SERVIZIO FITOSANITARIO NAZIONALE

DOCUMENTI TECNICI UFFICIALI

Documento n. 95

INDICAZIONI SCIENTIFICHE SULL'ORGANISMO NOCIVO:

virus, viroidi e fitoplasmi di

Cydonia Mill., *Fragaria* L., *Malus* Mill., *Prunus* L.,

Pyrus L.,*Ribes* L., *Rubus* L. e *Vitis* L.

REV.	DESCRIZIONE REVISIONE	COMPILAZIONE	APPROVAZIONE	DATA DI ADOZIONE	FIRMA
0	Revisione 0	INRPP	CFN 23-24/09/2026	20/10/2026	BRUNO CAIO FARAGLIA MASAF 20.10.2026 09:53:27 GMT+02:00

Sommario

Introduzione 3
Apple fruit crinkle viroid (AFCVd) 4
Badnavirus venavitis (Grapevine vein-clearing virus, GVCV) 6
Buckland valley grapevine yellows phytoplasma (BVGYp) 8
'*Candidatus* Phytoplasma aurantifolia' 10
'*Candidatus* Phytoplasma australiense' 12
'*Candidatus* Phytoplasma fraxini' 14
'*Candidatus* Phytoplasma hispanicum' 16
'*Candidatus* Phytoplasma phoenicium' 18
'*Candidatus* Phytoplasma pruni' 20
'*Candidatus* Phytoplasma pyri' 23
'*Candidatus* Phytoplasma ziziphi' 25
Cheravirus avii (Cherry rasp leaf virus, CRLV) 28
Cherry rosette virus (CRV) 30
Closterovirus fragariae (*Strawberry chlorotic fleck-associated virus*, SCFaV) 32
Grablovirus vitis (Grapevine red blotch virus, GBRV) 34
Ilarvirus APLPV (American plum line pattern virus, APLPV) 36
Ilarvirus ApNMV (Apple necrotic mosaic virus, ApNMV) 38
Ilarvirus SNSV (Strawberry necrotic shock virus, SNSV) 40
Nepovirus myrtilli (Blueberry leaf mottle virus, BLMoV) 42
Nepovirus persicae (Peach rosette mosaic virus, PRMV) 44
Raspberry latent virus (RpLV) 46
Robigovirus robigomaculae (Cherry rusty mottle associated virus, CRMaV) 48
Robigovirus tortifoliae (Cherry twisted leaf associated virus, CTLaV) 50
Temfrudevirus temperatum (Temperate fruit decay-associated virus, TFDaV) 52
Trichovirus necroacini (Grapevine berry inner necrosis virus, GINV) 54
Trichovirus persicae (Peach mosaic virus, PcMV) 56
Conclusioni 58
Riferimenti bibliografici 59

Introduzione

Il Regolamento di Esecuzione (UE) 2019/2072, nella sua ultima versione, all'allegato II parte A numero 6, al punto 22 elenca i Virus, viroidi e fitoplasmi di *Cydonia* Mill., *Fragaria* L., *Malus* Mill., *Prunus* L., *Pyrus* L., *Ribes* L., *Rubus* L. e *Vitis* L. considerati da quarantena per i paesi della UE.

Si tratta di 28 organismi (18 virus, un viroide e 9 fitoplasmi) che nella maggioranza dei casi non sono presenti nel territorio dell'Unione. Nel presente documento sono state approfondite le informazioni attualmente disponibili su questi 28 organismi focalizzando l'attenzione sulle piante ospiti, distribuzione geografica, sintomatologia causata, aspetti epidemiologici e diagnostici legati al loro monitoraggio.

Apple fruit crinkle viroid (AFCVd)

Apple fruit crinkle viroid (AFCVd) è un viroide appartenente alla famiglia Pospiviroidae, genere Apscaviroid, il cui genoma è di tipo circolare costituito da un RNA a singolo filamento (Flores et al., 2009)

Il suo ospite principale è il melo (*Malus domestica* L.) in cui può causare danni più o meno gravi in base alla sensibilità specifica della cultivar; la sua distribuzione geografica su scala mondiale è molto limitata e conseguentemente, anche il suo impatto economico.

Distribuzione e gamma ospiti

AFCVd è stato descritto per la prima volta in Giappone in piante di melo (*M. domestica*) (Ito & Yoshida, 1998). Successivamente, isolati di AFCVd sono stati segnalati in alcune zone della costa orientale degli Stati Uniti (Gregory et al., 2018a; Velez-Climent et al., 2022); il viroide non risulta attualmente diffuso in Europa (EPPO Global Database, 2025) (Figura 1).

L'ospite naturale confermato è il melo (Koganezawa & Ito, 2010), ma sono stati trovati degli isolati di AFCVd anche su luppolo (*Humulus lupulus* L.) (Sano et al., 2004).

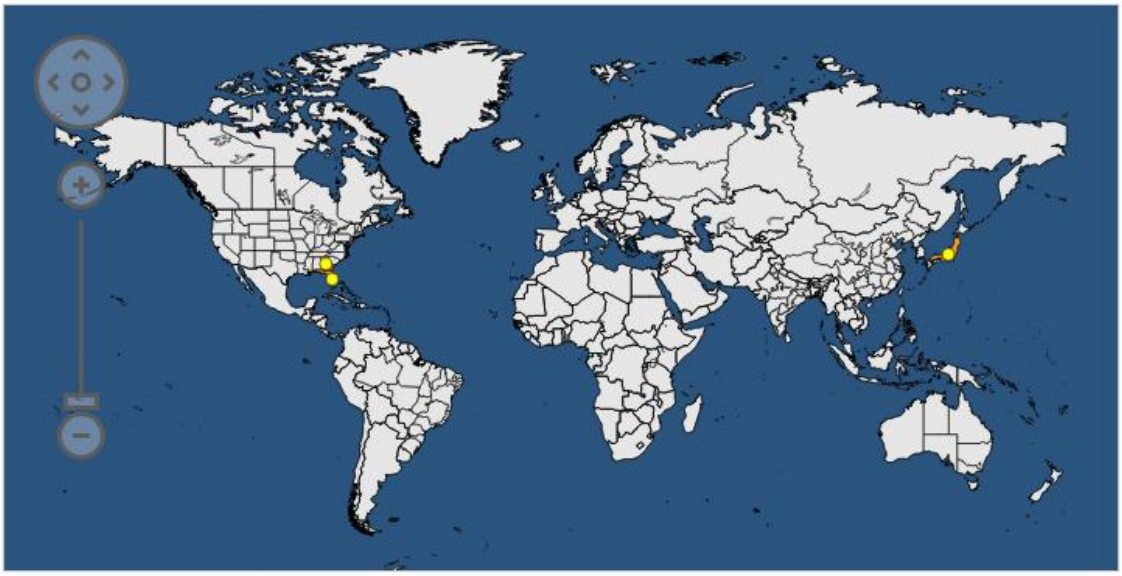


Figura 1. Distribuzione mondiale di Apple fruit crinkle viroid (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Malus* L.

In melo, i sintomi caratteristici delle varietà sensibili consistono in frutti raggrinziti e ruvidi (Ito et al., 1993; Ito & Yoshida, 1998) che, nei casi più gravi, presentano la polpa imbrunita (Figura 2). L'infezione è tuttavia asintomatica in alcune varietà e non si osservano sintomi fogliari in nessuna varietà (Koganezawa & Ito, 2010).



Figura 2. Frutti con aspetto raggrinzito (sinistra) e polpa imbrunita (destra) dovuti all'infezione da AFCVd in melo (*Malus domestica* L., cv. Orin) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

AFCVd non si diffonde per vettori biologici, infatti la sua diffusione avviene tramite uso di materiale di propagazione infetto o tramite contatto diretto con materiale infetto, ad esempio attraverso talee o uso di strumenti infetti durante le operazioni colturali (Koganezawa & Ito, 2010).

AFCVd può essere rilevato mediante saggio biologico su specie suscettibili (Koganezawa & Ito, 2010), ma il rilevamento può essere ottenuto più facilmente utilizzando l'ibridazione con sonde molecolari (Lin et al., 2011) o RT-PCR (Gregory et al., 2018b).

Sebbene il rischio fitosanitario di questo viroide sia contenuto a causa della distribuzione geografica limitata, il suo possibile ingresso negli areali di coltivazione del melo deve essere attentamente sorvegliato, poiché la trasmissione avviene soprattutto attraverso materiale di propagazione infetto.

Badnavirus venavitis (Grapevine vein-clearing virus, GVCV)

Il *Badnavirus venavitis*, conosciuto come Grapevine vein-clearing virus (GVCV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a DNA appartenente alla famiglia Caulimoviridae, genere Badnavirus,. È l'agente causale del "*grapevine vein clearing complex* (GVCC) in piante di vite (*Vitis vinifera* L.) (Qiu et al., 2007).

Distribuzione e gamma ospiti

Il GVCV è considerato un virus emergente negli USA e, al di fuori di questo, finora è stato segnalato solo in Brasile (Fajardo et al., 2017) (Figura 3). L'ospite principale è la vite coltivata (*V. vinifera*), ma è stata segnalata anche in altre specie spontanee appartenenti al genere *Vitis* spp. utilizzate come portinnesto (Beach et al., 2017; Petersen et al., 2017; Uhls et al., 2021).

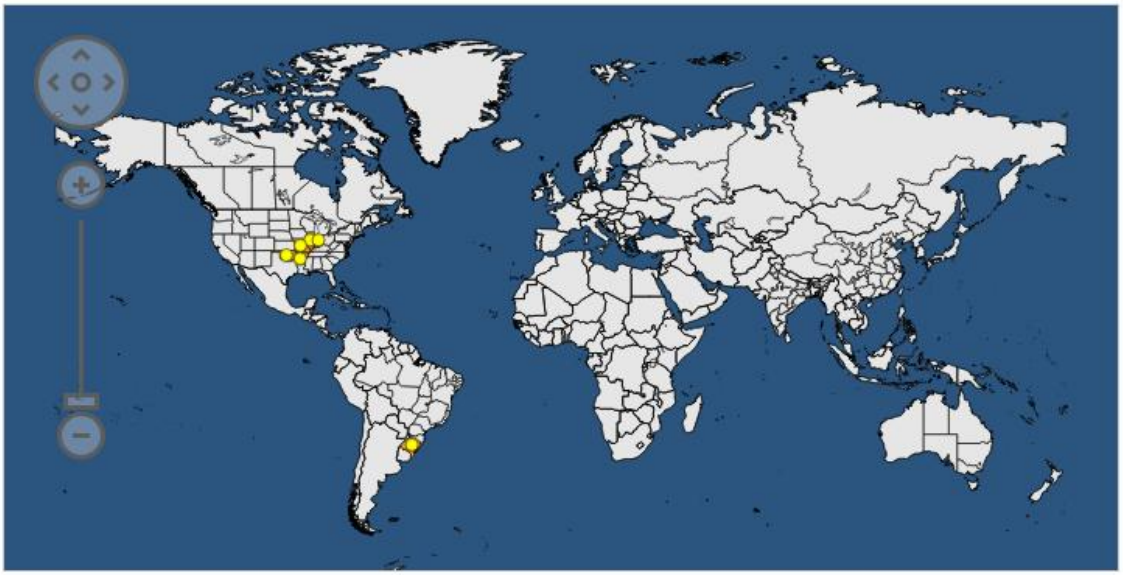


Figura 3. Distribuzione mondiale di *Badnavirus venavitis* (Grapevine vein-clearing virus, GVCV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L.,

I sintomi più visibili di infezioni da GVCV si osservano sulle foglie giovani che presentano nervature secondarie e terziarie traslucide, dovute al loro schiarimento (*vein cleaering*), seguita con l'avanzare della stagione da motivi a mosaico, screziati e increspati con arrotolamento dei bordi delle foglie. Sulle foglie vecchie compaiono sintomi clorotici e di mosaico. Sui giovani germogli con foglie piccole e deformate si possono osservare germogli a zigzag e internodi corti. Le bacche delle viti infette sono deformate, scolorite, non si sviluppano completamente o non maturano bene e hanno una consistenza coriacea (Qiu & Schoelz, 2017) (Figura 4).



Figura 4. Sintomi da *Badnavirus venavitis* (Grapevine vein-clearing virus, GVCV) su vite (*V. vinifera* L.): *vein clearin* (sinistra) e deformazione delle bacche (destra) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Il GVCV è facilmente trasmissibile per innesto (Guo et al., 2014). Non esistono evidenze di trasmissione per seme o polline; è stata, invece, confermata la trasmissione tramite afidi della vite (*Aphis illinoisensis*), con modalità di trasmissione semipersistente o circolativa non propagativa (Uhls et al., 2021). È stata inoltre studiata la presenza del virus in specie selvatiche non-ospiti (*Ampelopsis cordata*), ritenute un importante serbatoio naturale da cui il vettore acquisisce e trasmette il virus alle viti coltivate (Cieniewicz et al., 2020).

Nello Standard EPPO PM 3/85 è riportata una procedura per monitorare l'eventuale presenza di GVCV nei luoghi di coltivazione delle piante di viti destinate alla produzione di materiale da moltiplicazione. Attualmente non è disponibile alcun test di diagnosi sierologico, ma sono disponibili diversi test molecolari (Qiu & Schoelz, 2017) oltre al classico saggio biologico su specie suscettibili.

Il rischio fitosanitario associato al GVCV è principalmente legato alla distribuzione di materiale di propagazione infetto. Tale rischio è considerato significativo, data la patogenicità accertata del virus, la presenza di vettori biologici ed il suo potenziale impatto negativo e la rilevanza economica della viticoltura nell'area EPPO in generale e nei territori dell'Unione in particolare (soprattutto Italia).

Buckland valley grapevine yellows phytoplasma (BVGYp)

Il Buckland valley grapevine yellows phytoplasma (BVGYp) è uno dei fitoplasmi responsabili dei cosiddetti giallumi della vite (*Grapevine yellow*, GY) riscontrati nella Buckland Valley dell'Australia. Si tratta di un fitoplasma appartenente al sub-gruppo 16SrXXIII-A (Wei et al., 2007).

Distribuzione e gamma ospiti

BVGYp presenta una distribuzione estremamente ristretta, limitata all'area originale di identificazione, ossia la Buckland Valley in Australia (Figura 5). L'unico ospite finora identificato è la vite coltivata (*V. vinifera*) e in particolare il vitigno Chardonnay, in cui il fitoplasma è stato ritrovato ed identificato (F. E. Constable et al., 2002).

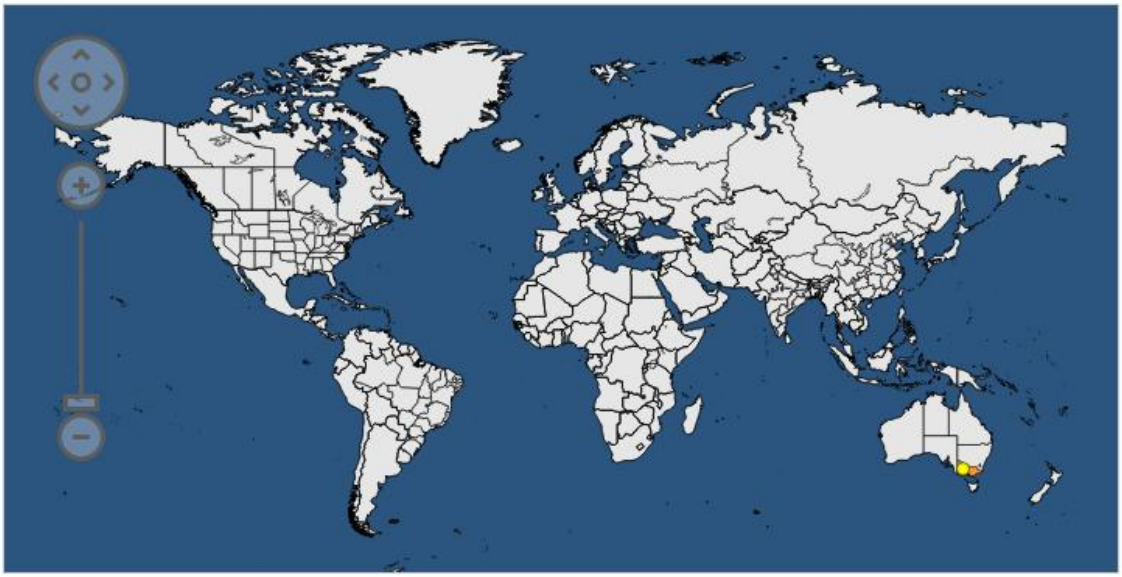


Figura 5. Distribuzione mondiale di Buckland valley grapevine yellows phytoplasma (BVGYp) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis*

In vite, BVGYp può causare i sintomi tipici del GY, ossia ingiallimenti irregolari e arrotolamento verso il basso delle foglie, che tendono a sovrapporsi sui germogli colpiti; i germogli infetti non lignificano correttamente e rimangono di consistenza molle o gommosa. Infine, i fiori presenti sui germogli colpiti possono abortire e gli acini possono raggrinzirsi (Figura 6). Per alcune malattie da GY sono state riportate riduzioni significative della resa (F. E. Constable et al., 2003).



Figura 6. Sintomi di ingiallimento, necrosi parziale e arrotolamento verso il basso delle foglie di vite (*V. vinifera* cv. Chardonnay) associati a infezioni di Buckland valley grapevine yellows phytoplasma (BVGYp) (Constable & Rodoni, 2011).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Ad oggi, a differenza di altri fitoplasmi che infettano la vite, non sono stati trovati vettori biologici di BVGYp. La sua incidenza in campo è variabile, si osserva una alternanza tra periodi di latenza e periodi di espressione dei sintomi. Risulta quindi importante un attento monitoraggio per rilevarne la presenza.

La diagnosi si basa, come per altri fitoplasmi, sull'impiego di PCR generica, seguita da nested PCR e successiva digestione degli ampliconi mediante *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) (Constable et al., 2003). Esiste inoltre uno Standard EPPO per la diagnosi generica dei fitoplasmi (PM 7/133) che va sempre preso in considerazione per il loro monitoraggio. Il rischio fitosanitario associato a questo organismo sembra essere minimo o nullo.

'*Candidatus* Phytoplasma aurantifolia'

Il '*Candidatus* Phytoplasma aurantifolia' (*Ca.* P. aurantifolia) è classificato nel gruppo degli scopazzi del lime, sottogruppo tassonomico 16SrII-B (Zreik et al., 1995). Tutti i ceppi di questo patogeno colpiscono gli agrumi ed in particolare il lime (*Citrus* x *aurantifolia*), tranne uno che invece è stato imputato come responsabile del lento deperimento di alberi di pero (*Pyrus communis* L.) (Abu Alloush et al., 2023).

Distribuzione e gamma ospiti

'*Ca.* P. aurantifolia' è stato identificato per la prima volta in piante di lime in Oman (Bové, 1986) e successivamente anche in altri paesi asiatici e in Brasile, sempre su agrumi. Recentemente è stato ritrovato anche in Giordania su piante di pero (*Pyrus communis* L.) (Abu Alloush et al., 2023) (Figura 7).

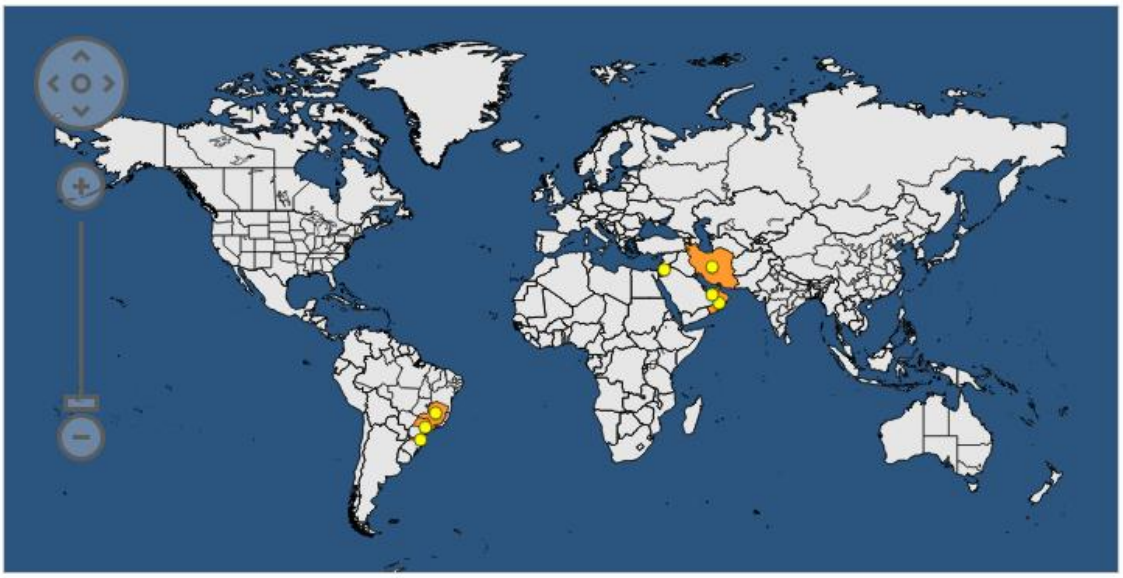


Figura 7. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma aurantifolia' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Pyrus* L.

In pero (*P. communis*), i sintomi associati alla presenza di questo fitoplasma sono rappresentati dall'arrossamento delle foglie ed un lento deperimento dell'intera pianta (Abu Alloush et al., 2023) (Figura 8).



Figura 8. Arrossamento fogliare associato all'infezione di '*Candidatus* Phytoplasma aurantifolia' in piante di pero (*Pyrus communis* L.) (Abu Alloush et al., 2023).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Ad oggi non è stato identificato alcun vettore biologico di '*Ca.* P. aurantifolia' sule piante di pero, nonostante sia invece ben noto come il fitoplasma sia trasmesso dalla cicalina *Hishimonus phycitis* in modo efficiente in piante di lime (Hemmati et al., 2020).

Sebbene l'infezione da '*Ca.* P. aurantifolia' è solitamente sintomatica, può essere presente in campo anche in assenza di sintomi a causa del suo lungo periodo di incubazione (Silva et al., 2014). In generale il rischio fitosanitario associato questo fitoplasma può ritenersi basso.

La presenza di questo fitoplasma può essere rilevata tramite l'uso di tecniche molecolari e analisi delle sequenze genomiche, come indicato nell'EPPO standard PM 7/133 dedicato all'analisi di fitoplasmi generica.

'Candidatus Phytoplasma australiense'

Il '*Candidatus* Phytoplasma australiense' (*Ca*. P. australiense) è uno dei fitoplasmi responsabili dei giallumi della vite australiana (*australian grapevine yellows*, AUSGY), sottogruppo tassonomico 16SrII-B (Davis et al., 1997). La sua importanza economica è legata soprattutto all'impatto su piante di interesse commerciale come la vite (*V. vinifera*) (Davis et al., 1997) causandone indebolimento e perdite produttive significative.

