



XXV CONGRESSO NAZIONALE ITALIANO DI ENTOMOLOGIA

Atti

Sphex *egyptia*
Lin. 1758 *PADOVA* *1894 n. 4.*
20-24 GIUGNO 2016



Valutazione dell'attività antagonista di *Psyllaephagus bliteus* Riek (Hym. Encyrtidae) e caratterizzazione molecolare delle popolazioni

M. Margiotta¹, M. Sinno¹, P. Cascone², L. Carrino¹, S. Laudonia¹, V. Caleca³, G. Lo Verde³, F. Tortorici³, R. Sasso⁴

¹Università degli Studi Federico II di Napoli - Dipartimento di Agraria; ²Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante - CNR; ³Università degli Studi di Palermo - Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali; ⁴ENEA C.R. Casaccia-Laboratorio BIOAG-SOQUAS

L'attività di controllo operata da *Psyllaephagus bliteus* Riek, nei confronti dell'ospite specifico *Glycaspis brimblecombei* Moore (Hemiptera: Aphalaridae), la psilla dal follicolo bianco ceroso, è stata valutata in Campania attraverso il monitoraggio dei livelli di infestazione di *Eucalyptus* spp. e ponendo a confronto questi ultimi con dati raccolti prima della diffusione accidentale dell'Encyrtide avvenuta in Campania nel 2012. I dati relativi al livello di infestazione della psilla, espressi come media del numero di psille non parassitizzate per foglia, rilevati durante il 2014-2015 sono stati posti a paragone con quelli rilevati nel 2011, e quindi in assenza di attività di controllo specie specifica. Il confronto ha consentito di evidenziare una riduzione del tasso di infestazione, attribuibile all'attività antagonista operata da *P. bliteus*, pari al 64%. L'andamento delle infestazioni di *G. brimblecombei*, ricavate dai monitoraggi effettuati in Campania, è stato confrontato con dati analoghi raccolti in Sicilia, dove viceversa, l'antagonista si è accidentalmente diffuso contemporaneamente al fitofago. Popolazioni di *P. bliteus*, provenienti da Campania, Lazio e Sicilia, sono state inoltre caratterizzate a livello molecolare. Sono stati sequenziati 24 campioni per la regione ITS2 (accession number da KU877300 a KU877323) e 31 campioni per la regione 28S-D2 (accession number da KU877269 a KU877299). I dati ottenuti hanno verificato la possibilità di utilizzare la regione ITS2 come marcatore per analisi molecolare su *P. bliteus*. Le analisi effettuate hanno prodotto due alberi filogenetici delle popolazioni di *P. bliteus* raccolte nelle diverse regioni ed hanno consentito l'individuazione della via di ingresso iniziale del parassitoide in Sicilia e dei successivi spostamenti che hanno caratterizzato la sua diffusione. Il disegno sperimentale è il primo che si concentri sull'analisi molecolare di specie del genere *Psyllaephagus*, non sono quindi disponibili dati con cui comparare quelli fin qui ottenuti. Appare interessante l'utilizzo del metodo applicato al complesso parassitario specie-specifico per l'individuazione delle pathways di insetti alloctoni di interesse economico e/o ambientale.