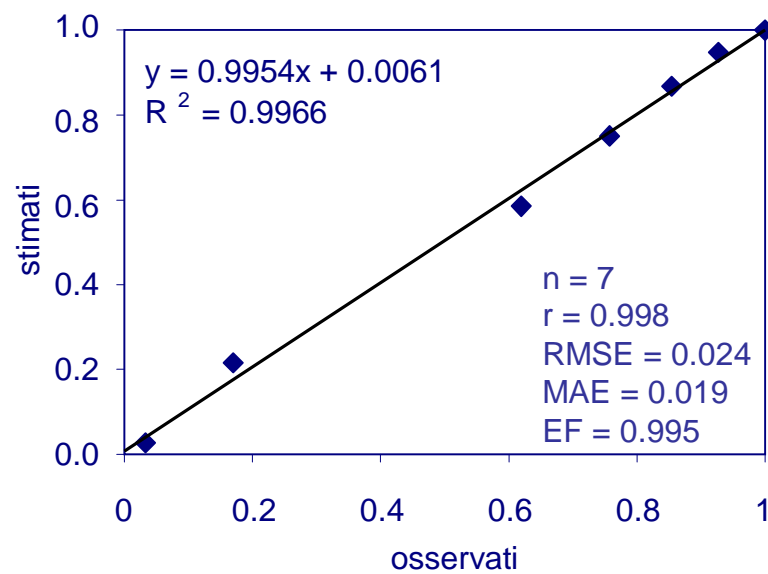
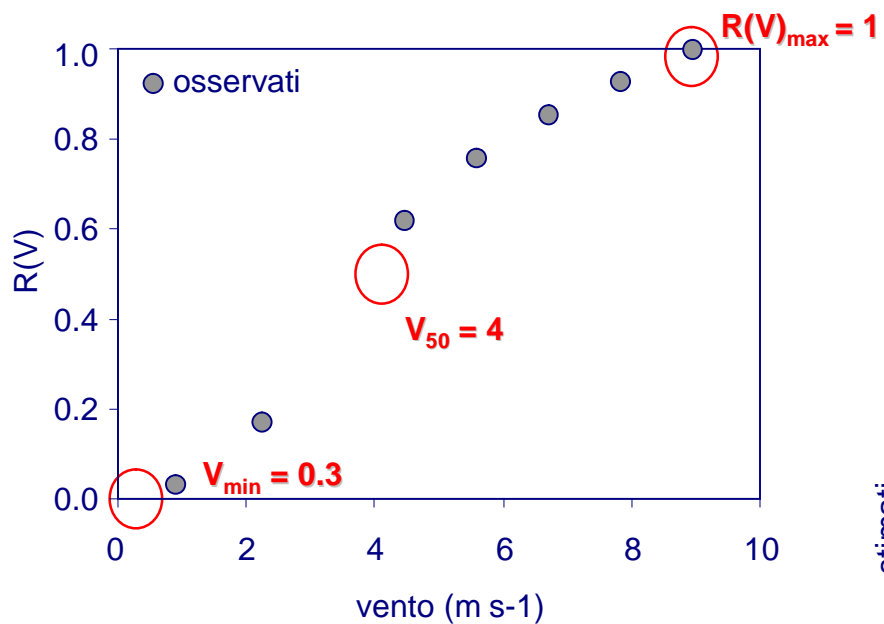
$$R(V) = \frac{(V - V_{\min})^2}{(V - V_{\min})^2 + \left[(V_{50} - V_{\min})^2 * c \right]} * R(V)_{\max}$$

$$R(P) = \frac{P}{P_{50} * LAI + P}$$



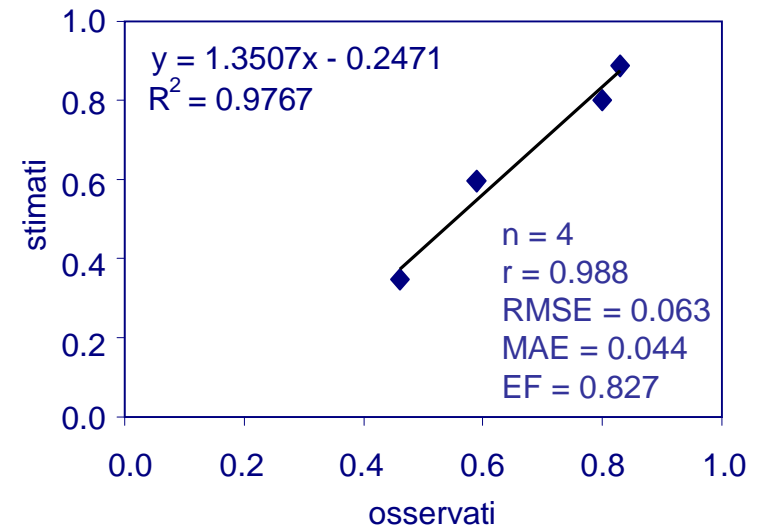
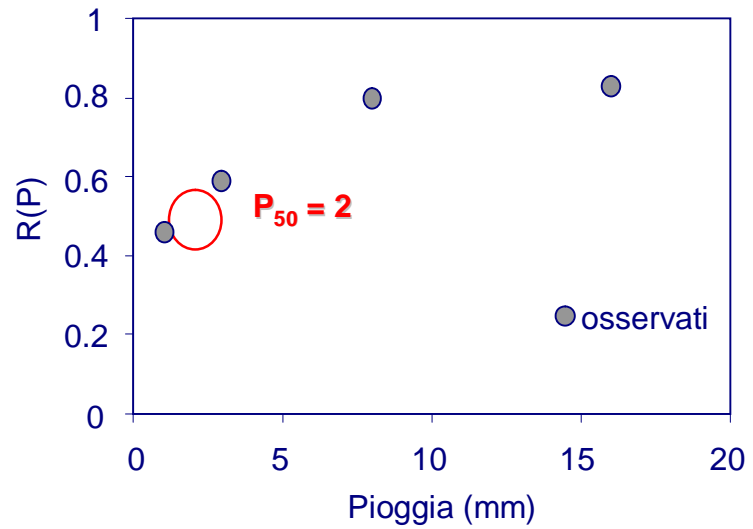


Erysiphe graminis su frumento





Colletotrichum acutum su fragola





- ✓ **Modello generico** che stima la proporzione di tessuto ammalato rispetto al tessuto totale dell'ospite.

- ✓ **Strumento flessibile ed innovativo**: il sistema di equazioni matematiche permette di simulare il progresso delle epidemie causate da patogeni diversi su colture diverse, semplicemente modificando i parametri del modelli. I parametri sono definiti sulla base di informazioni con un chiaro significato biologico e di acquisizione relativamente semplice (reperibili in letteratura o stimabili con buona approssimazione) .