Distribuzione e gamma ospiti

'*Ca.* P. australianense' è presente principalmente in Oceania, con diffusione documentata in Australia e Nuova Zelanda e solo occasionalmente in Israele (Gera et al., 2005). Gli ospiti principali includono vite (*V. vinifera*), fragola (*Fragaria* x *ananassa*), *boysenberry* (*Rubus* hybrid) e papaya (*Carica papaya* L.) (Gera et al., 2005; Liefting et al., 1998; Padovan et al., 2000). La distribuzione è principalmente confinata a queste regioni, senza segnalazioni verificate in altre zone del mondo. (Figura 9).

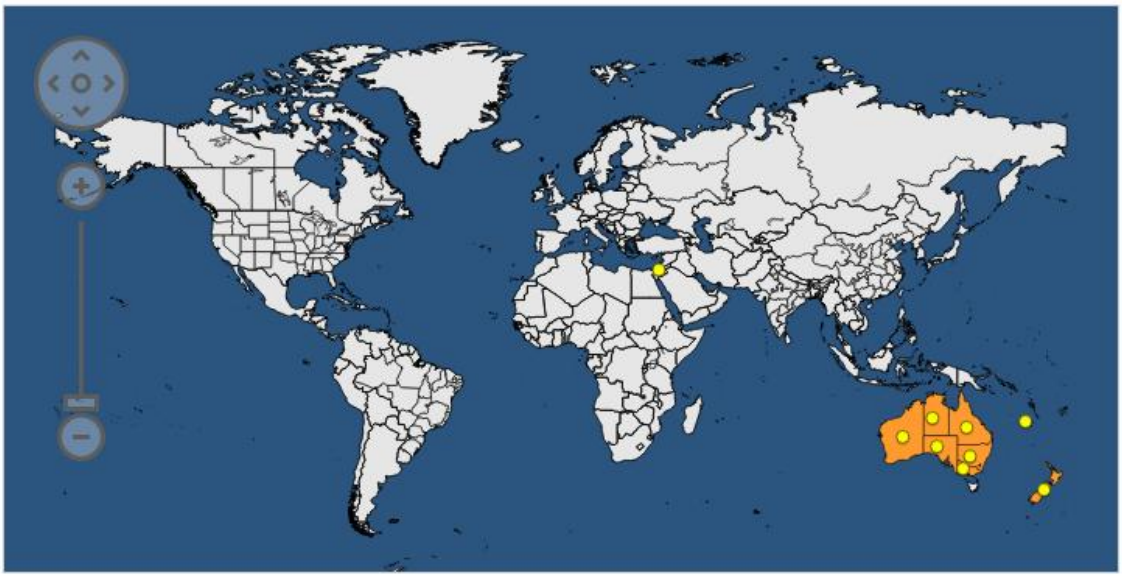


Figura 9. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma australiense' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L., *Fragaria* L. e *Rubus* L.

I sintomi comprendono clorosi fogliare, necrosi marginale, ingiallimenti e deformazioni fogliari nella vite (Davis et al., 1997); giallumi fogliari e petali verdi in fragola (Padovan et al., 2000) e clorosi/bronzatura e riduzione delle dimensioni fogliare nel *boysenberry* (Liefting et al., 1998) (Figura 10).



Figura 10. Bronzatura fogliare associata all'infezione di '*Candidatus* Phytoplasma australiense' in piante di boysenberry *(Rubus* hybrid*)*(Liefting et al., 2011).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Finora è stata identificata solo un vettore biologico di origine neozelandese, *Oliarus atkinsoni* (Ushiyama et al., 1969), non presente in Europa.

Per la diagnosi, sono adottati metodi molecolari basati su PCR, con protocolli diagnostici riconosciuti tra gli standard EPPO, come evidenziato dal documento PM 7/133.

La vite e, in minor misura anche la fragola, sono colture importanti nella UE, perciò è importante monitorare la sua presenza anche all'interno dei paesi membri.

'*Candidatus* Phytoplasma fraxini'

Il *'Candidatus* Phytoplasma fraxini' (*Ca*. P. fraxini) appartiene al subgruppo 16SrVII (*Ash yellows*, AshY), ma presenta molti ceppi che infettano diverse specie, sia erbacee che arboree, tra queste il frassino (*Fraxinus* spp.) è l'ospite principale (Griffiths et al., 1999).

Distribuzione e gamma ospiti

La distribuzione di '*Ca*. P. fraxini' è pressoché contenuta nel continente americano, in cui infetta una grande varietà di specie vegetali, tra cui: frassino (*Fraxinus* spp), lillà (*Syringa* spp.) (Griffiths et al., 1999), pero (*P. communis*), *Prunus* spp. (Arocha-Rosete et al., 2011), fragola (*Fragaria x arnassa*) (Perilla & Franco-Lara, 2012), patata (*Solanum tuberosum* L.) (Franco-Lara et al., 2023) ed una molteplicità di piante ospiti minori tra specie coltivate ed erbe infestanti. In Cile, e successivamente anche in Italia e Iran, è stata trovato occasionalmente anche in piante di vite (*V. vinifera*) (Fiore et al., 2007; Ghayeb Zamharir et al., 2017; Zambon et al., 2018).

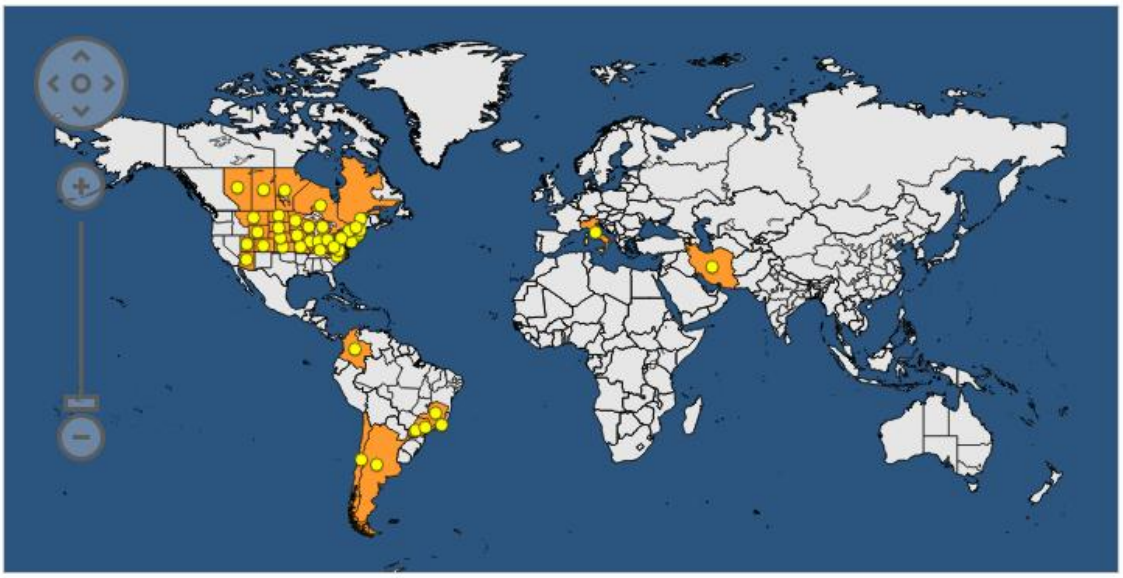


Figura 11. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma fraxini' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L., *Fragaria* L., *Pyrus* L. e *Prunus* L.

I sintomi sviluppati dalle piante infette possono variare molto in base alla specie. In vite i sintomi variano a seconda della varietà, tuttavia si osservano comunemente ingiallimento, arrotolamento verso il basso delle foglie e arrossamento delle nervature fogliari (Gajardo et al., 2009). Le piante di fragola infette mostrano sintomi quali virescenza, ipertrofia degli acheni e sviluppo di fillodia che impediscono la normale formazione dei frutti (Fernández et al., 2013; Perilla & Franco-Lara, 2012) (Figura 12). Piante appartenenti al genere *Prunus* spp. mostrano

sintomi di declino, arrossamento delle foglie, scopazzi e aspetto a rosetta (Arocha-Rosete et al., 2011).



Figura 12. Fiore di fragola (*Fragaria* x *ananassa*) di una pianta sana (A) confrontato con un fiore di fragola infetta da '*Candidatus* Phytoplasma fraxini' (B) che mostra una marcata fillodia con sviluppo di strutture vegetative e virescenza dei petali nelle piante infette (Fernández et al., 2013).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

'*Ca*. P. fraxini' viene trasmesso localmente da cicadelle che svolgono bene il loro ruolo da insetti vettori, presentando una dieta polifaga (Perilla-Henao et al., 2016). La diffusione a lunga distanza del patogeno può essere causata dallo spostamento di materiale infetto, come talee arboree o tuberi-seme. Anche l'innesto di materiale infetto è una possibile via per il movimento dei fitoplasmi, mentre non ci sono prove di trasmissione del fitoplasma tramite seme.

Il metodo di rilevamento più comune è l'amplificazione del gene dell'RNA 16Sr mediante tecniche PCR e successiva analisi di sequenza per l'identificazione del subgruppo di riferimento (EPPO Standard PM 7/133).

'*Candidatus* Phytoplasma hispanicum'

Il *'Candidatus* Phytoplasma hispanicum" (*Ca*. P. hispanicum) appartiene al subgruppo 16SrXIII-A, agente causale del *Mexican periwinkle virescence* (MPV), per cui l'ospite principale è rappresentato dalla pervinca del Madagascar (*Catharanthus roseus*) (Davis et al., 2016). Il suo impatto economico è abbastanza ridotto data l'assenza di studi sulla capacità del fitoplasma di infettare specie vegetali economicamente rilevanti.

Distribuzione e gamma ospiti

La presenza di '*Ca*. P. hispanicum' si concentra nel centro-sud America, in cui gli ospiti principali sono rappresentati dalla pervinca (*C. roseus*), l'amaranto (*Amaranthus caudatus*) e la fragola (*Fragaria* x *ananassa* L.) (Avendaño-Benequen et al., 2017; Davis et al., 2016; Noelting et al., 2019).

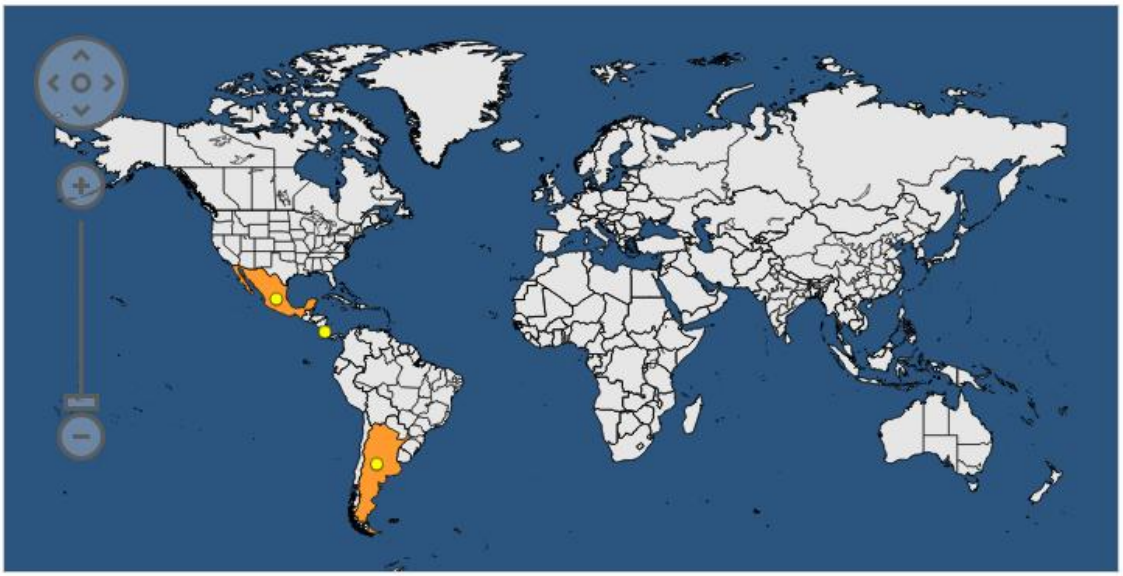


Figura 13. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma hispanicum' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Fragaria* L.

Quando presente in piante di fragola, il '*Ca.* P. hispanicum' induce fillodia e virescenza nei fiori e fillodia e malformazione dei frutti (Avendaño-Benequen et al., 2017) (Figura 14).



Figura 14. Pianta di fragola (*Fragaria* x *ananassa*) infetta da '*Candidatus* Phytoplasma hispanicum'. Si possono osservare sintomi di fillodia e virecenza nei fiori (A) e fillodia e malformazione dei frutti (B, C) (Avendaño-Benequen et al., 2017).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Le modalità di trasmissione di questo fitoplasma non sono ancora chiare, riveste quindi ancora maggiore importanza attenzionare la movimentazione di materiale proveniente da areali in cui '*Ca.* P. hispanicum' è diffuso. Per la diagnosi si rimanda sempre alle linee giuda dell'EPPO Standard PM 7/133.

‘*Candidatus* Phytoplasma phoenicium’

Il *‘Candidatus* Phytoplasma phoenicium' (*Ca*. P. phoenicium') è classificato nel gruppo tassonomico 16SrIX (I.-M. Lee et al., 2000), presenta diversi ospiti naturali, tra i quali i più dannosi dal punto di vista economico sono stati ritrovati in specie appartenenti al genere *Prunus* spp.

Distribuzione e gamma ospiti

‘*Ca*. P. phoenicium’ è poco diffuso nel mondo, infatti, ad oggi, la sua presenza è stata confermata solo nell’area medio-orientale ed in particolare in Iran, Giordania e Libano, principalmente su *Prunus* spp. (Abou-Jawdah et al., 2002; Abu Alloush et al., 2023; Salehi et al., 2018); è stato anche associato alla vite (*V. vinifera*) in piante provenienti dall’Iran e dalla Turchia (Alashi et al., 2025; Canik et al., 2011) (Figura 15).

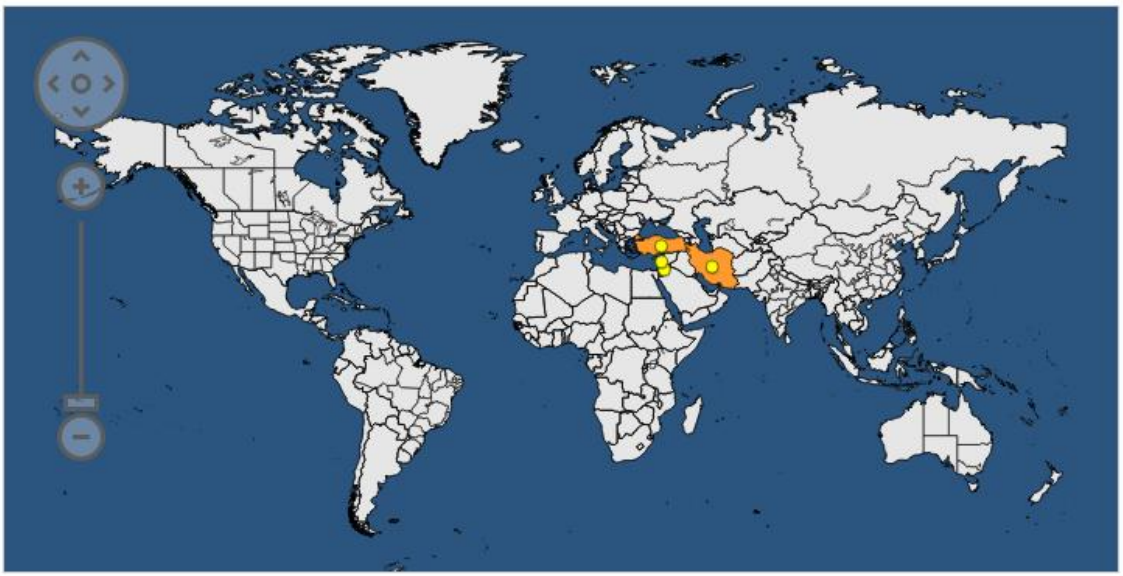


Figura 15. Distribuzione mondiale di ‘*Candidatus* Phytoplasma phoenicium’ (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L. and *Vitis* L.

Sintomi di infezione da ‘*Ca*. P. phoenicium’ in mandorlo (*Prunus dulcis* L.) sono rappresentate da proliferazione di germogli sottili dal tronco o dalle radici, talvolta con sintomi di scopazzo, riduzione e ingiallimento delle foglie, accorciamento internodale, fioritura anticipata e declino generale, oltre ad un abbattimento della produzione. In pesco (*Prunus presica* L.), i sintomi iniziano con fioritura precoce e sviluppo anticipato delle gemme, seguiti da fillodia, foglie seghettate, che si presentano sottili e di colore verde chiaro, proliferazione di germogli e scopazzi; si notano accorciamento internodale, clorosi, riduzione delle dimensioni fogliari e declino progressivo, ma più lento rispetto al mandorlo. In albicocco (*Prunus armeniaca* L.) i

principali sintomi sono ingiallimenti (Figura 16a), riduzione e arricciamento delle foglie, margini necrotici, internodi accorciati, rosette apicali, arresto della crescita e morte della pianta. I rami infetti producono frutti piccoli, deformi e di sapore alterato (Salehi et al., 2018).

Piante di vite (*V. vinifera*) che mostravano sintomatologie quali declino, ingiallimento delle foglie e accorciamento dell'internodo sono state associate a infezioni da '*Ca*. P. phoenicium' (Ghayeb Zamharir et al., 2017) (Figura 16b,c).



Figura 16. Sintomi di ingiallimento fogliare in piante di albicocco (*P. armeniaca*) (A) (Salehi et al., 2018) e dimensioni degli internodi ridotte e foglie con mancanza di lignificazione (B) in piante di vite (*V. vinifera*) in essiccazione e in declino (C) (Ghayeb Zamharir et al., 2017) dovuti a infezioni da '*Candidatus* Phytoplasma phoenicium'.

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Epidemie di '*Ca*. P. phoenicium' potrebbero avvenire mediante l'introduzione di materiale vegetale infetto seguita dalla trasmissione naturale dovuta ai vettori. In particolare, le cicaline (ad esempio *Asymmetrasca decedens*) sono note per trasmettere molto efficacemente il fitoplasma da pianta a pianta (Abou-Jawdah et al., 2014).

Il rilevamento e l'identificazione di '*Ca*. P. phoenicium' nel materiale vegetale è approfondito nello standard diagnostico EPPO su questo parassita (standard EPPO PM 7/150). In generale il rischio fitosanitario associato a questo organismo è da ritenersi elevato per il nostro Paese per l'importanza delle piante ospiti che colpisce.

'*Candidatus* Phytoplasma pruni'

'*Candidatus* Phytoplasma pruni' (*Ca*. P. pruni) è un patogeno di grande rilevanza negli USA a causa dell'impatto sulla frutticoltura e viticoltura nordamericana. Questo patogeno appartiene al subgruppo dei fitoplasmi 16SrIII, che comprende ceppi geneticamente diversi (Davis et al., 2013).

Distribuzione e gamma ospiti

La distribuzione di '*Ca*. P. pruni' è concentrata e confinata nella zona Nord degli USA (Figura 17). La gamma di ospiti di '*Ca*. P. pruni' è ristretta ad alcune specie del genere *Prunus* spp., tra cui il pesco (*P. persica*) rappresenta l'ospite principale e sul quale provoca la *Peach X-disease* (PX11CT1), una delle malattie più gravi delle drupacee nel Nord America (B. Kirkpatrick, 1995; J. Uyemoto & Kirkpatrick, 2011). Questo fitoplasma è considerato anche tra gli agenti causali della *North American Grapevine Yellows* (NAGY) in piante di vite (*V. vinifera*) localizzate nelle aree settentrionali degli USA (Davis et al., 2015).

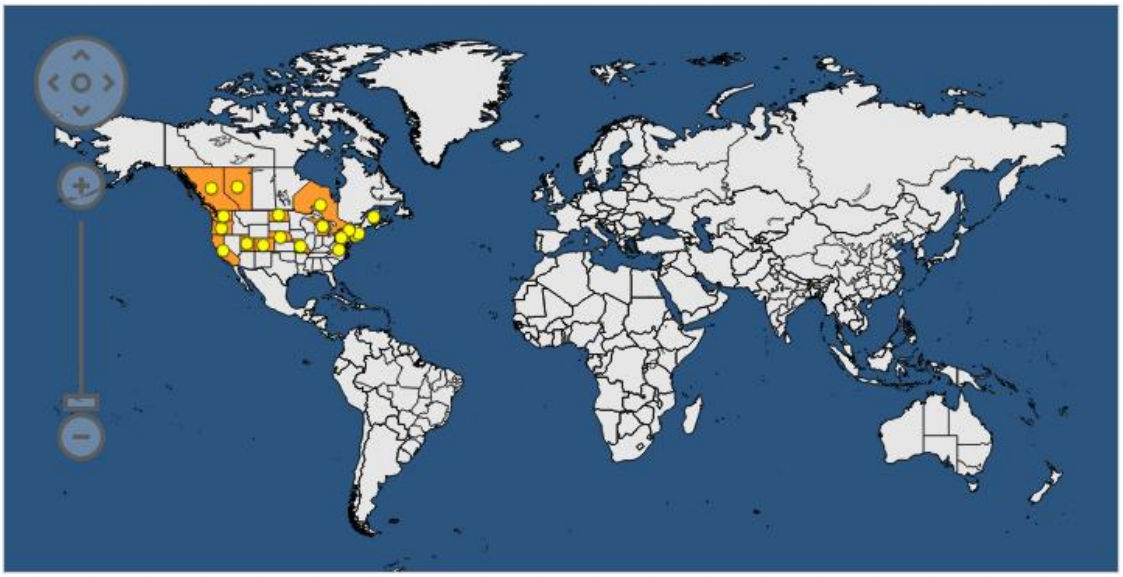


Figura 17. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma pruni' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L. and *Vitis* L.

I sintomi di *'Ca*. P. pruni' in pesco includono defogliazione precoce, ingiallimento fogliare e lesioni irregolari di colore rosso, clorotico o necrotico. Le foglie necrotiche si distaccano lasciando un aspetto traforato, seguite da abscissione prematura e possibile emissione di nuove foglie apicali. I frutti risultano piccoli e insipidi, mentre le piante mostrano disseccamento dei rami e declino progressivo (B. Kirkpatrick, 1995) (Figura 18a).

In ciliegio (*P. avium*) il decorso dell'infezione varia in funzione del portinnesto e può essere molto grave, portando ad un declino rapido con morte in 1–3 anni, mentre, in portinnesti meno suscettibili, il declino è più lento, con sintomi iniziali localizzati seguiti da infezione sistemica: foglie piccole e rossastre, crescita apicale ridotta, frutti tardivi o deformi, peduncoli corti e polpa acquosa (B. Kirkpatrick, 1995; J. K. Uyemoto, 1989; J. Uyemoto & Kirkpatrick, 2011) (Figura 18b).

I sintomi tipici della presenza di '*Ca.* P. pruni' in vite (*V. vinifera*) associati alla sindrome *North American Grapevine Yellows* (NAGY) includono l'avvizzimento dei grappoli d'uva, la lignificazione o la maturazione non uniforme degli steli, l'arrotolamento verso il basso delle foglie, l'ingiallimento o la necrosi delle nervature fogliari, l'arrossamento delle foglie nelle varietà di uva rossa, il disseccamento degli steli, nelle cultivar sensibili e l'eventuale morte della pianta (Davis et al., 2015) (Figura 19).



Figura 18. Sintomi di infezione da '*Candidatus* Phytoplasma pruni' in pesco (*Prunus persica* L.): foglie arrotolate, nervature gonfie e ingiallimento (A); e in ciliegio: frutti piccoli con peduncoli accorciati, foglie piccole e disseccamento dell'albero (B) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

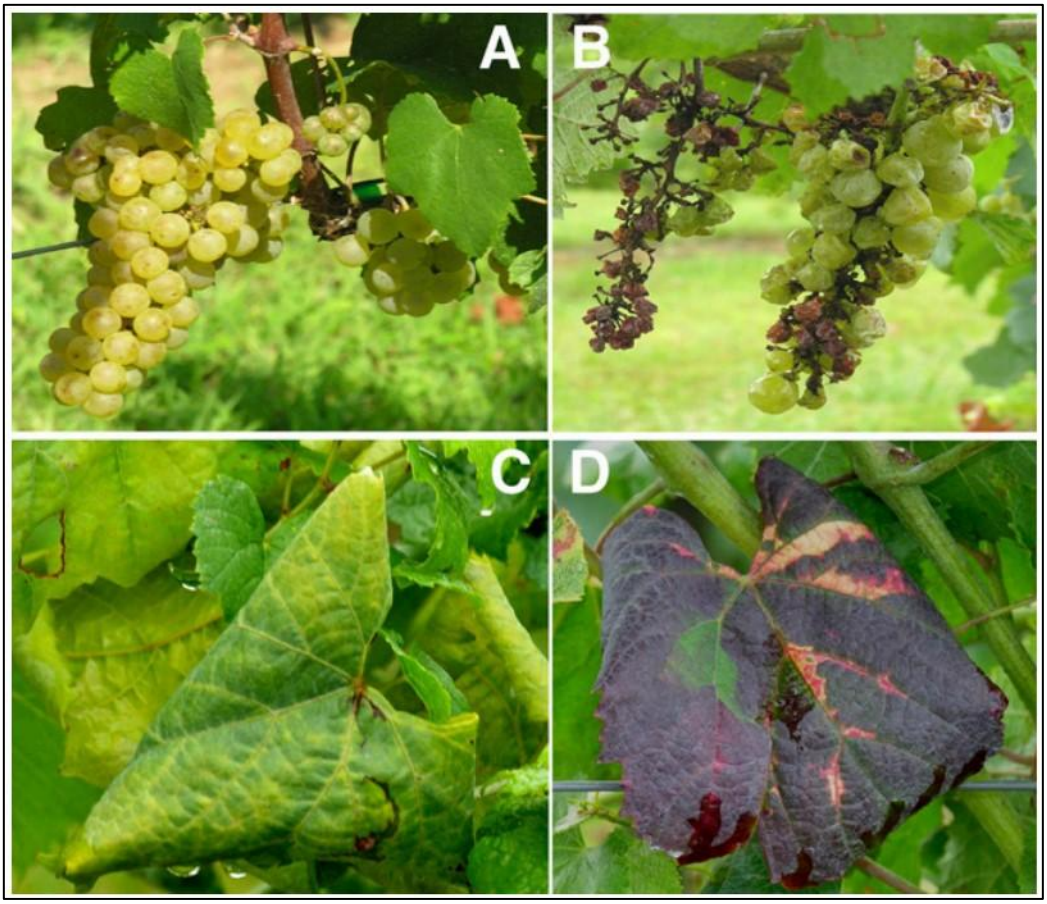


Figura 19. Sintomi da North American Grapevine Yellows (NAGY) provocata da infezioni di '*Candidatus* Phytoplasma pruni' in piante di vite (*Vitis vinifera* cv. Chardonnay): vite sana (A); grappoli portanti acini raggrinziti (B); giallume fogliare (C); rossore fogliare (D) (Davis et al., 2015).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

'*Ca*. P. pruni' è diffuso in natura da almeno 13 specie di cicaline polifaghe (Purcell, 1966; Rahardja et al., 1992; Rosenberger & Jones, 1977; J. Uyemoto & Kirkpatrick, 2011). Sebbene il pesco sia altamente suscettibile a questo fitoplasma, dal momento che è una specie poco efficiente per le acquisizioni da parte dei vettori delle cicaline, non è considerato un ospite rischioso (Purcell, 1966). Mentre per le altre specie questo meccanismo di trasmissione risulta efficace e quindi sono da considerarsi ospiti molto più rischiosi.

'*Ca.* P. pruni' può essere diagnosticato mediante l'uso di kit sierologici commerciali sia su materiale vegetale che negli insetti vettori (B. Kirkpatrick & Garrott, 1984; Sinha & Chiykowski, 1984). Mentre i metodi molecolari generici per la diagnosi dei fitoplasmi sono approfonditi nello Standard EPPO PM 7/133.

'*Candidatus* Phytoplasma pyri'

'*Candidatus* Phytoplasma pyri' (*Ca*. P. pyri), l'agente causale della malattia del *pear decline*, appartiene al subgruppo 16SrX, ceppo C (Seemüller & Schneider, 2004). Tale sindrome può essere più o meno grave in base alla varietà del portinnesto di pero (*Pyrus* spp.) considerata.

Distribuzione e gamma ospiti

Il '*Ca*. P. pyri' è stato segnalato per la prima volta in Nord America alla fine degli anni '40, ma attualmente è maggiormente diffuso in Europa che nel continente americano, si ritrova anche in Africa e Asia, anche se in minor misura (Seemüller & Schneider, 2004) (Figura 20). L'ospite principale è il pero (*Pyrus* spp.) (Seemüller et al., 1986), ma è stato identificato anche su cotogno (*Cydonia oblonga* L.), pesco (*P. persica*) (Sabaté et al., 2014), ciliegio (*P. avium*) (Cieślińska & Morgaś, 2011) e ribes nero (*Ribes nigrum* L.) (Navrátil et al., 2004).

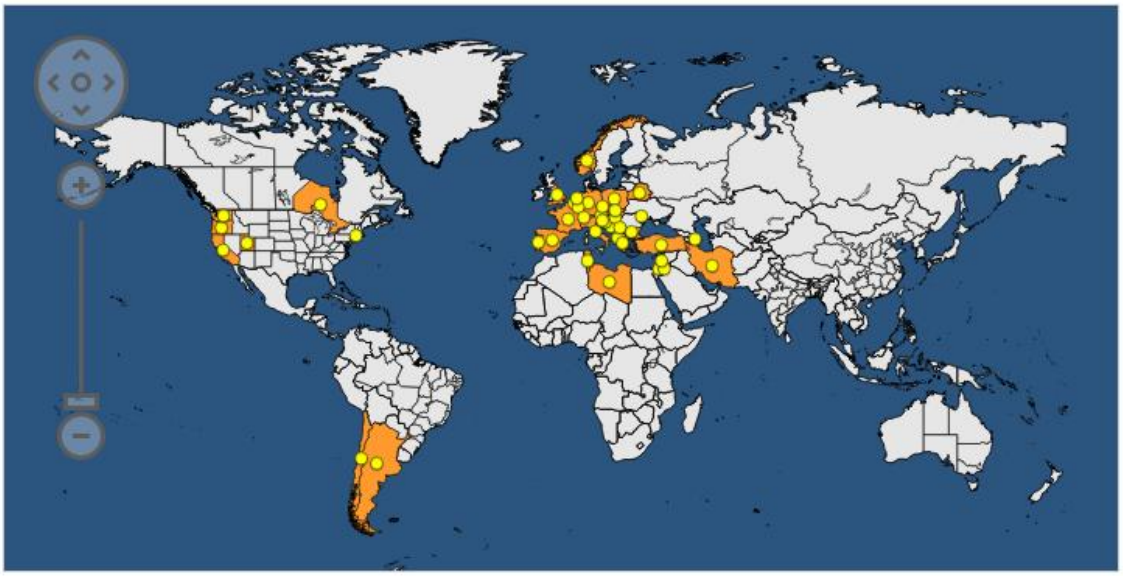


Figura 20. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma pyri' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Pyrus* L., *Prunus* L. and *Rubus* L.

In piante di pero (*Pyrus* spp.) il sintomo prevalente è il cosiddetto "*decline*", il quale può verificarsi in breve tempo (*quick decline*) o nel lungo periodo (*slow decline*), ma in generale si riconosce per un progressivo rallentamento della crescita di tutti gli organi della pianta, che può essere seguito da alcune bruciature e successiva senescenza anticipata delle foglie. Il modo in cui questo avviene è genotipo-dipendente, infatti alcuni portinnesti più tolleranti riescono a sopravvivere all'infezione, mentre altri deperiscono velocemente (Marcone et al., 2022) (Figura 21).

Nei *Prunus* spp. i sintomi della malattia includono arrossamento precoce e arricciamento delle foglie, declino, frutti anomali e in alcuni casi clorosi e morte delle piante colpite (Sabaté et al., 2014).

In *Rubus* spp. sintomi da infezione di '*Ca*. P. pyri' si riscontrano nei fiori ed includono colorazione intensa rossa o verde di sepali e petali, assenza di stami e alcune infiorescenze fertili accorciate (Navrátil et al., 2004).



Figura 21. Sintomi da *pear decline* provocata da infezioni di '*Candidatus* Phytoplasma pyri' in piante di pero (*Pyrus communis* L.): ingiallimento-arrossamento fogliare (A) e bruciature fogliari prima del distaccamento dal ramo (B) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Le principali fonti di inoculo per '*Ca*. P. pyri' sono gli insetti vettori infettivi ed il materiale di propagazione infetto. Finora, la capacità di trasmettere il patogeno è stata confermata per tre specie di psille che hanno capacità di spostamento molto elevate (Riedle-Bauer et al., 2022). Perciò è necessario monitorare attentamente gli scambi di materiale di propagazione, tenendo conto anche della presenza dei vettori e l'uso di portinnesti più tolleranti alla malattia.

In generale, diagnosi e identificazione di '*Ca*. P. pyri' è ottenuto mediante metodi molecolari (EPPO Standard PM 7/062).

'*Candidatus* Phytoplasma ziziphi'

'*Candidatus* Phytoplasma ziziphi' (*Ca*. P. ziziphi), appartenente al subgruppo 16SrV, ceppo B, è conosciuto principalmente per essere l'agente causale degli scopazzi del giuggiolo (*jujube witches'-broom disease*) (Jung et al., 2003). È stato identificato anche come responsabile di alcune fitopatie delle drupacee, come giallumi e sindromi da deperimento (Z. Li et al., 2014a; Paltrinieri et al., 2006).

Distribuzione e gamma ospiti

Segnalato per la prima volta in alberi di giuggiolo (*Ziziphus jujuba* Mill.) in Giappone (Jung et al., 2003), il '*Ca*. P. ziziphi' ha una distribuzione contenuta e limitata al continente asiatico. In Cina, oltre che sulla pianta di giuggiolo, è stato ritrovato anche in diverse piante erbacee, sia ornamentali che di interesse alimentare (es. amaranto, camelia, batata e cicoria), è stato individuato anche su fruttiferi, quali piante di melo (*Malus* spp.), cachi (*Diospyros kaki* L.f.), ciliegio (*Prunus avium* L.) e pesco (*P. persica* L.) (Gao et al., 2015; Q.-C. Li et al., 2022; Z. Li et al., 2014b; Z. -N. Li et al., 2014; Z.-N. Li et al., 2012; J. Wang et al., 2015; J. W. Wang et al., 2014; Yang et al., 2011). In India, '*Ca*. P. ziziphi' è stato rilevato in pesco (Khan et al., 2013), mentre in Corea del Sud, oltre che in piante di giuggiolo, in altre specie minori (Jung et al., 2012). È stato ritrovato occasionalmente anche in Italia su piante di pesco (Paltrinieri et al., 2006).

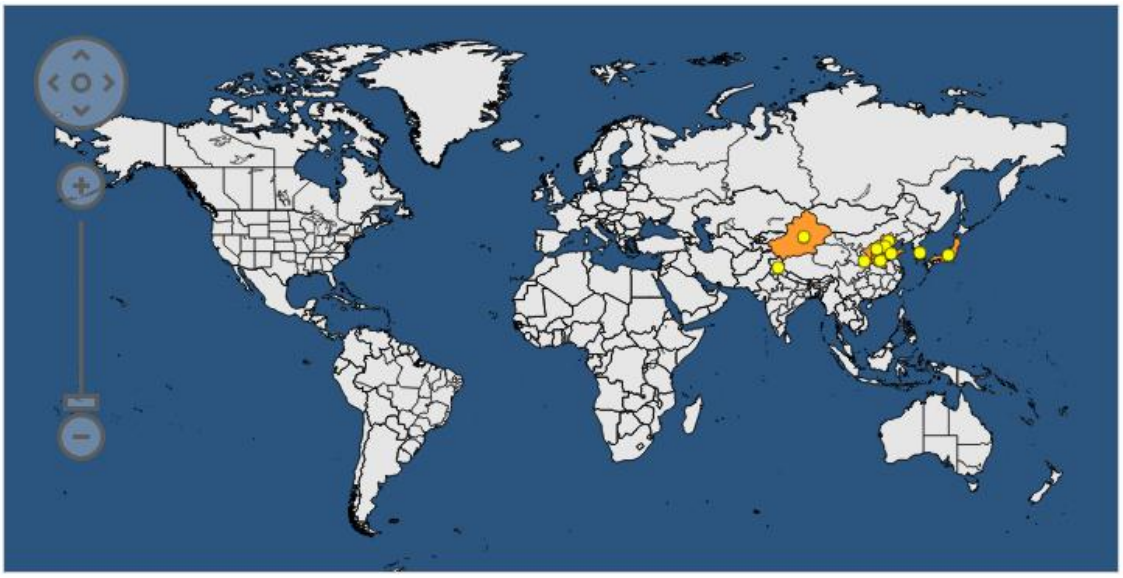


Figura 22. Distribuzione mondiale di '*Candidatus* Phytoplasma ziziphi' (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Malus* L. e *Prunus* L.

In melo (*Malus* spp.) sono stati osservati sintomi fogliari quali: sviluppo ridotto, margini ripiegati verso l'alto e giallume (Z. -N. Li et al., 2014) (Figura 23). Sintomi simili sono stati ritrovati in pesco: foglie affette da giallumi, arricciamento verso l'alto, necrosi e frutti piccoli e appassiti, oltre che un declino della crescita e disseccamento (Z. Li et al., 2014b) (Figura 24).

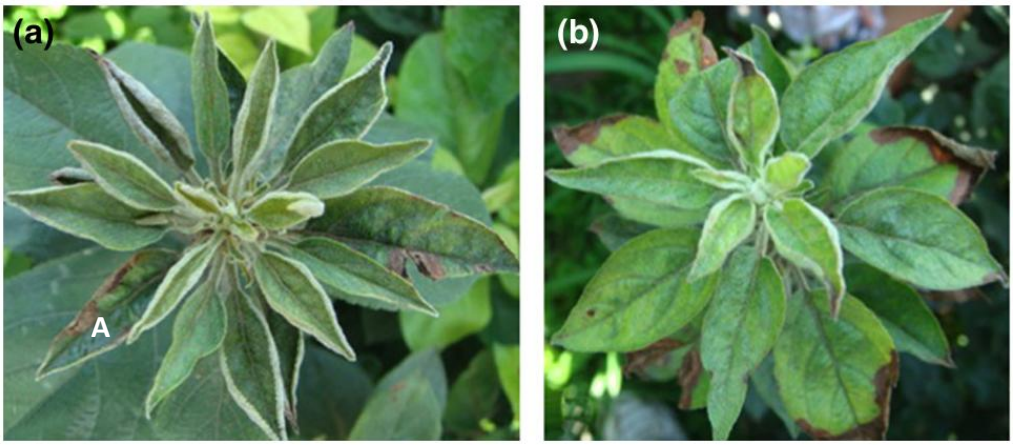


Figura 23. Foglie di melo (*Malus domestica* L.) infetto da '*Candidatus* Phytoplasma ziziphi' che mostrano sviluppo ridotto, margini ripiegati verso l'alto (A) e giallumi (B) (Z. Li et al., 2014b).



Figura 24. Sintomi su pesco (*Prunus persica* L.) infetti da '*Candidatus* Phytoplasma ziziphi': giallumi e disseccamento (A, B), frutti piccoli e appassiti (C) e foglie con punti necrotici (D) (Z. Li et al., 2014b).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Finora, la capacità di trasmettere '*Ca*. P. ziziphi' è stata accertata per due specie di cicaline (Liu et al., 2023). Per questo motivo è fondamentale sorvegliare attentamente gli scambi di materiale vivaistico, tenendo conto anche della presenza dei vettori nelle aree di produzione.

La diagnosi e l'identificazione del patogeno vengono generalmente condotte tramite metodi molecolari secondo le linee guida EPPO PM 7/133.

Cheravirus avii (Cherry rasp leaf virus, CRLV)

Cheravirus avii, noto come Cherry rasp leaf virus (CRLV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un membro della famiglia Secoviridae, genere Cheravirus, con un RNA bipartito a filamento singolo (Stace-Smith & Hansen, 1976). Il CRLV causa una malattia sistemica che colpisce diverse specie da frutto, provocando nanismo, morte dei rami, riduzione della resa e maggiore suscettibilità al freddo, soprattutto in pesco, ciliegio e melo (Luepschen et al., 1974; Nyland, 1876; Stace-Smith & Hansen, 1976).

Distribuzione e gamma ospiti

Il CRLV fu scoperto per la prima volta in piante di ciliegio (*P. avium* L.) in USA (Bodine & Newton, 1942), dove si estende in buona parte nella zona nord-ovest, colpendo specie vegetali diverse oltre il ciliegio, tra queste pesco (*P. persica* L.), melo (*M. domestica* L.), lampone (*Rubus idaeus* L.), patata (*S. tuberosum* L.), pomodoro (*Solanum lycopericum* L.) sono le più rilevanti (Hansen et al., 1974; Hansen & Parish, 1990; Stace-Smith & Hansen, 1976; Stace-Smith & Ramsdell, 1987). Successivamente il CRLV è stato rilevato in un frutteto asintomatico di ciliegio in Cina (Ma et al., 2014) (Figura 25).

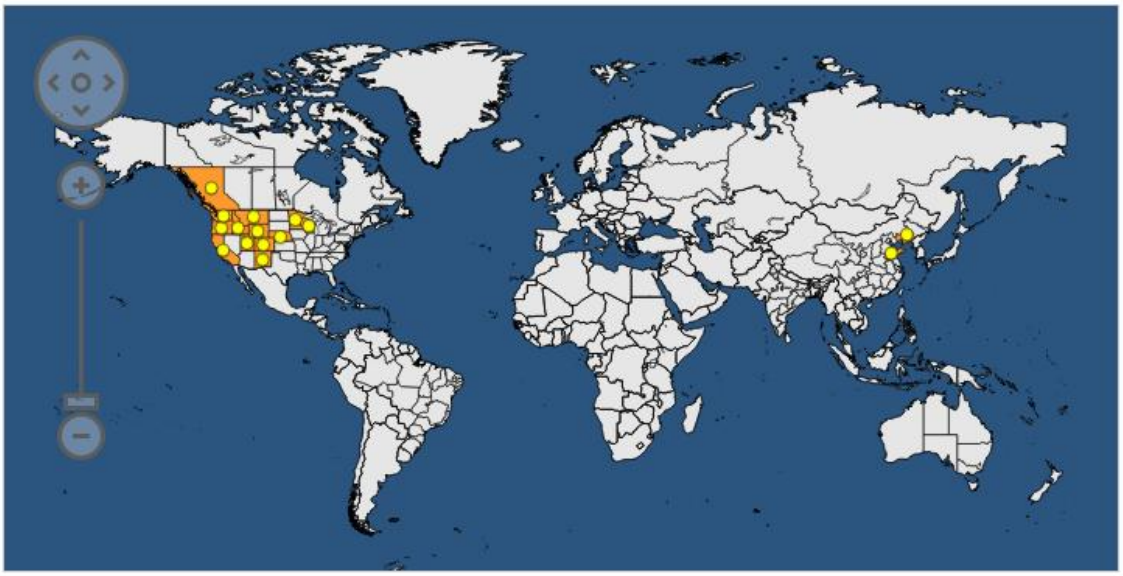


Figura 25. Distribuzione mondiale di *Cheravirus avii* (Cherry rasp leaf virus, CRLV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L., *Malus* L. e *Rubus* L.

Il ciliegio (*P. avium*) ed il pesco (*P. persica*) sono gli ospiti principali di questo virus che causa deformazione fogliare con internodi accorciati ed enazioni, che può anche portare ad un declino generale della pianta (Stace-Smith & Hansen, 1976) (Figura 26). In melo (*M. domestica*) il sintomo

fogliare consiste in un arrotolamento dei margini fogliari verso la nervatura centrale, che diventano piccoli, lunghi e stretti e appaiono secchi (Blodgett et al., 1963), i frutti risultano appiattiti lungo l'asse longitudinale; l'aspetto generale delle piante è simile a quello dello stress idrico o della siccità, anche se la gravità della reazione varia considerevolmente in base alla tolleranza delle specifiche cultivar (Hansen & Parish, 1990) (Figura 26). Infine, l'infezione di CRLV in lampone (*R. idaeus*) è asintomatica (A. T. Jones et al., 1985).



Figura 26. Sintomi da *Cheravirus avii*: foglie di ciliegio (*Prunus avium* L.) con evidente deformazione fogliare (sinistra) e frutti provenienti da piante di melo con appiattimento lungo l'asse longitudinale (destra) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Il CRLV si trasmette tramite nematodi vettori del genere *Xiphinema* spp. (D. Brown et al., 1994) e mediante innesto; la sua diffusione è locale e lenta, con sintomi che si propagano a macchia circolare nel frutteto, favoriti dalla presenza del virus in piante spontanee o infestanti (Hansen et al., 1974).

Sono disponibili kit sierologici commerciali e metodi molecolari pubblicati in letteratura per la diagnosi del CRLV (James, 2004; Ma et al., 2014; Osman et al., 2017), la cui diffusione è lenta, ma rappresenta comunque un rischio nei programmi di propagazione vivaistica, dove alcuni portinnesti e cultivar possono rimanere asintomatici.

Cherry rosette virus (CRV)

Il Cherry rosette virus (CRV) è una specie non-caratterizzata appartenente alla famiglia Secoviridae, genere Nepovirus. La malattia che causa è stata descritta in piante di ciliegio (*Prunus* spp.) che mostravano delle alterazioni dello sviluppo fogliare (rosetta) (Brown et al., 1994).

Distribuzione e gamma ospiti

Ad oggi, non ci sono segnalazioni confermate della sua presenza al di fuori della Svizzera, che rimane la prima ed unica area in cui la malattia virale è stata descritta (Figura 27); non sono stati individuati ospiti alternativi al di fuori del ciliegio (*P. avium*) (Brown et al., 1994)



Figura 27. Distribuzione mondiale di Cherry rosette virus (CRV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L.,

Le piante di ciliegio (*P. avium*) infette da CRV sviluppano strutture fogliari a "rosette", con accestimento di germogli corti, foglie palmate in ciuffi e crescita stentata (Brown et al., 1994). Non ci sono indicazioni di sintomi specifici su frutti o danni agronomici documentati.

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

L'unico vettore biologico accertato è il nematode *Longidorus arthensis* (Brown et al., 1994). CRV è stato trasmesso a piante sane tramite innesto o gemmazione, ma non tramite trasmissione meccanica, né tramite polline o seme nei dati disponibili (Evenhuis et al., 1959).

Non esistono dati quantitativi su riduzione della resa o qualità del frutto, né su mortalità delle piante. L'infezione sembra confinata e non diffusa in maniera significativa; inoltre, i danni

sembrano limitati alla crescita locale delle branche (rosette) senza impatti su scala agronomica o varietà commerciali ampie. Pertanto, il rischio fitosanitario è da considerarsi basso o nullo.

La diagnosi del virus è stata fatta unicamente sulla base dei sintomi sulle piante infette e attualmente non esistono metodi diagnostici per la rilevazione di tale virus.

Closterovirus fragariae (Strawberry chlorotic fleck-associated virus, SCFaV)

Il *Closterovirus fragariae*, conosciuto come Strawberry chlorotic fleck-associated virus (SCFaV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a singolo filamento positivo (ssRNA+) appartenente alla famiglia Closteroviridae, genere Closterovirus,. Il virus è stato identificato come agente della malattia "*chlorotic fleck*" della fragola (*Fragaria* spp.) (Tzanetakis & Martin, 2007).

Distribuzione e gamma ospiti

Il SCFaV presenta una distribuzione estremamente limitata all'area di iniziale identificazione su fragola (*Fragaria* spp.), ossia la California (USA) (Tzanetakis & Martin, 2007) nella quale il virus non risulta ampiamente diffuso nelle aree di produzione (Figura 28).

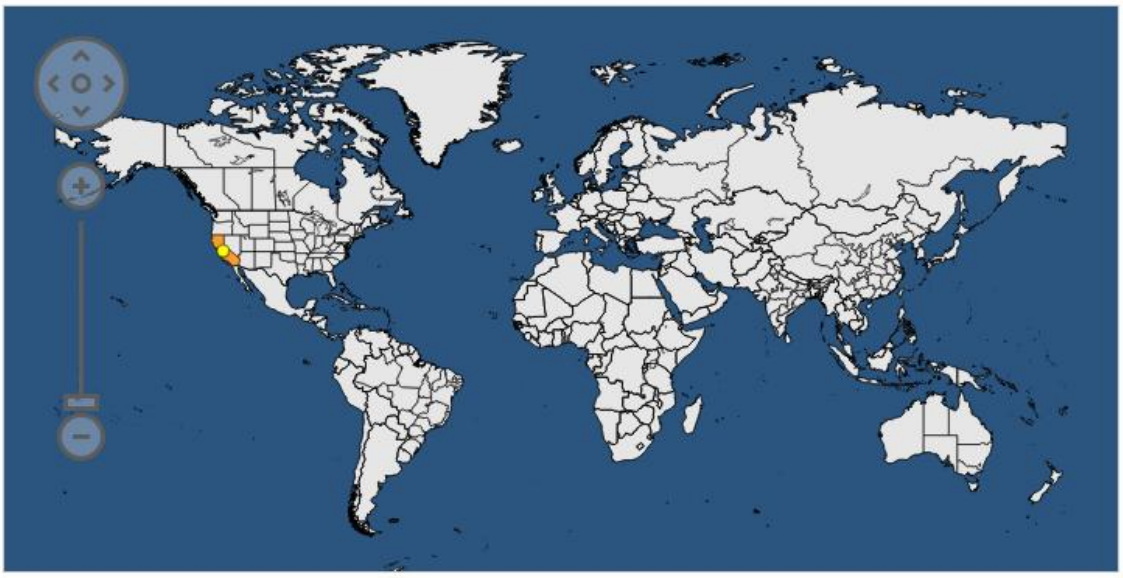


Figura 28. Distribuzione mondiale di *Closterovirus fragariae* (Strawberry chlorotic fleck-associated virus, SCFaV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Fragaria* L.,

I sintomi di SCFaV in *Fragaria* spp. sono riconducibili esclusivamente a macchie clorotiche presenti sulle foglie infette (Tzanetakis & Martin, 2007) (Figura 29).



Figura 29. Sintomi dell'infezione causata dal *Closterovirus fragariae* (Strawberry chlorotic fleck-associated virus, SCFaV) in *Fragaria* spp. evidenziati dalle punte delle frecce (Tzanetakis & Martin, 2007).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

SCFaV è trasmissibile per innesto, altre forme di trasmissione tramite materiale di propagazione infetto non sono state finora dimostrate (Tzanetakis & Martin, 2007).

Il primo e l'unico metodo di diagnosi rimane l'RT-PCR specifica sviluppata da Tzanetakis and Martin (2007).

La sua limitata diffusione nell'areale di iniziale rilevamento e la sua assenza nelle regioni EPPO, insieme alla mancanza di dati sul danno economico che provoca determinano il basso o nullo rischio fitosanitario e la bassa attenzione nel monitorare la diffusione di tale virus.

Grablovirus vitis (Grapevine red blotch virus, GBRV)

Il *Grablovirus vitis*, precedentemente conosciuto come Grapevine red blotch virus (GRBV), appartenente alla famiglia Geminiviridae, genere Grablovirus (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025), è un virus a DNA circolare a singola elica di circa 3,2 kb (Krenz et al., 2023) che colpisce le piante di vite coltivata (*V. vinifera*).

Distribuzione e gamma ospiti

Originariamente identificato negli Stati Uniti, successivamente è stato segnalato in molte nazioni del mondo, tra cui Argentina**,** Australia, e Corea del Sud (Krenz et al., 2023). In uno studio europeo, sei accessioni importate dagli USA sono risultate positive per GRBV in Francia, mentre in Svizzera il virus è stato rilevato solo in piante appartenenti a collezioni di conservazione, mai in viti commerciali (Reynard et al., 2022). È stata, inoltre, confermata la presenza sporadica di GRBV in una collezione di germoplasma nel nord Italia, ma sempre di provenienza statunitense (Bertazzon et al., 2021) (Figura 29).

La vite coltivata (*V. vinifera*) è l'ospite naturale e principale in cui la malattia può avere un impatto economico importante (Sudarshana et al., 2015).

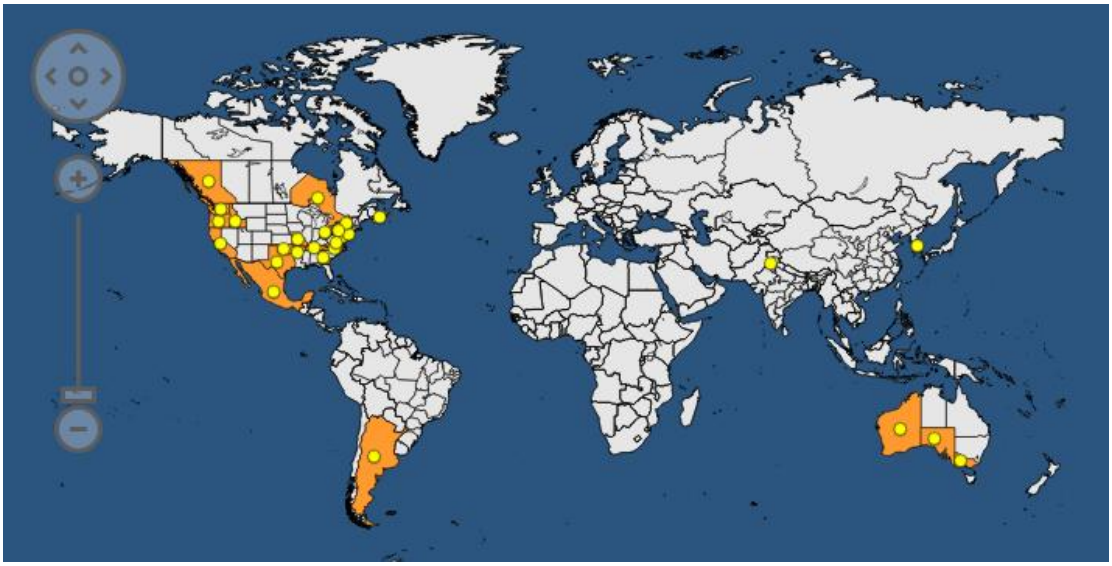


Figura 29. Distribuzione mondiale di *Grablovirus vitis* (Grapevine red blotch virus, GBRV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L.

In varietà di vite a bacca rossa, i sintomi includono chiazze rossastre irregolari sulle foglie, mentre nelle cultivar bianche si osservano macchie clorotiche o giallastre (Flasco et al., 2023). Il virus può alterare il metabolismo della maturazione dei frutti, causando ritardi nella maturazione e la

riduzione di zuccheri, antociani e tannini; allo stesso tempo si nota un aumento dell'acido shikimico e del resveratrolo (Krenz et al., 2023) (Figura 30).



Figura 30. Sintomi di infezione da *Grablovirus vitis* (Grapevine red blotch virus, GBRV) su foglie di vite (*Vitis vinifera* L. cv Pinot Noir) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Il cicadellide *Spissistilus festinus* è attualmente l'unico vettore confermato del virus, sebbene fenomeni di diffusione asintomatica nei vigneti suggeriscano che possano esserci anche altri vettori o meccanismi coinvolti (Hoyle et al., 2025). La trasmissione per innesto o materiale vegetativo infetto rimane comunque una delle principali vie di diffusione globale (Fuchs, 2020).

L'approccio standard per il rilevamento di GRBV è la PCR convenzionale (Krenz et al., 2023) o real-time PCR (Reynard et al., 2022) in cui l'uso di primers specifici rende altamente affidabili i risultati che si ottengono dai relativi test. Sono state sviluppate anche metodologie isoterme, come LAMP, per rilevazioni rapide sul campo (Romero Romero et al., 2019).

GRBV è stato rilevato in alcune collezioni viticole europee, ma attualmente non risulta diffuso a livello commerciale (Bertazzon et al., 2021; Reynard et al., 2022). Tuttavia, considerando le significative perdite economiche associate all'infezione in contesti nordamericani e il rilevante valore economico della coltivazione della vite in Europa, è opportuno monitorarne attentamente la presenza nei vitigni europei, in quanto il rischio fitosanitario associato a questo virus deve essere considerato alto.

Ilarvirus APLPV (American plum line pattern virus, APLPV)

Ilarvirus APLPV, conosciuto come American plum line pattern virus (APLPV), appartiene alla famiglia Bromoviridae, genere Ilarvirus (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025). Presenta un genoma a RNA a singolo filamento a polarità positiva tripartito (Kinoti et al., 2017).

I principali ospiti appartengono al genere *Prunus* spp., in cui il virus può causare danni di diversa gravità in funzione della sensibilità varietale. La distribuzione è ampia ma discontinua a livello mondiale, e l'impatto economico risulta complessivamente limitato.

Distribuzione e gamma ospiti

La distribuzione è diffusa, ma limitata: è stato segnalato in Stati Uniti, Canada, Argentina, Giappone, Nuova Zelanda e sporadicamente in alcuni paesi europei, tra cui l'Italia (Figura 31). La situazione europea merita un approfondimento, in quanto sono stati effettuati diversi monitoraggi durante gli anni e finora è stato rilevato in Italia durante lo sviluppo di un test da campo basato su LAMP (Matić & Myrta, 2024); nei Paesi Bassi, nel quale è in fase di eradicazione a partire dal 2023 (NPPO of the Netherlands, 2024); e in Albania, ma si tratta di una segnalazione sporadica nel 2002, senza ulteriori documentazioni successive (Myrta et al., 2002). Comunicazioni personali riportano una presenza diffusa del virus su *Prunus* spontanee o ornamentali in forma latente nei Paesi Bassi.

Il virus presenta una gamma ospiti ristretta, concentrata nel genere *Prunus* spp. Sono stati riportati come suscettibili il susino giapponese (*Prunus salicina*), il ciliegio giapponese (*P. serrulata*) e il pesco (*P. persica*) (Fulton, 1984).

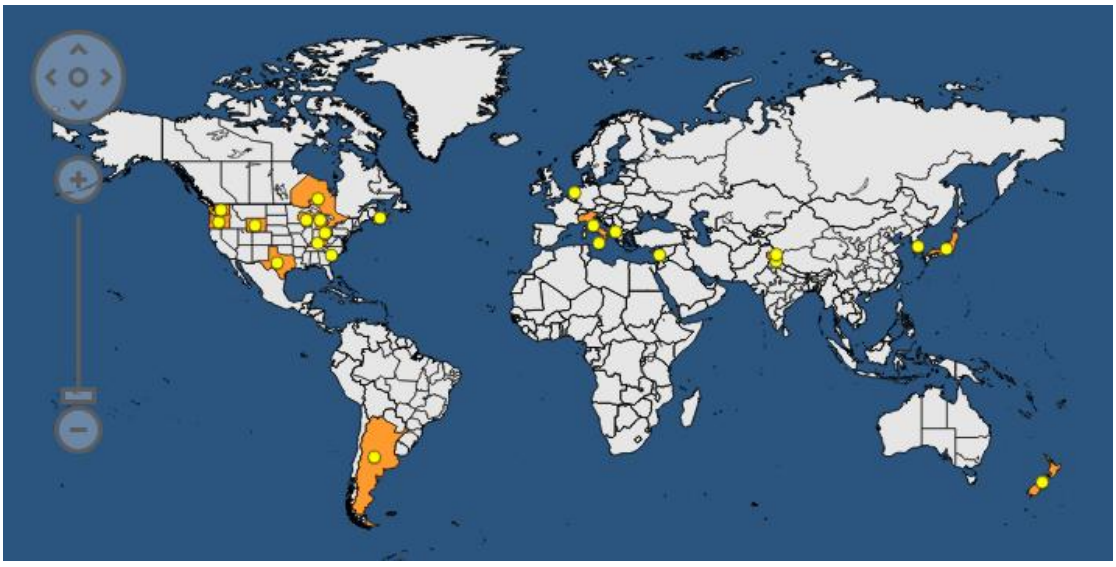


Figura 31. Distribuzione mondiale di *Ilarvirus APLPV* (American plum line pattern virus, APLPV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025)

Sintomi in *Prunus* L.

Sintomi tipici sono linee clorotiche, bande o disegni a mosaico ("*line pattern*") sulle foglie, spesso accompagnati da anelli o macchie simili a quelle di altri ilarvirus (Figura 32). In alcune cultivar si osservano deformazioni fogliari e riduzione della vigoria. Tuttavia, le infezioni possono variare da sintomatiche a latenti (H. C. Kirkpatrick et al., 1964; Paulsen & Fulton, 1968).



Figura 32. Mosaici clorotici su foglie di susino giapponese (*Prunus salicina* L.), causate dall'infezione da *Ilarvirus APLPV* (American plum line pattern virus, APLPV*)* (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

APLPV non presenta vettori biologici e la sua diffusione è causata esclusivamente dall'uso di materiale di propagazione infetto, perciò il suo monitoraggio è cruciale soprattutto nei movimenti internazionali di materiale vivaistico di *Prunus* spp. (Pallas et al., 2012).

Tradizionalmente, la diagnosi si basava su saggi biologici mediante inoculazione su indicatori sensibili di drupacee o su piante erbacee indicatrici, ma questi approcci sono lenti e poco pratici. Le metodiche sierologiche (ELISA) riportate in letteratura (Al Rwahnih et al., 2004) risultano essere affidabili e rapide, oltre al fatto che richiedono attrezzature relativamente semplici; tuttavia, i kit ELISA disponibili in commercio hanno mostrato qualche reazione al tessuto vegetale sano per APLPV (EPPO PM 7/67). Negli ultimi anni, la diagnosi si è concentrata su approcci molecolari: la RT-PCR mirata a regioni conservate del genoma è stata utilizzata con successo in studi di caratterizzazione (D.-S. Lee et al., 2022; Sánchez-Navarro et al., 2005; Scott & Zimmerman, 2001). Ancora più recentemente, è stato sviluppato un saggio LAMP, che consente il rilevamento rapido e sensibile del virus direttamente da estratti vegetali crudi, senza la necessità di attrezzature di laboratorio avanzate (Matić & Myrta, 2024). In generale vista la sua diffusione e il basso impatto economico causato dalla malattia che induce, il rischio fitosanitario associato alla presenza di APLPV è da considerarsi basso.

Ilarvirus ApNMV (Apple necrotic mosaic virus, ApNMV)

Ilarvirus ApNMV (Apple necrotic mosaic virus, ApNMV) è un virus appartenente alla famiglia Bromoviridae, genere Ilarvirus (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) che infetta piante di melo (M*. domestica*). Il genoma di ApNMV è tri-segmentato, costituito quindi da tre RNA a singolo filamento a polarità positiva (ssRNA+) (Noda et al., 2017).

L'infezione da ApNMV può determinare un impatto economico rilevante, in particolare nei principali areali asiatici di produzione del melo. Il virus è tuttavia considerato potenzialmente a rischio anche per i programmi vivaistici europei, qualora venisse introdotto accidentalmente.

Distribuzione e gamma ospiti

ApNMV è stato identificato per la prima volta su piante di melo (M*. domestica*) provenienti da Cina e Giappone che mostravano sintomi di mosaico fogliare e necrosi, inizialmente attribuiti ad apple mosaic virus (ApMV) (Noda et al., 2017). Successivamente, il virus è stato rilevato anche in meleti in Corea del Sud (Cho et al., 2017) e India (Nabi et al., 2020), in molti casi in co-infezione con ApMV o ASPV. Non ci sono segnalazioni confermate in Europa (EPPO Global Database, ultimo accesso ottobre 2025) (Figura 33) e il melo risulta ancora essere l'unico ospite naturale accertato.

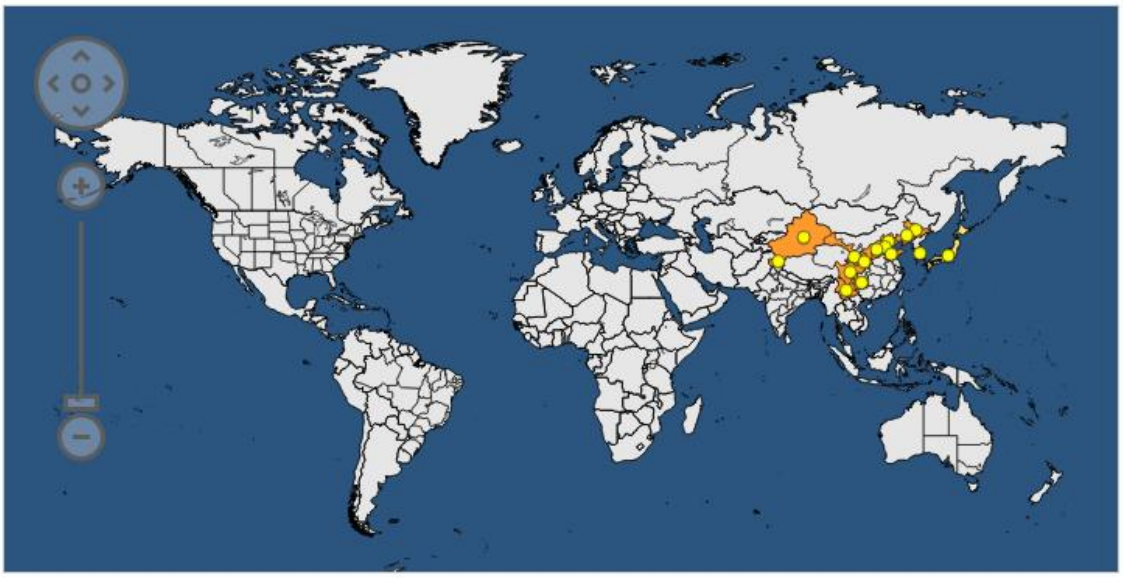


Figura 33. Distribuzione mondiale di *Ilarvirus ApNMV* (Apple necrotic mosaic virus, ApNMV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Malus* L.

In melo, ApNMV causa mosaicature fogliari, necrosi internervale (Figura 34) e in alcuni casi mummificazione o deformazione dei frutti. I sintomi si manifestano soprattutto in primavera,

attenuandosi con l'aumento delle temperature estive, anche se in alcuni casi può rimanere latente (Noda et al., 2017).



Figura 34. Mosaicatura fogliare causata dall'infezione di *Ilarvirus ApNMV* (Apple necrotic mosaic virus, ApNMV) su melo (*Malus domestica* L.) (Noda et al., 2017).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Come altri ilarvirus, ApNMV non ha vettori biologici noti. La trasmissione avviene principalmente attraverso innesto e materiale di propagazione vegetativa infetto. Non è stata dimostrata trasmissione per seme né tramite polline (Nabi et al., 2024).

I sintomi di ApNMV sono spesso indistinguibili da quelli di ApMV, rendendo necessario l'uso di test diagnostici specifici. Non esistono al momento kit sierologici o protocolli molecolari specifici per ApNMV; il sequenziamento rappresenta quindi l'unico metodo affidabile di identificazione, grazie al quale il virus è stato inizialmente distinto dagli altri ilarvirus del melo (Noda et al., 2017). Il rischio fitosanitario associato a questo virus è comparabile a quello dell'ApMV, considerato un ORNQ in UE.

Ilarvirus SNSV (Strawberry necrotic shock virus, SNSV)

L'*Ilarvirus SNSV*, conosciuto come Strawberry necrotic shock virus (SNSV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a singolo filamento di polarità positiva (ssRNA+) tripartito appartenente alla famiglia Bromoviridae, genere Ilarvirus, famiglia Bromoviridae. Prima del 2004 questo virus era considerato un ceppo del Tobacco streak virus (TSV), un altro ilarvirus che sviluppa sintomi simili e infetta *Fragaria* spp. e *Rubus* spp. (Tzanetakis et al., 2004).

Distribuzione e gamma ospiti

SNSV è stato identificato inizialmente in Nord America (USA e Canada) in piante di *Fragaria* spp. e *Rubus* spp. (Tzanetakis et al., 2004) e successivamente in Cina (L. Li & Yang, 2011), Filippine (Pinon & Martin, 2018) ed Australia (Sharman et al., 2011) (Figura 35).

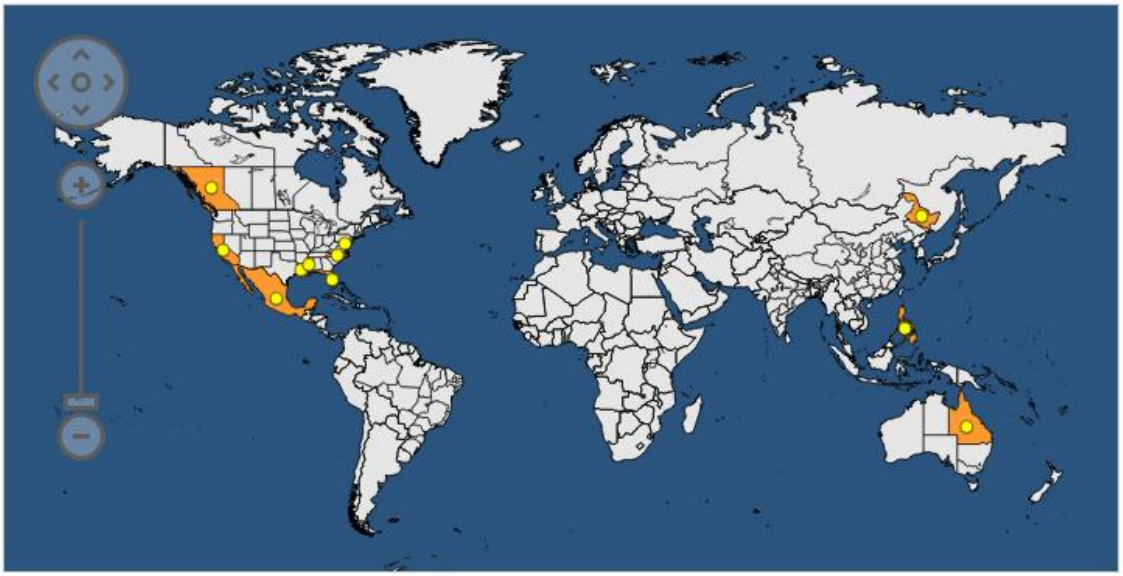


Figura 35. Distribuzione mondiale di *Ilarvirus SNSV* (Strawberry necrotic shock virus, SNSV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Fragaria* L. e *Rubus* L.

Sintomi tipici di infezione da SNSV in *Fragaria* spp. (Pinon & Martin, 2018) e *Rubus* spp. (Frazier, 1966) sono ritardo della crescita e clorosi fogliare.

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Come altri ilarvirus, si ipotizza che SNSV sia trasmesso tramite polline, seme e vettori biologici, quali tripidi (Sdoodee & Teakle, 1993), ma l'unico metodo testato come efficace è tramite innesto o inoculazione meccanica (L. Li & Yang, 2011; Pinon & Martin, 2018).

Test sierologici e molecolari sono disponibili in letteratura per la diagnosi di SNSV (Untiveros et al., 2010).

La presenza di SNSV nelle regioni EPPO è da tenere sotto controllo data la diffusa (seppur contenuta) presenza di questo virus nel mondo. Probabilmente però il virus è già presente nell'area UE ma la sua identificazione è stata confusa con quella di TSV. Per tale motivo il rischio fitosanitario associato in fragola a questo virus è comparabile con quello di TSV, organismo non regolamentato.

Nepovirus myrtilli (Blueberry leaf mottle virus, BLMoV)

Il *Nepovirus myrtilli*, conosciuto come Blueberry leaf mottle virus (BLMoV), appartiene alla famiglia Secoviridae, genere Nepovirus (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025). Il genoma è costituito da due segmenti di RNA a filamento singolo a polarità positiva (ssRNA +), tipico dei nepovirus (D. Ramsdell & Stace-Smith, 1983).

Il virus provoca una malattia economicamente importante nel mirtillo rosso (*Vaccinium* spp.) (Childress & Ramsdel, 1986).

Distribuzione e gamma ospiti

Originariamente identificato nel Michigan (USA) su mirtillo gigante americano (*Vaccinium corymbosum* L.) (Sandoval et al., 1995), è stato segnalato anche in altre regioni degli USA, Canada e Turchia (Caglayan et al., 2025; Jaswall, 1990; Martin & Tzanetakis, 2018). Un ceppo specifico (BLMoV-NY) (inizialmente chiamato Grapevine Bulgarian latent nepovirus) è stato trovato anche su vite americana (*V. labrusca*) e coltivata (*V. vinifera*) in USA (J. K. Uyemoto et al., 1977) e Corea del Sud (Kwak et al., 2016) e, più recentemente, è stata presentata una segnalazione del BLMoV su due accessioni di vite in Francia (NPPO of France 2025-06), per cui sono state immediatamente avviate le procedure di eradicazione (Figura 36).

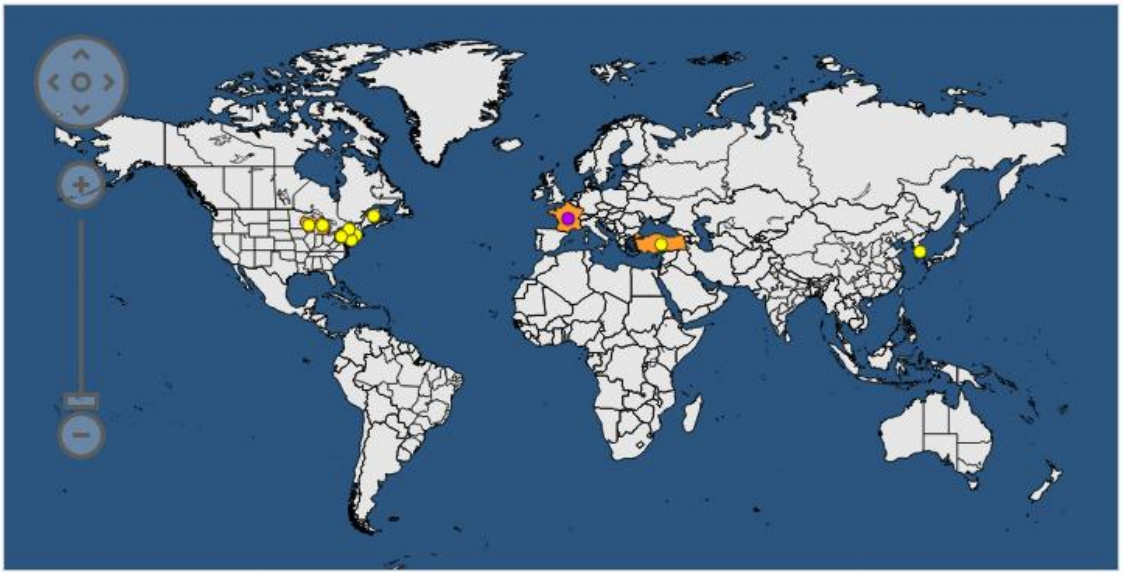


Figura 36. Distribuzione mondiale di *Nepovirus myrtilli* (Blueberry leaf mottle virus, BLMoV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L.

Il ceppo BLMoV-NY provoca malformazioni fogliari e accorciamento degli internodi nella vite americana e ingiallimento e screziature delle foglie nella vite coltivata (Kwak et al., 2016).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

BLMoV è trasmesso tramite polline e in minor misura tramite seme nelle piante di mirtillo (Childress & Ramsdell, 1986), mentre in vite non è ancora noto il meccanismo di trasmissione (Kwak et al., 2016).

BLMoV può essere diagnosticato mediante l'uso di kit sierologici commerciali (Martin & Tzanetakis, 2018) o RT-PCR (Kwak et al., 2016).

Ad oggi, non sono stati riportati danni economici in piante di vite, data anche la sua scarsa diffusione in questa specie, perciò, attualmente, il monitoraggio di BLMoV nella regione UE non è condotto in modo sistematico ed il rischio fitosanitario ad esso associato è da considerarsi basso.

Nepovirus persicae (Peach rosette mosaic virus, PRMV)

Nepovirus persicae (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025), noto come Peach rosette mosaic virus (PRMV), appartiene alla famiglia Secoviridae, genere Nepovirus (Dias & Cation, 1976).

Distribuzione e gamma ospiti

Il PRMV è uno dei nepovirus nordamericani che colpiscono la vite coltivata (*V. vinifera*) e altre specie spontanee del genere *Vitis* spp. (D. C. Ramsdell, 1995; D. C. Ramsdell & Gillet, 1998).

Il PRMV è inoltre un importante agente patogeno del pesco (*P. persica*) (Martelli & Uyemoto, 2011; D. C. Ramsdell & Gillet, 1998), del susino europeo (*P. domestica*), del susino giapponese (*P. salicina*) (Klos et al., 1967; Nemeth, 1986) ed il mandorlo (*P. dulcis*) (Azerý & Çýçek, 1997). È inoltre stato ritrovato in altre specie non coltivate, come *Rumex crispus*, *Solanum carolinense* and *Taraxacum officinale* (D. Ramsdell & Myers, 1968). È stato identificato solo in pochi paesi al di fuori del Nord America, ad esempio su mandorlo in Turchia (Azerý & Çýçek, 1997) e su pesco in Egitto (Kheder et al., 2004) (Figura 37).

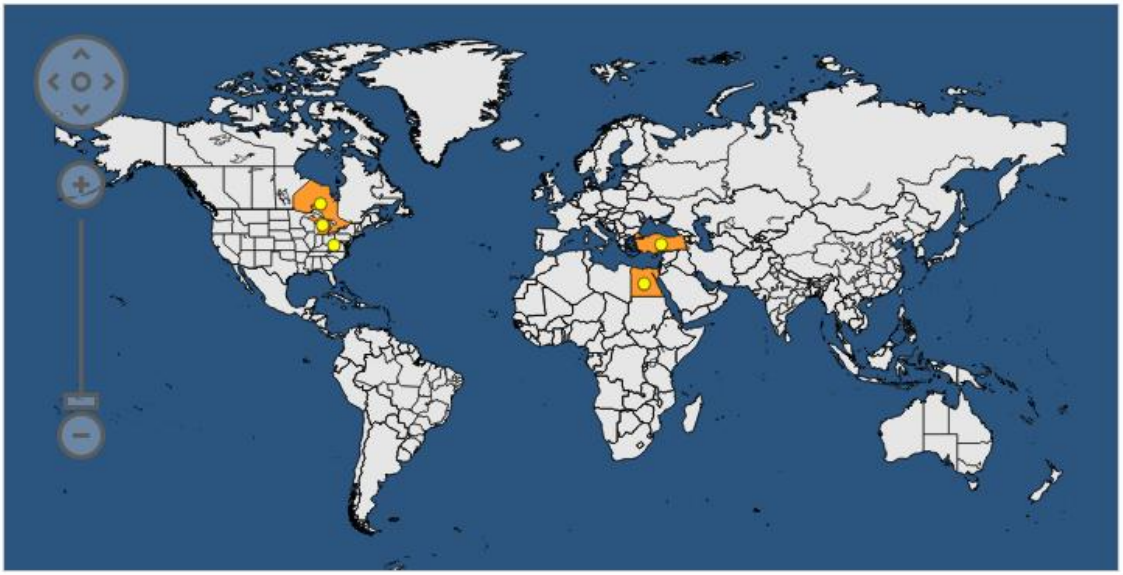


Figura 37. Distribuzione mondiale di *Nepovirus persicae* (Peach rosette mosaic virus, PRMV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L. e *Vitis* L.

Su pesco e altre drupacee, il virus provoca un ritardo nella fioritura, l'accorciamento degli internodi, la deformazione fogliare e il mosaico clorotico nelle foglie giovani (Martelli & Uyemoto, 2011). In vite, in particolare su vite americana (*V. labrusca*), si osservano ritardo nella ripresa vegetativa, fioritura irregolare, grappoli mal formati, deformazione delle foglie, crescita

accorciata e contorta, infine, le piante possono diventare improduttive e anche morire (D. C. Ramsdell & Gillet, 1998) (Figura 38).



Figura 38. Sintomi di infezione da *Nepovirus persicae* (Peach rosette mosaic virus, PRMV) su pesco (*P. persica* L.) (sinistra) e vite americana (*V. labrusca* L.) (destra) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

PRMV viene trasmesso da nematodi del gruppo *Xiphinema americanum* (*sensu lato*), *X. rivesi* e *Longidorus diadecturus* (D. C. Ramsdell & Gillet, 1998).

Dato il rischio di introduzione potenzialmente alto e la dannosità dell'infezione è oggetto degli Standard per le procedure d'ispezione dei luoghi di produzione di *Prunus* spp. (EPPO, PM 3/76, 2021) e *Vitis* L. (EPPO, PM 3/86, 2018).

Raspberry latent virus (RpLV)

Raspberry latent virus (RpLV) è un virus a doppia elica di DNA appartenente alla famiglia Reoviridae, ordine Reovirales, che in infezione singola non provoca sintomi evidenti sulle piante di lampone (*Rubus idaeus* L.), da cui deriva il nome "*latent*" (Quito & Martin, 2012).

Distribuzione e gamma ospiti

RpLV è stato identificato nelle principali aree di coltivazione del lampone (*R. idaeus* L.) in Stati Uniti e Canada (Quito & Martin, 2012), mentre nel continente europeo, in particolare in Serbia, il suo ritrovamento è abbastanza recente e interessa sempre piante di lampone (Jevremović & Paunović, 2021) (Figura 39).

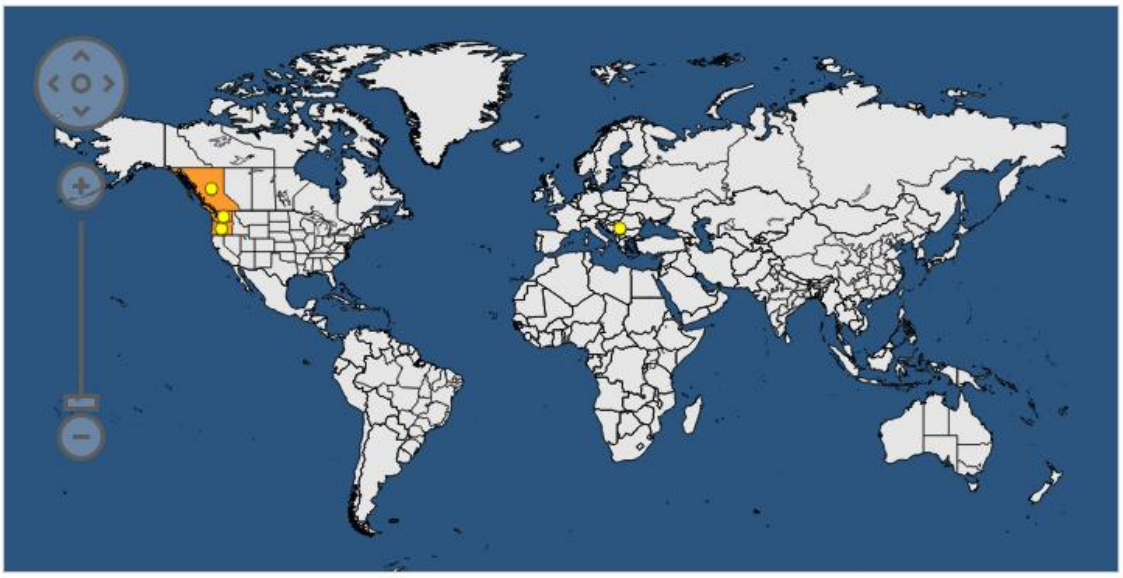


Figura 39. Distribuzione mondiale di Raspberry latent virus (RpLV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Rubus* L.

L'infezione singola di RpLV in lampone (*R. idaeus*) non provoca sintomi evidenti, tuttavia, in presenza di infezioni miste con altri virus (es. Raspberry bushy dwarf virus, Raspberry leaf mottle virus), può contribuire a manifestazioni come il "*crumbly fruit*" (frutti che si disfano facilmente al raccolto) assieme a sintomi fogliari come ingiallimento o mosaico (Quito & Martin, 2012).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

RpLV è trasmesso per via persistente-propagativa da afidi del lampone (*Amphorophora agathonica*) sebbene con efficienza limitata (Tan et al., 2022).

La diagnosi del RpLV è affidata a tecniche molecolari sviluppate per la sua inziale identificazione (Quito & Martin, 2012).

RpLV è un virus emergente e attenzionato per la presenza di vettori biologici e per la capacità di causare danno quando associato ad altri virus del lampone.

Robigovirus robigomaculae (Cherry rusty mottle associated virus, CRMaV)

Il *Robigovirus robigomaculae*, conosciuto come Cherry rusty mottle associated virus (CRMaV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a filamento singolo a senso positivo con un genoma monopartito (D. V. Villamor et al., 2013), appartenente alla famiglia Betaflexiviridae, genere Robigovirus. Il virus provoca alterazioni sullo sviluppo delle piante di ciliegio (*P. avium*) che può portare a rese minori nella produzione (Wadley & Nyland, 1976).

Distribuzione e gamma ospiti

Ad oggi CRMaV è stato segnalato solo nel Nord America, in Canada e in diversi stati della costa occidentale e solo una volta sulla costa orientale statunitense (Mink, 1995; Reinhold & Pscheidt, 2023; D. E. V. Villamor et al., 2014). Non sono state riportate ulteriori segnalazioni del virus in altre aree geografiche, né in specie vegetali diverse dal suo unico ospite naturale, il ciliegio (*P. avium*) (Figura 40).



Figura 40. Distribuzione mondiale di *Robigovirus robigomaculae* (Cherry rusty mottle associated virus, CRMaV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L.,

In ciliegio (*P. avium*) l'infezione da CRMaV provoca mosaicature giallo-verdi sulle foglie basali dopo la fioritura, seguite da ingiallimenti intensi, rossori tardivi e caduta precoce delle foglie. Le piante gravemente colpite mostrano senescenza anticipata, frutti piccoli, insipidi e a maturazione ritardata, declino e disseccamento dei rami; nelle forme lievi, si osserva bronzatura fogliare con

caduta normale delle foglie (Rott & Jelkmann, 2011; D. E. V. Villamor & Eastwell, 2013) (Figura 41).

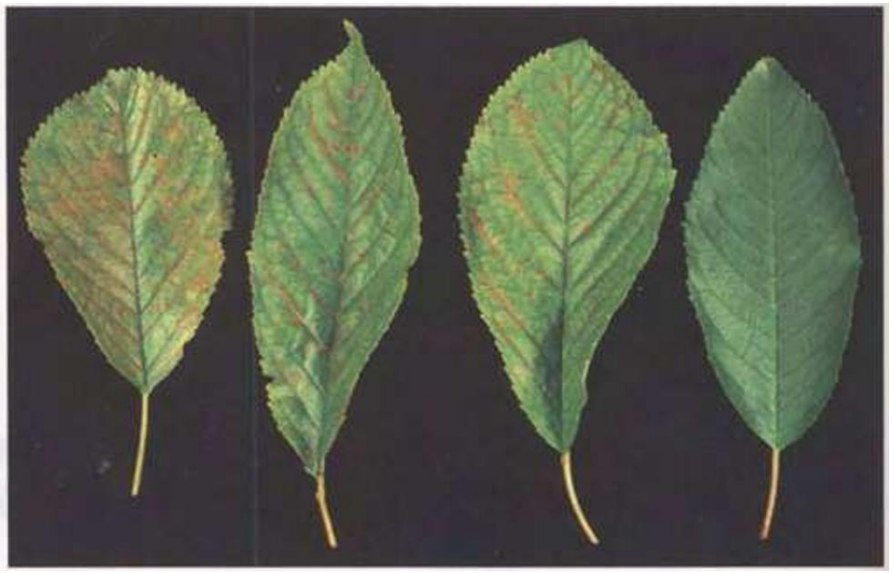


Figura 41. Foglie di ciliegio (Prunus avium L.) infette da *Robigovirus robigomaculae* (Cherry rusty mottle associated virus, CRMaV) che mostrano macchie di ruggine lungo le venature clorotiche a confronto con una foglia campionata da una pianta sana (ultima a destra) (Rott & Jelkmann, 2011).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Il CRMaV si trasmette tramite innesto e altre tecniche di propagazione vegetativa. Non ha un vettore noto e non è noto che venga trasmesso dai semi o dal polline (Rott & Jelkmann, 2011). La strategia di controllo più efficiente è lo sviluppo e l'uso di materiale di propagazione sano, come descritto nello schema di certificazione EPPO Standard PM 4/29 per il ciliegio.

Non ci sono test sierologici disponibili in commercio che possano essere utilizzati per il rilevamento del CRMaV; mentre, sono stati sviluppati test molecolari specifici per la sua rilevazione (Villamor & Eastwell, 2013), oltre all'uso di tecniche basate su HTS. Il rischio fitosanitario associato a questo virus è da ritenersi basso e legato solo al vivaismo.

Robigovirus tortifoliae (Cherry twisted leaf associated virus, CTLaV)

Il *Robigovirus tortifoliae*, conosciuto come Cherry twisted leaf associated virus (CTLaV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a singolo filamento positivo appartenente alla famiglia Betaflexiviridae, genere Robigovirus. Gli alberi di ciliegio (*P. avium*) affetti da CTLaV mostrano riduzione di vigore, portando ad una resa minore insieme ad un peggioramento della qualità del frutto (Villamor & Eastwell, 2013).

Distribuzione e gamma ospiti

Segnalato esclusivamente in Nord America occidentale (Figura 42) su piante di ciliegio (*P. avium*) affetti dalla malattia del "*twisted leaf*" (Villamor & Eastwell, 2013). Attualmente non risultano segnalazioni verificate al di fuori di questa regione e su altre specie vegetali.

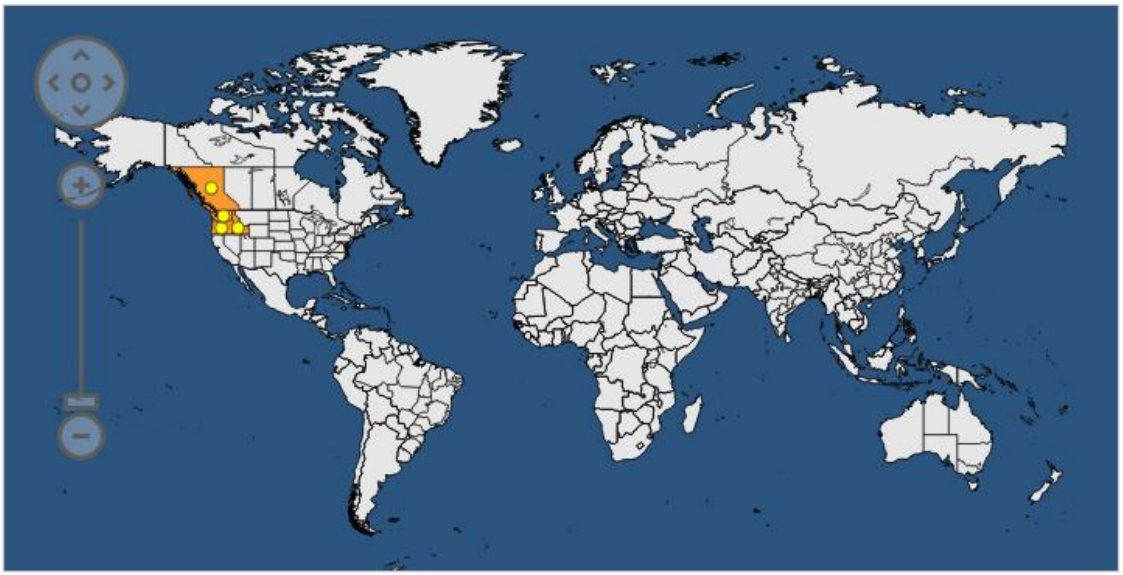


Figura 42. Distribuzione mondiale di *Robigovirus tortifoliae* (Cherry twisted leaf associated virus, CTLaV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L.,

I sintomi della malattia provocata da CTLaV in ciliegio (*P. avium*) consistono in foglie deformate con torsione verso il basso o lateralmente, rimanendo piccole e asimmetriche, si formano sezioni necrotiche lungo il picciolo e le vene principali, anche i germogli risultano accorciati e disposti in grappoli stretti (Figura 43). I sintomi peggiorano con la maggiore età dell'albero, in particolare su cultivar sensibili (Villamor & Eastwell, 2013).



Figura 43. Pianta di ciliegio (*P. avium* L.) infetta da *Robigovirus tortifoliae* (Cherry twisted leaf associated virus, CTLaV) che mostra torsione delle foglie e degli apici fogliari (Villamor & Eastwell, 2013).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Non sono noti vettori biologici in grado di trasmettere CTLaV; la trasmissione avviene tramite innesto o propaggine vegetativa, tipicamente in contesti di moltiplicazione vegetativa degli alberi. In tali contesti, il monitoraggio della diffusione del virus si affida unicamente all'uso di tecniche diagnostiche molecolari specifiche per la rilevazione di sequenze geniche del CTLaV (James et al., 2014). Il rischio fitosanitario associato al virus è da ritenersi basso o nullo.

Temfrudevirus temperatum (Temperate fruit decay-associated virus, TFDaV)

Il *Temfrudevirus temperatum*, conosciuto come Temperate fruit decay-associated virus (TFDaV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus circolare e monopartito con DNA a singolo filamento appartenente alla famiglia Temfrudevirus, genere Temfrudevirus (Basso et al., 2015).

Distribuzione e gamma ospiti

Il TFDaV è stato identificato in frutteti di pomacee, in particolare melo (*M. domestica*) e pero (*P. communis*), e vigneti nel sud del Brasile (Basso et al., 2015) (Figura 44). Non vi sono ulteriori ritrovamenti di questo virus in altre zone del mondo o in altri ospiti vegetali.

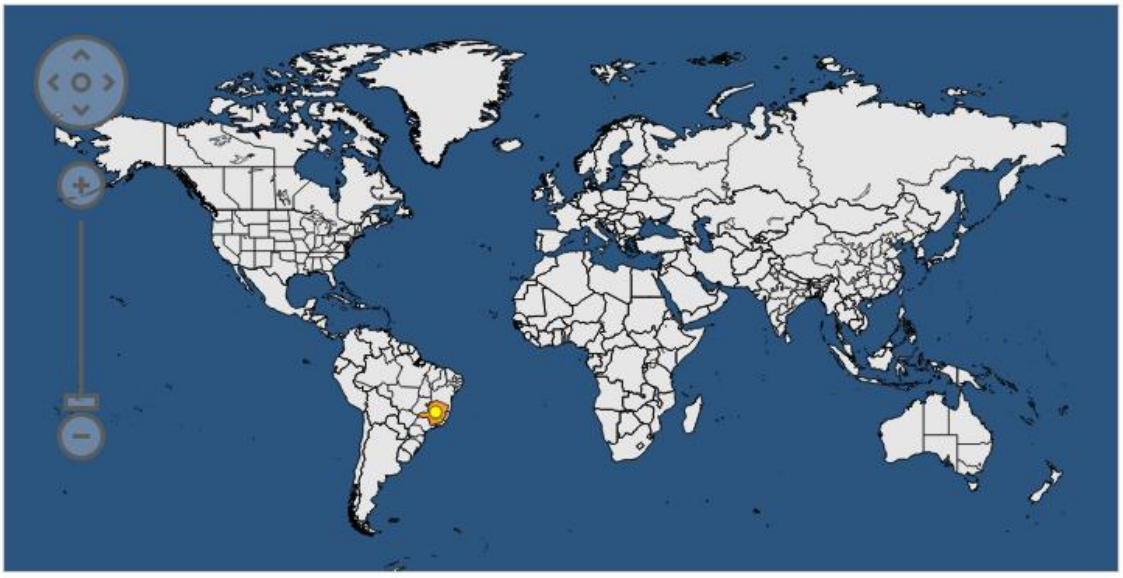


Figura 44. Distribuzione mondiale di *Temfrudevirus temperatum* (Temperate fruit decay-associated virus, TFDaV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Malus* L., *Pyrus* L. e *Vitis* L.

In pomacee (melo e pero), il TFDaV provoca sintomi quali nanismo, clorosi fogliare, ritardo e indebolimento dei rami secchi; mentre in vite (*V. vinifera*) gemmazione e accartocciamento, rossori o formazione di vesciche rosse sulle foglie (Basso et al., 2015) (Figura 45).

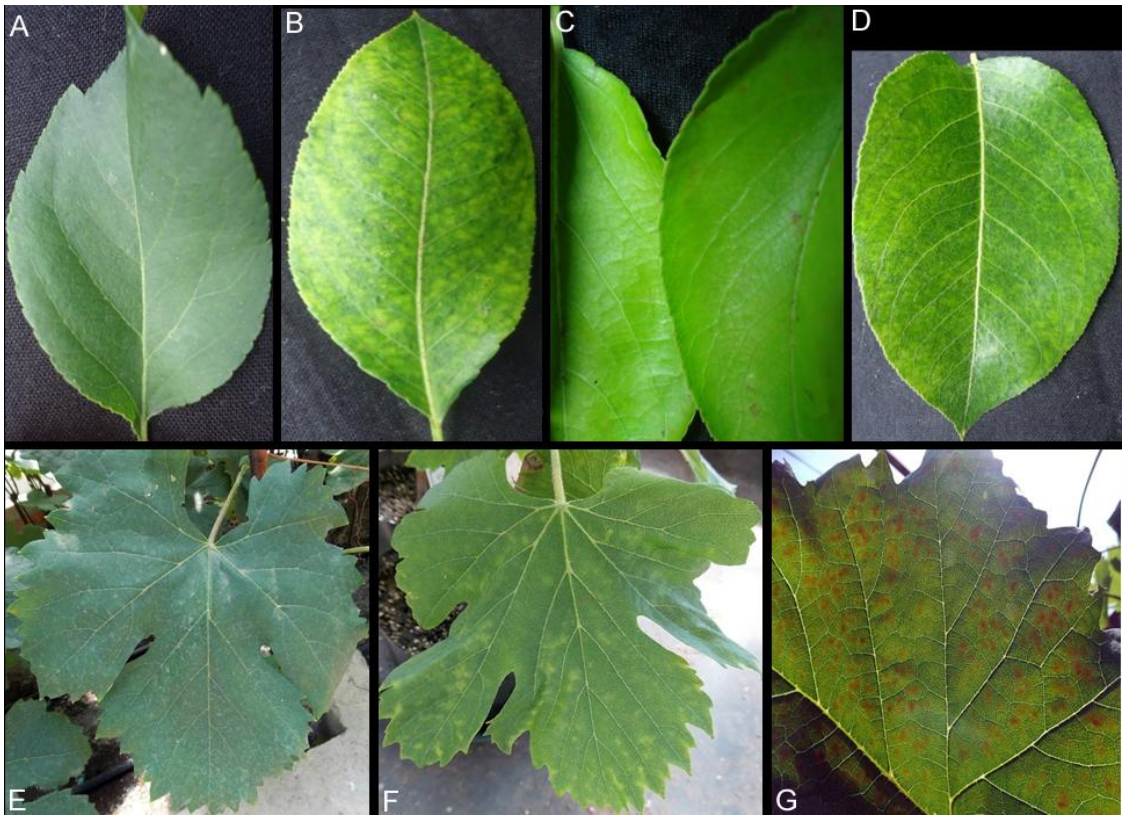


Figura 45. Sintomi da *Temfrudevirus temperatum* (Temperate fruit decay-associated virus, TFDaV): A, B. Foglie di melo (*Malus domestica* L.) asintomatiche e sintomatiche, rispettivamente; C, D. Foglie di pero (*Pyrus communis* L.) asintomatiche e sintomatiche, rispettivamente; E. Foglie di vite (*Vitis vinifera* L.) asintomatiche; F, G. Foglie di vite sintomatiche, rispettivamente all'inizio e alla fine della stagione di crescita (Basso et al., 2015).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Le modalità di trasmissione di TFDaV non sono state indagate; finora è stato solo confermato che è possibile inoculare meccanicamente il virus in giovani piante sane (Basso et al., 2015).

L'individuazione di TFDaV è avvenuta tramite metodi molecolari, a cui è affidata anche l'eventuale diagnosi su campioni vegetali sospetti (Basso et al., 2015).

Data la mancanza di ulteriori studi su tale virus, compreso dati sull'impatto della produttività sulle piante ospiti, e la sua contenuta distribuzione è possibile affermare che non vi è un rischio fitosanitario per l'area UE.

Trichovirus necroacini (Grapevine berry inner necrosis virus, GINV)

Il *Trichovirus necroacini*, conosciuto come Grapevine berry inner necrosis virus (GINV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a singolo filamento positivo non segmentato appartenente alla famiglia Betaflexiviridae, genere Trichovirus, (Yoshikawa et al., 1997). È l'agente causale della necrosi interna della vite (*grapevine berry inner necrosis*) associata a gravi perdite di vigore e resa.

Distribuzione e gamma ospiti

Inizialmente identificato in vigneti giapponesi (Yoshikawa et al., 1997), è stato ritrovato successivamente solo in alcune aree della Cina (Fan et al., 2017) (Figura 46). Unico e principale ospite naturale è la vite (*V. vinifera*), non vi sono infatti studi che segnalino altre specie vegetali infette da GINV.

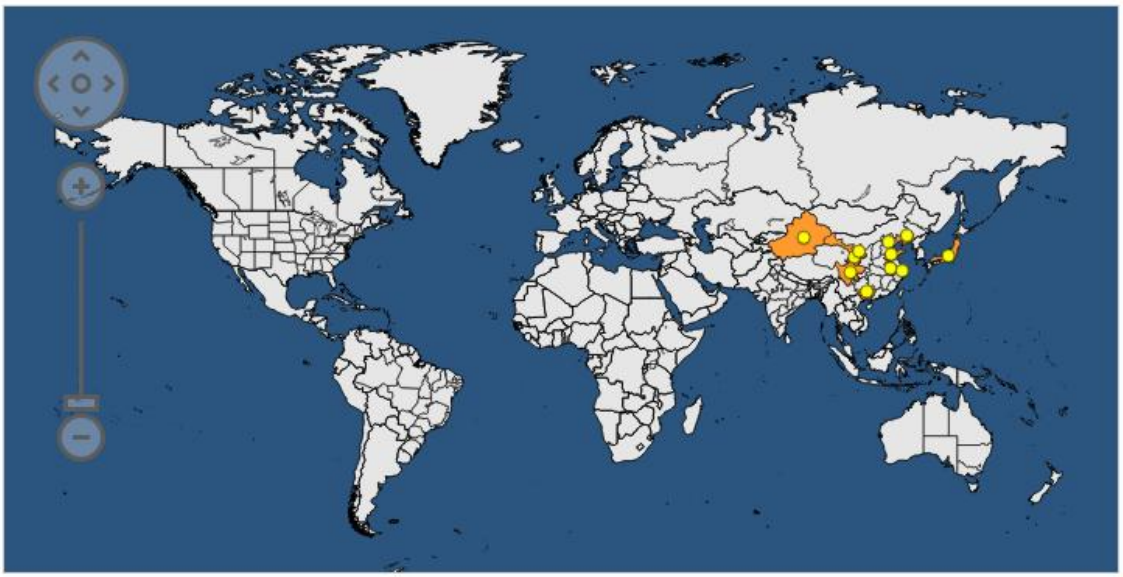


Figura 46. Distribuzione mondiale di *Trichovirus necroacini* (Grapevine berry inner necrosis virus, GINV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Vitis* L.,

La presenza di GINV nella vite (*V. vinifera*) provoca *mottling* clorotico variegato e *ring spot* nelle foglie; ritardo nell'emissione dei germogli e ridotta vigoria in cultivar sensibili; le bacche risultano di dimensioni ridotte con polpa necrotizzata oltre che discromie superficiali sull'esocarpo (Fan et al., 2017).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

In campo GINV è trasmesso da acari eriofidi (*Colomerus vitis*) (Kunugi et al., 2000); la propagazione tramite materiale vegetativo infetto è anch'essa una modalità rilevante di diffusione, tipica dei virus della vite.

La diagnosi è affidata esclusivamente a tecniche molecolari specifiche (Fan et al., 2017), fondamentali per il monitoraggio dell'eventuale presenza in nuovi areali. In ogni caso il rischio fitosanitario associato a questo virus è da ritenersi basso.

Trichovirus persicae (Peach mosaic virus, PcMV)

Il *Trichovirus persicae*, conosciuto come Peach mosaic virus (PcMV) (Current ICTV Taxonomy Release, ultimo accesso ottobre 2025) è un virus a RNA a singolo filamento positivo appartenente alla famiglia Betaflexiviridae, genere Trichovirus. A causa delle somiglianze nella sintomatologia e nella gamma di ospiti tra la malattia del mosaico del pesco causata dal Peach latent mosaic viroid (PLMVd) e quella indotta dal PcMV, in passato i due patogeni sono stati confusi come agente eziologico della stessa malattia. La distinzione è stata chiarita solo in seguito a studi sulla trasmissione, che hanno dimostrato come il virus sia trasmesso da un eriofide, mentre il viroide non presenta questa modalità di trasmissione (James et al., 2006; Larsen & James, 2011).

Distribuzione e gamma ospiti

I sintomi della malattia causata da PcMV furono descritti per la prima volta nel 1932 negli USA (Hutchins, 1932) e successivamente individuata su altre coltivazioni di *Prunus* spp., sempre nelle aree settentrionali degli USA. Il virus è stato successivamente segnalato anche in Messico (Larsen & James, 2011), sempre su piante di pesco (Figura 47).

Il PcMV è stato identificato in infezioni naturali esclusivamente su specie del genere *Prunus* spp.: pesco (*P. persica*), mandorlo (*P. dulcis*), albicocco (*P. armeniaca*), susino europeo (*P. domestica*) e varie altre specie minori di *Prunus* spp. (Cochran & Pine, 1958; Larsen & James, 2011).

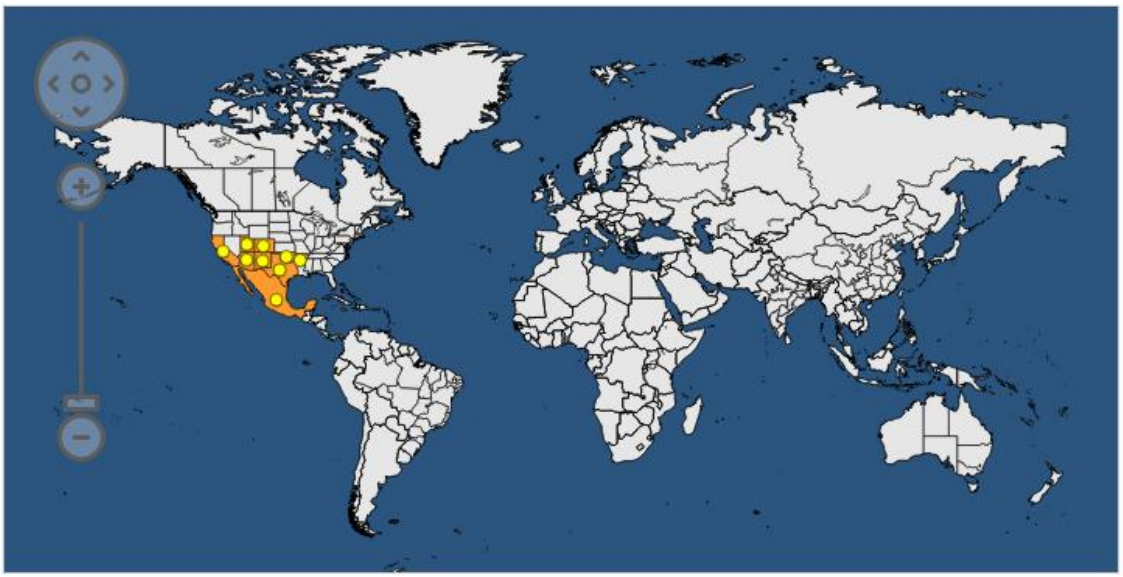


Figura 47. Distribuzione mondiale di *Trichovirus persicae* (Peach mosaic virus, PcMV) (EPPO Global database, ultimo accesso ottobre 2025).

Sintomi in *Prunus* L.,

Nel pesco (*P. persica*) i sintomi di infezione da PcMV comprendono ritardi nell'emissione delle foglie, nella fioritura e nella maturazione dei frutti; si osservano inoltre necrosi o duplicazione delle gemme, mosaicature e deformazioni fogliari (Figura 48), nonché deformazioni dei frutti (Hutchins, 1932; Larsen & James, 2011; Larsen & Oldfield, 1995; Pine, 1979).

I susini europei (*P. domestica*) e giapponesi (*P. salicina*) infetti mostrano solo sintomi fogliari, simili a quelli osservati nel pesco (Larsen & James, 2011); mentre le piante di mandorlo *(P. dulcis*) infette mostrano solo lievi sintomi fogliari e fruttiferi, senza impatto sulla resa o sulla qualità. Le varietà di albicocco (*P. armeniaca*) differiscono nella sensibilità al virus: le più suscettibili manifestano mosaicatura fogliare, riduzione della crescita dei germogli, minore vigoria e calo della produzione fruttifera (Larsen & James, 2011).



Figura 48. Sintomi da *Trichovirus persicae* (Peach mosaic virus, PcMV) su foglie di pesco (*Prunus persica* L.): deformazioni e clorosi su foglie infette (sopra) a confronto con una foglia sana (sotto) (Larsen & James, 2011).

Epidemiologia, diagnosi e monitoraggio

Il PcMV è facilmente trasmissibile per innesto e altre tecniche di propagazione vegetativa, non risulta invece essere trasmesso per seme né per polline (Larsen & James, 2011). Il vettore biologico del PcMV è l'acaro delle gemme del pesco *Eriophyes insidiosu*s, largamente diffuso nei frutteti americani e con una buona capacità di trasmissione del virus (Keifer & Wilson, 1995).

Test sierologici sono stati utilizzati per la rilevazione di PcMV nei test ELISA (Gispert et al., 1998; James & Howell, 1998), insieme a test molecolari (James et al., 2006; James & Upton, 1999); quest'ultimi rappresentano l'approccio di rilevamento più sensibile e semplice disponibile oggi.

Il PcMV ha il suo impatto principale nel pesco (*P. persica* L.), il quale è ampiamente coltivato nella regione UE e rappresenta un'importante coltura frutticola, insieme alle altre specie sensibili di *Prunus* spp. Ad oggi, non è nota la presenza dell'acaro vettore nella regione UE, nonostante ciò, è importante mantenere il suo monitoraggio all'interno di queste aree vista la potenziale pericolosità del patogeno.

Conclusioni

Il monitoraggio fitosanitario sul territorio nazionale e a livello europeo rappresenta un elemento cruciale per la tutela delle condizioni fitosanitarie delle colture agrarie e, di conseguenza, per la salvaguardia dell'economia agricola. L'introduzione e la diffusione di patogeni esotici potrebbero infatti determinare gravi danni alle produzioni vegetali e agli ecosistemi agricoli.

A tal fine, il presente approfondimento scientifico è stato elaborato a partire dall'allegato II parte A del Regolamento di esecuzione UE 2019/2072 relativa alla lista di virus, viroidi e fitoplasmi da quarantena considerati come non-europei ed associati alle seguenti specie ospiti: *Cydonia* Mill., *Fragaria* L., *Malus* Mill., *Prunus* L., *Pyrus* L., *Ribes* L., *Rubus* L. e *Vitis* L. Alcuni dei virus contenuti in tale lista sono stati esclusi dal presente documento poiché riconosciuti come "*phantom agent*" dallo studio di Tzanetakis et al. (2025), in particolare: il Raspberry leaf curl virus (RLCV) e lo Strawberry leaf curl virus (SLCV). Per molti altri, si evince che il reale rischio fitosanitario è molto basso ed in alcuni casi nullo. Questo porta a considerare come necessaria una rivalutazione della regolamentazione di tali organismi, attraverso una loro deregolamentazione o declassamento a ONRQ.

Riferimenti bibliografici

Abou-Jawdah, Y., Abdel Sater, A., Jawhari, M., Sobh, H., Abdul-Nour, H., Bianco, P. A., Molino Lova, M., & Alma, A. (2014). Asymmetrasca decedens (Cicadellidae, Typhlocybinae), a natural vector of ' Candidatus Phytoplasma phoenicium.' *Annals of Applied Biology*, *165*(3), 395–403. https://doi.org/10.1111/aab.12144.

Abou-Jawdah, Y., Karakashian, A., Sobh, H., Martini, M., & Lee, I.-M. (2002). An Epidemic of Almond Witches'-broom in Lebanon: Classification and Phylogenetic Relationships of the Associated Phytoplasma. *Plant Disease*, *86*(5), 477–484. https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.5.477.

Abu Alloush, A. H., Bianco, P. A., Busato, E., AlMahasneh, A., Alma, A., Tedeschi, R., & Quaglino, F. (2023). Association of seven 'Candidatus Phytoplasma' species to an almond disease complex in Jordan, and preliminary information on their putative insect vectors. *Crop Protection*, *164*, 106147. https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.106147.

Al Rwahnih, M., Myrta, A., Herranz, M. C., & Pallás, V. (2004). Monitoring American plum line pattern virus in plum by Elisa and dot-blot hybridisation throughout the year. *Journal of Plant Pathology*, *86*(2), 167–169.

Alashi, R., Hosseini, S. A., Rastgou, M., & Roumi, V. (2025). Detection of Phytoplasmas Associated with Grapevine in Northwestern Iran. *Applied Fruit Science*, *67*(4), 203. https://doi.org/10.1007/s10341-025-01451-2.

Arocha-Rosete, Y., Kent, P., Agrawal, V., Hunt, D., Hamilton, A., Bertaccini, A., Scott, J., Crosby, W., & Michelutti, R. (2011). Identification of Graminella nigrifrons as a potential vector for phytoplasmas affecting Prunus and Pyrus species in Canada. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *33*(4), 465–474. https://doi.org/10.1080/07060661.2011.633561.

Avendaño-Benequen, M., Silva-Rojas, H. V., Marbán-Mendoza, N., & Rebollar-Alviter, A. (2017). Mexican periwinkle virescence phytoplasma associated with phyllody and virescence in strawberry (Fragaria x ananassa Duch.) in Michoacan, Mexico. *European Journal of Plant Pathology*, *147*(2), 451–454. https://doi.org/10.1007/s10658-016-0998-3.

Azerý, T., & Çýçek, Y. (1997). Detection of virus diseases affecting almond nursery trees in western Anatolia (Turkey). *EPPO Bulletin*, *27*(4), 547–550. https://doi.org/10.1111/j.1365-2338.1997.tb00682.x.

Basso, M. F., da Silva, J. C. F., Fajardo, T. V. M., Fontes, E. P. B., & Zerbini, F. M. (2015). A novel, highly divergent ssDNA virus identified in Brazil infecting apple, pear and grapevine. *Virus Research*, *210*, 27–33. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2015.07.005.

Beach, S., Kovens, M., Hubbert, L., Honesty, S., Guo, Q., Pap, D., Dai, R., Kovacs, L., & Qiu, W. (2017). Genetic and Phenotypic Characterization of Grapevine vein clearing virus from Wild Vitis rupestris. *Phytopathology®*, *107*(1), 138–144. https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-16-0173-R.

Bertazzon, N., Migliaro, D., Rossa, A., Filippin, L., Casarin, S., Giust, M., Brancadoro, L., Crespan, M., & Angelini, E. (2021). Grapevine red blotch virus is sporadically present in a germplasm collection in Northern Italy. *Journal of Plant Diseases and Protection*, *128*(4), 1115–1119. https://doi.org/10.1007/s41348-021-00468-5.

Blodgett, E., Aichele, M., Coyier, D., & Milbrath, J. (1963). The Flat Apple Disease. *Plant Disease Reporter*, *47*, 769–771.

Bodine, E., & Newton, J. (1942). The rasp leaf of cherry. *Phytopathology* , *32*, 333–335.

Bové, J. (1986). Outbreaks and new records. Oman. Witches' broom disease of lime. *FAO Plant Protection Bulletin*, *34*(4), 217–218.

Brown, D., Halbrendt, J., Jones, A., Vrain, T., & Robbins, R. (1994). Transmission of three north American nepoviruses by populations of four distinct species of the Xiphinema americanum group. *Phytopathology* , *84*(6), 646–649.

Brown, D. J. F., Grunder, J., Hooper, D. J., Klingler, J., & Kunz, P. (1994). Longidorus arthensis sp.n. (Nematoda: Longidoridae) a vector of cherry rosette disease caused by a new nepovirus in cherry trees in Switzerland. *Nematologica*, *40*(1), 133–149.

Brown, D. J. F., Halbrendt, J. M., Jones, A. T., Vrain, T. C., & Robbins, R. T. (1994). Transmission of three North American nepoviruses by populations of four distinct species of the Xiphinema americanum group. *Phytopathology*, *84*(6), 646–649.

Caglayan, K., Tunc, B., Akkan, R., Taş, V., & Roumi, V. (2025). Occurrence of blueberry leaf mottle virus (Nepovirus myrtilli) in Türkiye. *Journal of Plant Diseases and Protection*, *132*(2), 79. https://doi.org/10.1007/s41348-025-01071-8.

Canik, D., Ertunc, F., Paltrinieri, S., Contaldo, N., & Bertaccini, A. (2011). Identification of different phytoplasmas infecting grapevine in Turkey . In A. Bertaccini & S. Maini (Eds.), *Bulletin of Insectology, Second International Phytoplasmologist Working Group Meeting* (pp. 225–226).

Childress, A. M., & Ramsdel, D. C. (1986). Detection of blueberry leaf mottle virus in highbush blueberry pollen and seed. *Phytopathology*, *76*(12), 1333–1337.

Childress, A. M., & Ramsdell, D. C. (1986). LACK OF EVIDENCE FOR A NEMATODE VECTOR OF BLUEBERRY LEAF MOTTLE VIRUS (BBLMV). *Acta Horticulturae*, *186*, 87–94. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1986.186.12.

Cho, I.-S., Kwon, S.-J., Yoon, J.-Y., Chung, B.-N., Hammond, J., & Lim, H.-S. (2017). First report of Apple necrotic mosaic virus infecting apple trees in Korea. *Journal of Plant Pathology*, *99*(3), 815–815.

Cieniewicz, E. J., Qiu, W., Saldarelli, P., & Fuchs, M. (2020). Believing is seeing: lessons from emerging viruses in grapevine. *Journal of Plant Pathology*, *102*(3), 619–632. https://doi.org/10.1007/s42161-019-00484-3.

Cieślińska, M., & Morgaś, H. (2011). Detection and Identification of 'Candidatus Phytoplasma prunorum', 'Candidatus Phytoplasma mali' and 'Candidatus Phytoplasma pyri' in Stone Fruit

Trees in Poland. *Journal of Phytopathology*, *159*(4), 217–222. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2010.01752.x.

Cochran, L., & Pine, T. (1958). Present status of information on host range and host reactions to peach mosaic virus. *Plant Disease Reporter* , *42*, 1225–1228.

Constable, F. E., Whiting, J. R., Gibb, K. S., & Symons, R. H. (2002). A new grapevine yellows phytoplasma from the Buckland Valley of Victoria, Australia. *Vitis*, *41*(3), 147–153.

Constable, F. E., Whiting, J. R., Jones, J., Gibb, K. S., & Symons, R. H. (2003). The Distribution of Grapevine Yellows Disease Associated with the Buckland Valley Grapevine Yellows Phytoplasma. *Journal of Phytopathology*, *151*(2), 65–73. https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2003.00681.x.

Constable, F., & Rodoni, B. (2011). Australian grapevine yellows. *Wine Australia for Australian Wine Factsheet*.

Davis, R. E., Dally, E. L., Gundersen, D. E., Lee, I.-M., & Habili, N. (1997). "Candidatus Phytoplasma australiense," a New Phytoplasma Taxon Associated with Australian Grapevine Yellows. *International Journal of Systematic Bacteriology*, *47*(2), 262–269. https://doi.org/10.1099/00207713-47-2-262.

Davis, R. E., Dally, E. L., Zhao, Y., Lee, I.-M., Wei, W., Wolf, T. K., Beanland, L., LeDoux, D. G., Johnson, D. A., Fiola, J. A., Walter-Peterson, H., Dami, I., & Chien, M. (2015). Unraveling the Etiology of North American Grapevine Yellows (NAGY): Novel NAGY Phytoplasma Sequevars Related to 'Candidatus Phytoplasma pruni.' *Plant Disease*, *99*(8), 1087–1097. https://doi.org/10.1094/PDIS-11-14-1185-RE.

Davis, R. E., Harrison, N. A., Zhao, Y., Wei, W., & Dally, E. L. (2016). 'Candidatus Phytoplasma hispanicum', a novel taxon associated with Mexican periwinkle virescence disease of Catharanthus roseus. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *66*(9), 3463–3467. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001218.

Davis, R. E., Zhao, Y., Dally, E. L., Lee, I.-M., Jomantiene, R., & Douglas, S. M. (2013). 'Candidatus Phytoplasma pruni', a novel taxon associated with X-disease of stone fruits, Prunus spp.: multilocus characterization based on 16S rRNA, secY, and ribosomal protein genes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *63*(Pt_2), 766–776. https://doi.org/10.1099/ijs.0.041202-0.

Dias, H. F., & Cation, D. (1976). The characterization of a virus responsible for peach rosette mosaic and grape decline in Michigan. *Canadian Journal of Botany*, *54*(11), 1228–1239. https://doi.org/10.1139/b76-133.

Evenhuis, H. H., Mulder, D., & Pfaeltzer, H. J. (1959). Transmission of cherry rosette virus. *Tijdschrift over Plantenziekten, 65*, 122–127.

Fajardo, T. V. M., Silva, F. N., Eiras, M., & Nickel, O. (2017). High-throughput sequencing applied for the identification of viruses infecting grapevines in Brazil and genetic variability analysis. *Tropical Plant Pathology*, *42*(4), 250–260. https://doi.org/10.1007/s40858-017-0142-8.

Fan, X. D., Zhang, Z. P., Ren, F., Hu, G. J., Zhou, J., Li, Z. N., Wang, G., & Dong, Y. (2017). Occurrence and Genetic Diversity of Grapevine berry inner necrosis virus from Grapevines in China. *Plant Disease*, *101*(1), 144–149. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-16-0694-RE.

Fernández, F. D., Conci, V. C., Kirschbaum, D. S., & Conci, L. R. (2013). Molecular characterization of a phytoplasma of the ash yellows group occurring in strawberry (Fragaria x ananassa Duch.) plants in Argentina. *European Journal of Plant Pathology*, *135*(1), 1–4. https://doi.org/10.1007/s10658-012-9951-2.

Fiore, N., Prodan, S., Paltrinieri, S., Gajardo, A., Botti, S., Pino, A. M., Montealegre, J., & Bertaccini, A. (2007). Molecular characterization of phytoplasmas in Chilean grapevines. *Bulletin of Insectology*, *60*(2), 331.

Flasco, M. T., Cieniewicz, E. J., Pethybridge, S. J., & Fuchs, M. F. (2023). Distinct Red Blotch Disease Epidemiological Dynamics in Two Nearby Vineyards. *Viruses*, *15*(5), 1184. https://doi.org/10.3390/v15051184.

Flores, R., Gas, M.-E., Molina-Serrano, D., Nohales, M.-Á., Carbonell, A., Gago, S., De la Peña, M., & Daròs, J.-A. (2009). Viroid Replication: Rolling-Circles, Enzymes and Ribozymes. *Viruses*, *1*(2), 317–334. https://doi.org/10.3390/v1020317.

Franco-Lara, L., Varela-Correa, C. A., Guerrero-Carranza, G. P., & Quintero-Vargas, J. C. (2023). Association of phytoplasmas with a new disease of potato crops in cundinamarca, Colombia. *Crop Protection*, *163*, 106123. https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.106123.

Frazier, N. W. (1966). Natural and experimental infection of Rubus with strawberry necrotic shock virus. *Phytopathology*, *56*, 568–569.

Fuchs, M. (2020). Grapevine red blotch virus. In *CABI Compendium*. https://doi.org/10.1079/cabicompendium.120024.

Fulton R. W. (1984). American plum line pattern virus. *AAB Descriptions of Plant Viruses*, *280*.

Gajardo, A., Fiore, N., Prodan, S., Paltrinieri, S., Botti, S., Pino, A. M., Zamorano, A., Montealegre, J., & Bertaccini, A. (2009). Phytoplasmas Associated with Grapevine Yellows Disease in Chile. *Plant Disease*, *93*(8), 789–796. https://doi.org/10.1094/PDIS-93-8-0789.

Gao, Y., Dong, Y., Tan, W., Sun, G., Zhu, Y., & Zhu, X. (2015). Detection and Identification of an Elm Yellows Group Phytoplasma Associated with Camellia in China. *Journal of Phytopathology*, *163*(7–8), 560–566. https://doi.org/10.1111/jph.12354.

Gera, A., Mawassi, M., Zeidan, M., Spiegel, S., & Bar-Joseph, M. (2005). An isolate of ' Candidatus Phytoplasma australiense' group associated with Nivun Haamir dieback disease of papaya in Israel. *Plant Pathology*, *54*(4), 560–560. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2005.01236.x.

Ghayeb Zamharir, M., Paltrinieri, S., Hajivand, S., Taheri, M., & Bertaccini, A. (2017). Molecular identification of diverse 'Candidatus Phytoplasma' species associated with grapevine decline in Iran. *Journal of Phytopathology*, *165*(7–8), 407–413. https://doi.org/10.1111/jph.12574.

Gispert, C., Perring, T. M., & Creamer, R. (1998). Purification and Characterization of Peach Mosaic Virus. *Plant Disease*, *82*(8), 905–908. https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.8.905.

Gregory, A., Scott, S. W., Brannen, P. M., & Royal, D. C. (2018a). Graft-transmissible agents in oriental persimmons (Diospyros kaki L) in the southeastern USA. *Australasian Plant Disease Notes*, *13*(1), 22. https://doi.org/10.1007/s13314-018-0306-5.

Gregory, A., Scott, S. W., Brannen, P. M., & Royal, D. C. (2018b). Graft-transmissible agents in oriental persimmons (Diospyros kaki L) in the southeastern USA. *Australasian Plant Disease Notes*, *13*(1), 22. https://doi.org/10.1007/s13314-018-0306-5.

Griffiths, H. M., Sinclair, W. A., Smart, C. D., & Davis, R. E. (1999). The phytoplasma associated with ash yellows and lilac witches'-broom: 'Candidatus Phytoplasma fraxini.' *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *49*(4), 1605–1614. https://doi.org/10.1099/00207713-49-4-1605.

Guo, Q., Honesty, S., Xu, M. L., Zhang, Y., Schoelz, J., & Qiu, W. (2014). Genetic Diversity and Tissue and Host Specificity of Grapevine vein clearing virus. *Phytopathology®*, *104*(5), 539–547. https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-13-0075-R.

Hansen, A., Nylland, G., McElroy, F., & Stace-Smith, R. (1974). Origin, cause, host range and spread of cherry rasp leaf disease in North America. *Phytopathology* , *64*, 721–727.

Hansen, A., & Parish, C. (1990). Transmissible Fruit Disorders. In A. Jones & H. Aldwinckle (Eds.), *Compendium of Apple and Pear Diseases* (Vol. 64, pp. 77–78). APS Press.

Hemmati, C., Askari Seyahooei, M., Nikooei, M., Modarees Najafabadi, S. S., Goodarzi, A., Amiri Mazraie, M., & Faghihi, M. M. (2020). Vector transmission of lime witches' broom Phytoplasma to Mexican lime seedlings under greenhouse condition. *Journal of Crop Protection*, *9*(2), 209–215.

Hoyle, V. J., Flasco, M. T., & Fuchs, M. (2025). *Transmission of Grabloviruses by Insect Vectors* (pp. 55–69). https://doi.org/10.1007/978-1-0716-4454-6_8.

Hutchins, L. M. (1932). Peach Mosaic—A New Virus Disease. *Science*, *76*(1962), 123–123. https://doi.org/10.1126/science.76.1962.123.a.

Ito, T., Kanematsu, S., KOGANEZAWA, H., TSUCHIZAKI, T., & YOSHIDA, K. (1993). Detection of a Viroid Associated with Apple Fruit Crinkle Disease. *Japanese Journal of Phytopathology*, *59*(5), 520–527. https://doi.org/10.3186/jjphytopath.59.520.

Ito, T., & Yoshida, K. (1998). REPRODUCTION OF APPLE FRUIT CRINKLE DISEASE SYMPTOMS BY APPLE FRUIT CRINKLE VIROID. *Acta Horticulturae*, *472*, 587–594. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1998.472.78.

James, D. (2004). NUCLEOTIDE SEQUENCE ANALYSIS AND DETECTION OF CHERRY RASP LEAF VIRUS. *Acta Horticulturae*, *657*, 99–101. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2004.657.11

James, D., & Howell, W. E. (1998). Isolation and Partial Characterization of a Filamentous Virus Associated with Peach Mosaic Disease. *Plant Disease*, *82*(8), 909–913. https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.8.909.

James, D., & Upton, C. (1999). Single primer pair designs that facilitate simultaneous detection and differentiation of peach mosaic virus and cherry mottle leaf virus. *Journal of Virological Methods*, *83*(1–2), 103–111. https://doi.org/10.1016/S0166-0934(99)00112-3.

James, D., Varga, A., Croft, H., Rast, H., Thompson, D., & Hayes, S. (2006). Molecular Characterization, Phylogenetic Relationships, and Specific Detection of Peach mosaic virus. *Phytopathology®*, *96*(2), 137–144. https://doi.org/10.1094/PHYTO-96-0137.

James, D., Varga, A., & Lye, D. (2014). Analysis of the complete genome of a virus associated with twisted leaf disease of cherry reveals evidence of a close relationship to unassigned viruses in the family Betaflexiviridae. *Archives of Virology*, *159*(9), 2463–2468. https://doi.org/10.1007/s00705-014-2075-6.

Jaswall, A. S. (1990). Occurrence of blueberry leaf mottle, blueberry shoestring, - tomato ringspot and tobacco ringspot viruses in eleven halfhigh blueberry clones grown in New Brunswick, Canada . *Canadian Plant Disease Survey*, *70*(2), 113.

Jevremović, D., & Paunović, S. A. (2021). First report of raspberry latent virus in Europe. *Journal of Plant Pathology*, *103*(3), 1013–1013. https://doi.org/10.1007/s42161-021-00833-1.

Jones, A. T., Mayo, M. A., & Henderson, S. J. (1985). Biological and biochemical properties of an isolate of cherry rasp leaf virus from red raspberry. *Annals of Applied Biology*, *106*(1), 101–110. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1985.tb03099.x.

Jung, H.-Y., Sawayanagi, T., Kakizawa, S., Nishigawa, H., Wei, W., Oshima, K., Miyata, S., Ugaki, M., Hibi, T., & Namba, S. (2003). 'Candidatus Phytoplasma ziziphi', a novel phytoplasma taxon associated with jujube witches'-broom disease. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *53*(4), 1037–1041. https://doi.org/10.1099/ijs.0.02393-0.

Keifer, H., & Wilson, N. (1995). A new species of eriophyid mite responsible for the vection of peach mosaic virus. *Bulletin of California Department of Agriculture*, *44*, 145–146.

Khan, J. A., Kumar, J., Thakur, P. D., Handa, A., & Jarial, K. (2013). First report of a'Candidatus Phytoplasma Ziziphi'-related strain associated with peach decline disease in India. *Journal of Plant Pathology*, *95*(4).

Kheder, A., Ibrahim, A., & Mazyad, H. (2004). Isolation and characterization of Peach rosette mosaic virus (PRMV) in Egypt. *Egyptian Journal of Virology*, *1*, 259–272.

Kinoti, W. M., Constable, F. E., Nancarrow, N., Plummer, K. M., & Rodoni, B. (2017). Generic Amplicon Deep Sequencing to Determine Ilarvirus Species Diversity in Australian Prunus. *Frontiers in Microbiology*, *8*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01219.

Kirkpatrick, B. (1995). Peach yellows. In J. Ogawa, E. Zehr, G. Bird, D. Ritchie, K. Uriu, & J. Uyemoto (Eds.), *Compendium of Stone Fruit Diseases* (pp. 755–756). APS Press.

Kirkpatrick, B., & Garrott, D. (1984). Detection of X-disease in plant hosts by enzyme-linked immunosorbent assay. *Phytopathology*, *74*, 825.

Kirkpatrick, H. C., Cheney, P. W., & Linder, R. C. (1964). Mechanical transmission of plum line pattern virus. *Pant Disease Report*, *48*, 616–618.

Klos, E., Fronek, F., Knierem, J., & Cation, D. (1967). Peach rosette mosaic transmission and control. *Michigan Agricultural Experimental Station Quarterly Bulletin*, *49*, 287–293.

Koganezawa, H., & Ito, T. (2010). Apple fruit crinkle viroid. In A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, & W. Jelkmann (Eds.), *Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruits.* (pp. 53–55). APS Press.

Krenz, B., Fuchs, M., & Thompson, J. R. (2023). Grapevine red blotch disease: A comprehensive Q&A guide. *PLOS Pathogens*, *19*(10), e1011671. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011671.

Kunugi, Y., Asari, S., Terai, Y., & Shinkai, A. (2000). Studies on the grapevine berry inner necrosis virus disease. 2. Transmission of berry inner necrosis virus by the grape erineum mite Colomerus vitis in Yamanashi. *Bull. Yamanashi Fruit Tree Exp. Station*, *10*, 57–63.

Kwak, H.-R., Yoon, J.-S., Shin, J.-C., Seo, J.-K., Kim, M., Lee, J.-K., Lee, K.-S., Kim, C.-S., Choi, H.-S., & Kim, J.-S. (2016). First Report of Blueberry leaf mottle virus on Grapevine in Korea. *Plant Disease*, *100*(1), 232–232. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-15-0517-PDN.

Larsen, H., & James, D. (2011). Peach mosaic virus. In A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, & W. Jelkmann (Eds.), *In Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruits* (pp. 171–175). American Phytopathological Society Press.

Larsen, H., & Oldfield, G. (1995). Peach mosaic. In J. Ogawa, E. Zehr, G. Bird, D. Ritchie, K. Uriu, & J. Uyemoto (Eds.), *Compendium of Stone Fruit Diseases*. The American Phytopathological Society.

Lee, D.-S., Lee, J., Lee, S.-J., Lim, S., & Chun, J. (2022). Development of an RT-PCR assay and its positive clone for plant quarantine inspection of American plum line pattern virus in Korea. *Korean Journal of Agricultural Science*, *49*(4), 873–883. https://doi.org/10.7744/kjoas.20220075.

Lee, I.-M., Davis, R. E., & Gundersen-Rindal, D. E. (2000). Phytoplasma: Phytopathogenic Mollicutes. *Annual Review of Microbiology*, *54*(1), 221–255. https://doi.org/10.1146/annurev.micro.54.1.221

Li, L., & Yang, H. (2011). First Report of Strawberry necrotic shock virus in China. *Plant Disease*, *95*(9), 1198–1198. https://doi.org/10.1094/PDIS-02-11-0121.

Li, Q.-C., Chen, P., Yang, Q.-Q., Chen, L.-C., Zhang, Y., Li, J.-D., & Feng, J.-C. (2022). First Report of ‘ Candidatus Phytoplasma ziziphi’ in Sweet Potato in China. *Plant Disease*, *106*(5), 1515. https://doi.org/10.1094/PDIS-08-21-1848-PDN.

Li, Z. -N., Bai, Y. -B., Liu, P., Zhang, L., & Wu, Y. -F. (2014). Occurrence of ‘ Candidatus Phytoplasma ziziphi’ in apple trees in China. *Forest Pathology*, *44*(5), 417–419. https://doi.org/10.1111/efp.12126.

Li, Z., Song, S., Zhang, L., Gao, L., & Wu, Y. (2014a). Identification of the phytoplasma associated with peach yellows disease in northwest China. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *36*(2), 151–160. https://doi.org/10.1080/07060661.2014.920920.

Li, Z., Song, S., Zhang, L., Gao, L., & Wu, Y. (2014b). Identification of the phytoplasma associated with peach yellows disease in northwest China. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *36*(2), 151–160. https://doi.org/10.1080/07060661.2014.920920.

Li, Z.-N., Zhang, L., Bai, Y.-B., Liu, P., & Wu, Y.-F. (2012). Detection and identification of the elm yellows group phytoplasma associated with Puna chicory flat stem in China. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *34*(1), 34–41. https://doi.org/10.1080/07060661.2012.659679.

Liefting, L. W., Padovan, A. C., Gibb, K. S., Beever, R. E., Andersen, M. T., Newcomb, R. D., Beck, D. L., & Forster, R. L. S. (1998). 'Candidatus Phytoplasma australiense' is the phytoplasma associated with Australian grapevine yellows, papaya dieback and Phormium yellow leaf diseases. *European Journal of Plant Pathology*, *104*(6), 619–623. https://doi.org/10.1023/A:1008693904427.

Liefting, L. W., Veerakone, S., & Clover, G. R. G. (2011). New hosts of "Candidatus Phytoplasma australiense" in New Zealand. *Australasian Plant Pathology*, *40*(3), 238–245. https://doi.org/10.1007/s13313-011-0036-z.

Lin, L., Li, R., Mock, R., & Kinard, G. (2011). Development of a polyprobe to detect six viroids of pome and stone fruit trees. *Journal of Virological Methods*, *171*(1), 91–97. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2010.10.006.

Liu, R.-C., Li, B.-L., Chen, X.-L., Liu, J.-J., Luo, K., & Li, G.-W. (2023). 'Candidatus Phytoplasma ziziphi' Changes the Metabolite Composition of Jujube Tree Leaves and Affects the Feeding Behavior of Its Insect Vector Hishimonus hamatus Kuoh. *Insects*, *14*(9), 750. https://doi.org/10.3390/insects14090750.

Luepschen, N., Harder, H., Rohrbach, K., & Sisson, M. (1974). Sweet cherry rasp leaf incidence in Colorado. *Plant Disease Reporter*, *58*(1), 26–27.

Ma, Y., Li, J., Li, X., & Zhu, S. (2014). First report of Cherry rasp leaf virus infecting cherry in Shandong province, China. *Journal of Plant Pathology*, *96*(4), 113–113.

Marcone, C., Pierro, R., Tiwari, A. K., & Rao, G. P. (2022). Major Phytoplasma Diseases of Temperate Fruit Trees. *Agrica*, *11*(1), 20–31. https://doi.org/10.5958/2394-448X.2022.00002.5.

Martelli, G., & Uyemoto, J. (2011). Nematode-borne viruses of stone fruits. In A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, & W. Jelkmann (Eds.), *Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruits* (pp. 161–170). American Phytopathological Society Press.

Martin, R. R., & Tzanetakis, I. E. (2018). High Risk Blueberry Viruses by Region in North America; Implications for Certification, Nurseries, and Fruit Production. *Viruses*, *10*(7), 342. https://doi.org/10.3390/v10070342.

Matić, S., & Myrta, A. (2024). Development of Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) Assay for In-Field Detection of American Plum Line Pattern Virus. *Viruses*, *16*(10), 1572. https://doi.org/10.3390/v16101572.

Mink, G. (1995). Cherry rusty mottle. In J. Ogawa, E. Zehr, G. Bird, D. Ritchie, K. Uriu, & J. Uyemoto (Eds.), *Compendium of Stone Fruit Diseases* (p. 75). APS Press.

Myrta, A., Abbadi, H., Herraz, M. C., Al Rwahinih, M., Di Terlizzi, B., Minafra, A., & Pallas, V. (2002). First Report of American plum line pattern virus (APLPV) in Albania, Italy and Tunisia. *Journal of Plant Pathology*, *84*(188).

Nabi, S. U., Baranwal, V. K., Mir, J. I., Raja, W. H., Yasmin, S., Shah, M. A., Sharma, O. C., Verma, M. K., & Parveen, S. (2024). Transmission efficiency protocol of two ilarviruses (ApMV and ApNMV) associated with mosaic disease of apple (Malus domestica) through cleft grafting and T-budding. *Indian Phytopathology*, *77*(2), 433–439. https://doi.org/10.1007/s42360-024-00739-9.

Nabi, S. U., Baranwal, V. K., Yadav, M. K., & Rao, G. P. (2020). Association of Apple necrotic mosaic virus (ApNMV) with mosaic disease in commercially grown cultivars of apple (Malus domestica Borkh) in India. *3 Biotech*, *10*(3), 122. https://doi.org/10.1007/s13205-020-2117-6.

Navrátil, M., Válová, P., Fialová, R., Kare□ová, R., Přibylová, J., □pak, J., & Kubelková, D. (2004). Occurence of phytoplasmas in red and white currant in the Czech Rrepublic. *Acta Horticulturae*, *656*, 119–124. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2004.656.18.

Nemeth, M. (1986). Virus, Mycoplasma and Rickettsia Diseases of Fruit Trees. *Martinus Nijhoff and Dr W. Junk Pubblishers*.

Noda, H., Yamagishi, N., Yaegashi, H., Xing, F., Xie, J., Li, S., Zhou, T., Ito, T., & Yoshikawa, N. (2017). Apple necrotic mosaic virus, a novel ilarvirus from mosaic-diseased apple trees in Japan and China. *Journal of General Plant Pathology*, *83*(2), 83–90. https://doi.org/10.1007/s10327-017-0695-x.

Noelting, M. C., Ferreira, J., Galvão, S. R., Greizerstein, E. J., Molina, M. del C., López, C. G., & Bedendo, I. P. (2019). Amaranthus caudatus subsp. mantegazzianus: A new host of ‘ Candidatus Phytoplasma hispanicum’ (subgroup 16Sr XIII-A). *Journal of Phytopathology*, *167*(11–12), 618–623. https://doi.org/10.1111/jph.12852.

Nyland, G. (1876). Cherry rasp leaf. In *Virus diseases and non-infectious disorders of stone fruits in North America. USA: US Department of Agriculture* (Vol. 437, pp. 219–221). Agriculture Handbook.

Osman, F., Al Rwahnih, M., & Rowhan, A. (2017). Real–time RT-qPCR Detection of Cherry rasp leaf virus, Cherry green ring mottle virus, Cherry necrotic rusty mottle virus, Cherry virus A and Apple chlorotic leaf spot virus in stone fruits. *Journal of Plant Pathology*, *99*(1), 279–285.

Padovan, A., Gibb, K., & Persley, D. (2000). Association of ‘ Candidatus Phytoplasma australiense’ with green petal and lethal yellows diseases in strawberry. *Plant Pathology*, *49*(3), 362–369. https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.2000.00461.x.

Pallas, V., Aparicio, F., Herranz, M. C., Amari, K., Sanchez-Pina, M. A., Myrta, A., & Sanchez-Navarro, J. A. (2012). Ilarviruses of Prunus spp.: A Continued Concern for Fruit Trees. *Phytopathology®*, *102*(12), 1108–1120. https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-12-0023-RVW.

Paltrinieri, S., Botti, S., Bertaccini, A., Molin, F. D., Mori, N., & Fiore, N. (2006). Are phytoplasmas involved in a severe peach decline? In R. Infante (Ed.), *Proceedings of the Sixth International Peach Symposium* (pp. 421–426). Acta Horticolturae.

Paulsen, A. Q., & Fulton, R. W. (1968). Hosts and properties of a plum line pattern virus. *Phytopatology*, *58*, 766–772.

Perilla, L. M., & Franco-Lara, L. (2012). Phytoplasmas of group 16SrI associated with strawberry (Fragaria x ananassa) in Colombia. *Proceedings of the 22nd International Conference on Virus and Other Graft Transmission Diseases of Fruit Crops, Rome, Italy*, 3–8.

Perilla-Henao, L., Wilson, M. R., & Franco-Lara, L. (2016). Leafhoppers *Exitianus atratus* and *Amplicephalus funzaensis* transmit phytoplasmas of groups 16SrI and 16Sr <scp>VII</scp> in Colombia. *Plant Pathology*, *65*(7), 1200–1209. https://doi.org/10.1111/ppa.12490.

Petersen, S., Keith, C., Austin, K., & Qiu, W. (2017). Phylogenetic relationship of Grapevine vein clearing virus isolates in wild plant species and in cultivated grapevines. *Phytopathology*, *107*, 102–103.

Pine, T. (1979). Peach mosaic. In *Virus Diseases and Noninfectious Disorders of Stone Fruits in North America. USDA Agriculture Handbook* (Vol. 79, pp. 186–189). USDA Washington (US).

Pinon, A. F., & Martin, R. R. (2018). First Report of Strawberry Necrotic Shock Virus in Strawberry in Benguet, Philippines. *Plant Disease*, *102*(11), 2385–2385. https://doi.org/10.1094/PDIS-03-18-0491-PDN.

Purcell, A. (1966). Vector transmission and epidemiology of indigenous and exotic prokaryotic pathogens of plants. *Atti Convegno Annuale SIPaV*, 5–11.

Qiu, W., Avery, J. D., & Lunden, S. (2007). Characterization of a Severe Virus-like Disease in Chardonnay Grapevines in Missouri. *Plant Health Progress*, *8*(1). https://doi.org/10.1094/PHP-2007-1119-01-BR.

Qiu, W., & Schoelz, J. (2017). Grapevine vein clearing virus: Diagnostics, Genome, Genetic Diversity, and Management. In *Grapevine Viruses: Molecular Biology, Diagnostics and Management* (pp. 315–330). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-57706-7_15.

Quito, D., & Martin, R. R. (2012). Raspberry latent virus, a new Reovirus isolated from crumbly fruited red raspberry plants. *Acta Horticulturae*, *926*, 593–599. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2012.926.85.

Rahardja, U., Whalon, M. E., Garcia-Salazar, C., & Tang Yan, Y. (1992). Field Detection of X-Disease Mycoplasmalike Organism in Paraphlepsius irroratus (Say) (Homoptera: Cicadellidae) Using a DNA Probe. *Environmental Entomology*, *21*(1), 81–88. https://doi.org/10.1093/ee/21.1.81.

Ramsdell, D. C. (1995). Susceptibility of American Grapevine Scion Cultivars and French Hybrid Rootstock and Scion Cultivars to Infection by Peach Rosette Mosaic Nepovirus. *Plant Disease*, *79*(2), 154. https://doi.org/10.1094/PD-79-0154.

Ramsdell, D. C., & Gillet, J. M. (1998). Peach rosette mosaic virus. *CMI/AAB Description of Plant Viruses*, *364*.

Ramsdell, D., & Myers, R. (1968). Epidemiology of peach rosette mosaic virus in a Concord grape vineyard. *Phytopathology*, *68*, 447–450.

Ramsdell, D., & Stace-Smith, R. (1983). Blueberry leaf mottle virus. In *CABI Compendium*. https://doi.org/10.1079/cabicompendium.9355.

Reinhold, L. A., & Pscheidt, J. W. (2023). Diagnostic and Historical Surveys of Sweet Cherry (Prunus avium) Virus and Virus-Like Diseases in Oregon. *Plant Disease*, *107*(3), 633–643. https://doi.org/10.1094/PDIS-02-21-0327-SR.

Reynard, J.-S., Brodard, J., Dubuis, N., Kellenberger, I., Spilmont, A.-S., Roquis, D., Maliogka, V., Marchal, C., Dedet, S., Gning, O., Croll, D., Gindro, K., Schumpp, O., Spring, J.-L., & Lacombe, T. (2022). Screening of grapevine red blotch virus in two European ampelographic collections. *Journal of Plant Pathology*, *104*(1), 9–15. https://doi.org/10.1007/s42161-021-00952-9.

Riedle-Bauer, M., Paleskić, C., Schönhuber, C., Staples, M., & Brader, G. (2022). Vector transmission and epidemiology of 'Candidatus Phytoplasma pyri' in Austria and identification of Cacopsylla pyrisuga as new pathogen vector. *Journal of Plant Diseases and Protection*, *129*(2), 375–386. https://doi.org/10.1007/s41348-021-00526-y.

Romero Romero, J. L., Carver, G. D., Arce Johnson, P., Perry, K. L., & Thompson, J. R. (2019). A rapid, sensitive and inexpensive method for detection of grapevine red blotch virus without tissue extraction using loop-mediated isothermal amplification. *Archives of Virology*, *164*(5), 1453–1457. https://doi.org/10.1007/s00705-019-04207-y.

Rosenberger, D. A., & Jones, A. L. (1977). Seasonal variation in infectivity of inoculum from X-diseased peach and chokecherry plants. *Plant Disease Reporter*, *61*, 1022–1024.

Rott, M., & Jelkmann, W. (2011). Cherry necrotic rusty mottle and Cherry rusty mottle viruses. In A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, & W. Jelkmann (Eds.), *Virus and Virus-like Diseases of Pome and Stone Fruits.* (pp. 133–136). American Phytopathological Society.

Sabaté, J., Laviña, A., & Batlle, A. (2014). First Report of ' *Candidatus* Phytoplasma pyri' Causing Peach Yellow Leaf Roll (PYLR) in Spain. *Plant Disease*, *98*(7), 989–989. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-13-1105-PDN.

Salehi, M., Salehi, E., Siampour, M., Quaglino, F., & Bianco, P. (2018). Apricot yellows associated with 'Candidatus Phytoplasma phoenicium' in Iran. *Phytopathologia Mediterranea*, *57*(2), 269–283.

Sánchez-Navarro, J. A., Aparicio, F., Herranz, M. C., Minafra, A., Myrta, A., & Pallás, V. (2005). Simultaneous detection and identification of eight stone fruit viruses by one-step RT-PCR.

European Journal of Plant Pathology, *111*(1), 77–84. https://doi.org/10.1007/s10658-004-1422-y.

Sandoval, C. R., Ramsdell, D. C., & Hancock, J. F. (1995). Infection of wild and cultivated Vaccinium spp. with blueberry leaf mottle nepovirus. *Annals of Applied Biology*, *126*(3), 457–464. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1995.tb05380.x.

Sano, T., Yoshida, H., Goshono, M., Monma, T., Kawasaki, H., & Ishizaki, K. (2004). Characterization of a new viroid strain from hops: evidence for viroid speciation by isolation in different host species. *Journal of General Plant Pathology*, *70*(3), 181–187. https://doi.org/10.1007/s10327-004-0105-z.

Scott, S. W., & Zimmerman, M. T. (2001). American plum line pattern virus is a disrinct Ilarvirus. *Acta Horticulturae*, *550*, 221–228. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2001.550.31.

Sdoodee, R., & Teakle, D. S. (1993). Studies on the mechanism of transmission of pollen-associated tobacco streak ilarvirus virus by Thrips tabaci. *Plant Pathology*, *42*(1), 88–92. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1993.tb01473.x.

Seemüller, E., Schaper, U., & Kunze, L. (1986). Effect of Pear Decline on Pear Trees on 'Quince A' and Pyrus Communis Seedling Rootstocks. *Ournal of Plant Diseases and Protection*, *93*(1), 44–50.

Seemüller, E., & Schneider, B. (2004). 'Candidatus Phytoplasma mali', 'Candidatus Phytoplasma pyri' and 'Candidatus Phytoplasma prunorum', the causal agents of apple proliferation, pear decline and European stone fruit yellows, respectively. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *54*(4), 1217–1226. https://doi.org/10.1099/ijs.0.02823-0.

Sharman, M., Constable, F., Perera, R., & Thomas, J. E. (2011). First report of Strawberry necrotic shock virus infecting strawberry (Fragaria vesca) from Australia. *Australasian Plant Disease Notes*, *6*(1), 54–56. https://doi.org/10.1007/s13314-011-0018-6.

Silva, F. N., Queiroz, R. B., Souza, A. N., Al-Sadi, A. M., Siqueira, D. L., Elliot, S. L., & Carvalho, C. M. (2014). First report of a 16SrII-C Phytoplasma associated with asymptomatic acid lime (Citrus aurantifolia) in Brazil. *Plant Disease*, *98*(11), 1577–1577. https://doi.org/10.1094/PDIS-04-14-0431-PDN.

Sinha, R. C., & Chiykowski, L. N. (1984). Purification and serological detection of mycoplasmalike organisms from plants affected by peach eastern X-disease. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *6*(3), 200–205. https://doi.org/10.1080/07060668409501551.

Stace-Smith, R., & Hansen, A. (1976). Cherry rasp leaf virus. *CMI/AAB Descriptions of Plant Viruses*, *159*.

Stace-Smith, R., & Ramsdell, D. (1987). Nepoviruses of the Americas. In *Current Topics in Vector Research* (Vol. 3, pp. 131–166). Springer-Verlag.

Sudarshana, M. R., Perry, K. L., & Fuchs, M. F. (2015). Grapevine Red Blotch-Associated Virus, an Emerging Threat to the Grapevine Industry. *Phytopathology®*, *105*(7), 1026–1032. https://doi.org/10.1094/PHYTO-12-14-0369-FI.

Tan, J. L., Trandem, N., Fránová, J., Hamborg, Z., Blystad, D.-R., & Zemek, R. (2022). Known and Potential Invertebrate Vectors of Raspberry Viruses. *Viruses*, *14*(3), 571. https://doi.org/10.3390/v14030571.

Tzanetakis, I. E., Mackey, I. C., & Martin, R. R. (2004). Strawberry necrotic shock virus: a new virus previously thought to be Tobacco streak virus. *Acta Horticulturae*, *656*, 27–31. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2004.656.2.

Tzanetakis, I. E., & Martin, R. R. (2007). Strawberry chlorotic fleck: Identification and characterization of a novel Closterovirus associated with the disease. *Virus Research*, *124*(1–2), 88–94. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2006.10.005.

Uhls, A., Petersen, S., Keith, C., Howard, S., Bao, X., & Qiu, W. (2021). Grapevine vein clearing virus is prevalent and genetically variable in grape aphid (Aphis illinoisensis Shimer) populations. *Plant Disease*, *105*(5), 1531–1538. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-20-2176-RE.

Untiveros, M., Perez-Egusquiza, Z., & Clover, G. (2010). PCR assays for the detection of members of the genus Ilarvirus and family Bromoviridae. *Journal of Virological Methods*, *165*(1), 97–104. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2010.01.011.

Ushiyama, R., Bullivant, S., & Matthews, R. E. F. (1969). A mycoplasma-like organism associated with Phormium yellow leaf disease. *New Zealand Journal of Botany*, *7*(4), 363–371. https://doi.org/10.1080/0028825X.1969.10428851.

Uyemoto, J. K. (1989). Union Aberration of Sweet Cherry on Prunus mahaleb Rootstock Associated with X-disease. *Plant Disease*, *73*(11), 899. https://doi.org/10.1094/PD-73-0899.

Uyemoto, J. K., Taschenberg, E. F., & Hummer, D. K. (1977). Isolation and identification of a strain of grapevine Bulgarian latent virus in Concord grapevine in New York State. *Plant Disease Reporter*, *61*(11), 949–953.

Uyemoto, J., & Kirkpatrick, B. (2011). X-disease phytoplasma. In A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, & W. Jelkmann (Eds.), *Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruits* (pp. 243–245). APS Press.

Velez-Climent, M., Soria, P., Dey, K., Mou, D.-F., McVay, J., & Bahder, B. W. (2022). Detection and Characterization of Viruses and Viroids in Diospyros Species from Florida, U.S.A. *Plant Health Progress*, *23*(3), 308–316. https://doi.org/10.1094/PHP-12-21-0144-RS.

Villamor, D. V., Druffel, K. L., & Eastwell, K. C. (2013). Complete nucleotide sequence of a virus associated with rusty mottle disease of sweet cherry (Prunus avium). *Archives of Virology*, *158*(8), 1805–1810. https://doi.org/10.1007/s00705-013-1668-9.

Villamor, D. E. V., & Eastwell, K. C. (2013). Viruses Associated with Rusty Mottle and Twisted Leaf Diseases of Sweet Cherry Are Distinct Species. *Phytopathology®*, *103*(12), 1287–1295. https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-13-0140-R.

Villamor, D. E. V., Ward, K. F., Collman, S. J., & Eastwell, K. C. (2014). First Report of Infection of Cherry Rusty Mottle Associated Virus in Portuguese Laurel (*Prunus lusitanica*) in

Washington State. *Plant Disease*, *98*(5), 699–699. https://doi.org/10.1094/PDIS-09-13-0921-PDN.

Wadley, B., & Nyland, G. (1976). Rusty mottle group. In R. Gilmer, J. Moore, G. Nyland, M. Welsh, & T. Pine (Eds.), *Virus Diseases and Noninfectious Disorders of Stone Fruits in North America* (Vol. 437, pp. 242–249). U.S. Department of Agriculture. Agricultural Handbook.

Wang, J., Gao, R., Yu, X. M., An, M., Qin, Z. H., Liu, J., & Ai, C. X. (2015). Identification of 'Candidatus phytoplasma ziziphi' associated with persimmon (Diospyros kaki Thunb.) fasciation in China. *Forest Pathology*, *45*(4), 342–345. https://doi.org/10.1111/efp.12194.

Wang, J. W., Zhu, D. Z., Liu, Q. Z., Davis, R. E., & Zhao, Y. (2014). First Report of Sweet Cherry Virescence Disease in China and Its Association with Infection by a ' Candidatus Phytoplasma ziziphi'-Related Strain. *Plant Disease*, *98*(3), 419–419. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-13-0787-PDN.

Wei, W., Davis, R. E., Lee, I.-M., & Zhao, Y. (2007). Computer-simulated RFLP analysis of 16S rRNA genes: identification of ten new phytoplasma groups. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *57*(8), 1855–1867. https://doi.org/10.1099/ijs.0.65000-0.

Yang, Y., Zhao, W., Li, Z., & Zhu, S. (2011). Molecular Identification of a 'Candidatus Phytoplasma ziziphi'-related Strain Infecting Amaranth (Amaranthus retroflexus L.) in China. *Journal of Phytopathology*, *159*(9), 635–637. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2011.01808.x.

Yoshikawa, N., Iida, H., Goto, S., Magome, H., Takahashi, T., & Terai, Y. (1997). Grapevine berry inner necrosis, a new trichovirus: comparative studies with several known trichoviruses. *Archives of Virology*, *142*(7), 1351–1363.

Zambon, Y., Canel, A., Bertaccini, A., & Contaldo, N. (2018). Molecular Diversity of Phytoplasmas Associated with Grapevine Yellows Disease in North-Eastern Italy. *Phytopathology®*, *108*(2), 206–214. https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-17-0253-R.

Zreik, L., Carle, P., Bove, J. M., & Garnier, M. (1995). Characterization of the Mycoplasmalike Organism Associated with Witches'-Broom Disease of Lime and Proposition of a Candidatus Taxon for the Organism, "Candidates Phytoplasma aurantifolia." *International Journal of Systematic Bacteriology*, *45*(3), 449–453. https://doi.org/10.1099/00207713-45-3-449.

Il presente DTU è stato redatto a cura di:

Carla Libia Corrado, Francesco Faggioli, Sabrina Pintus e Barbara Tiranti