

Modellistica per la difesa delle colture

INTRODUZIONE

La difesa delle colture da malattie e insetti ha subito, negli ultimi decenni, una profonda evoluzione determinata da un lato dalla disponibilità di nuove conoscenze e strumenti di intervento e dall'altra dall'emergere di problemi come l'inquinamento ambientale, la presenza di residui di fitofarmaci nei prodotti agricoli e l'insorgenza di resistenze genetiche ai prodotti fitosanitari.

D'altra parte, la gestione di un sistema complesso come quello derivante dall'interazione di coltura, avversità e ambiente richiede un oculato impiego dei mezzi di difesa e l'ottimizzazione delle strategie di intervento, sia nelle dosi che nelle modalità di applicazione.

La modellistica fitopatologica si è sviluppata con l'intento di fornire strumenti conoscitivi che permettano all'operatore di basare le decisioni relative alla protezione delle piante sull'effettivo stato del sistema patogenetico (Cossu et al., 1996). Più in particolare, ha il compito di descrivere la dinamica di quattro sottosistemi interagenti (patogeno, coltura, clima e interventi di controllo) ed è finalizzata alla riduzione delle perdite produttive e alla minimizzazione dei trattamenti, con l'intento di ridurre sia i costi diretti sia gli impatti negativi sull'ambiente, sulla salute dell'uomo e sulla qualità dei prodotti agricoli.

L'approccio modellistico alla difesa dalle fitopatie è essenzialmente conoscitivo e previsionale: si cerca cioè di conoscere le reali condizioni di pericolosità del patogeno (che non sempre è facilmente osservabile) e di prevederne la dinamica futura, per valutarne i rischi e quindi prendere le conseguenti decisioni per la mitigazione dei danni.

Ogni intervento presenta lati negativi come, ad esempio, il costo economico

* *Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali, Università di Udine*

(Cossu et al., 2004) e va quindi accuratamente ponderata, tenendo conto dei diversi fattori in gioco.

Attualmente, in Italia, sono numerosi i servizi fitoiatrici regionali che impiegano modelli per la previsione dello sviluppo di avversità biotiche. Sono trattati soprattutto funghi e insetti dannosi (tab. 1 e 2) con lo scopo di valutarne la pericolosità e quindi impostare i relativi trattamenti di controllo.

L'importanza crescente della modellistica nella difesa delle piante è confermata anche dai diversi progetti di ricerca proposti negli ultimi anni e che sono inerenti allo sviluppo di sistemi informatici a supporto delle decisioni d'intervento.

Nel presente lavoro saranno illustrate brevemente le diverse tipologie di modelli epidemiologici. Verrà poi introdotta una nuova tipologia di modello epidemiologico che utilizza un approccio Lagrangiano per rappresentare la distribuzione nel tempo degli individui della popolazione dei patogeni. Tale metodo verrà poi illustrato con due prototipi di modelli, uno relativo alla tignoletta della vite e uno per la peronospora del girasole.

SISTEMI DI SUPPORTO ALLE DECISIONI E MODELLISTICA FITOPATOLOGICA

I sistemi di supporto alle decisioni (DSS) sfruttano tutte le tecniche informatiche disponibili per integrare informazioni e conoscenze al fine di minimizzare i rischi di decisioni prese in condizioni di incertezza (Parker, 1999).

Le necessità conoscitive per la costruzione di un DSS a supporto della difesa fitopatologica sono diverse. A tal riguardo, gli aspetti di coltura, ambiente climatico, patogeno e interventi vengono generalmente modellizzati con moduli diversi che interagiscono tra loro. Il sistema decisionale può essere impiegato dal tecnico che opera nella difesa fitopatologica per individuare i periodi migliori per effettuare i trattamenti e identificare le soglie di danno. Un esempio di DSS per la difesa fitopatologica è il Wheat Disease Manager (WDM) (Paveley et al., 2000), che rappresenta uno strumento utile per operare scelte ottimali relativamente ai trattamenti fungicidi (prodotti, dosi e tempi) per il controllo delle malattie del frumento.

Epidemiologia del patogeno

Nell'implementazione di un modello epidemiologico occorre innanzitutto conoscere approfonditamente il ciclo biologico di sviluppo del patogeno. In rapporto alle condizioni ambientali e alla coltura, il modello dovrebbe stimare l'evoluzione temporale dei diversi stadi di sviluppo (ad esempio, uovo-larva-pupa-adulto,

PATOLOGIA	NOME MODELLO	ORIGINE	RIFERIMENTI
PLASMOPARA VITICOLA	EPI	Francia	Strizyk, 1983
	PRO: Plasmopara Risk Oppenheim	Germania	Hill, 1990
	MILVIT	Francia	Magnien, 1991
	PLASMO	Italia-CESIA(Fi)	Orlandini, 1993
	DM CAST	USA	Park, 1997
	VINEMILD	Francia	Blaise, 1999
	DMODEL	USA	Magarey, 1991
	GALATI-VITIS	Slovacchia ed Ungheria	Vanek, 1994
	PERO Goidanich	Germania	Hoppmann, 1997 Goidanich, 1964
OIDIO DELLA VITE	Gubler –Thomas	USA	Thomas, 1994
	Kast	Germania	-
TICCHIALATURA DEL MELO	RIMpro	Olanda	Trapman, 1994
	ASCHORF	Servizio Meteo Tedesco	Wittich, 1998
	Adem	Inghilterra	Xu, 1996
	Clean Arbo	Francia	Ctifl
	A-SCAB	Italia –UCSC -Piacenza	Rossi, 2000
MACULATURA BRUNA PERO	BSP-Cast	Spagna - Italia	Llorente, 2000
CERCOSPORA	CERCOPRI, CER-CODEP	Italia –UCSC -Piacenza	Rossi, 1990, 1993
PERONOSPORA	MISP (patata, pomodoro)	Svizzera -Zurigo	Ruckstuhl, 1995
	Onimil (liliacee, girasole)	Italia	Battilani, 1996
	MILIONCAST (cipolla)	Inghilterra	Gilles, 2004

Tab. 1 *Alcuni modelli di sviluppo di crittogame*

PATOLOGIA	NOME MODELLO	ORIGINE	RIFERIMENTI
Eulia Tignola, Carpocaspia, Ricamatrice pomacee, Lobesia x frutticole	Modello MRV (modello ritardo variabile)	Italia- Servizio Fitosanitario Emilia Romagna	Vari, anni '90
Bactrocera oleae	Modello S.A.R.	Italia - Sardegna	Cossu et al., 1996
Anarsia lineatella	-	USA	Brunner, 1984
Lobesia botrana	Modello fenologico di volo	Italia-Svizzera	Baumgartner, 1988
Tignola orient. pesco	PETE model	USA	Croft, 1980

Tab. 2 *Modelli di sviluppo di insetti dannosi per le piante*

oospora-zoospora-micelio, ecc.), nonché la distribuzione della popolazione del patogeno nei diversi stadi e la dispersione nel tempo delle diverse fasi.

Ambiente climatico

La dinamica delle popolazioni dei patogeni e l'evolversi dei loro stadi di sviluppo sono ampiamente influenzati dalle condizioni microclimatiche dell'ambiente. Trattandosi di organismi pecilotermi (eterotermi) la loro temperatura segue fedelmente quella dell'ambiente e quindi i meccanismi fisiologici subiscono variazioni corrispondenti, trovando condizioni ottimali generalmente intorno a 20-30 °C, per ridursi progressivamente a temperature inferiori e superiori. Oltre che sullo sviluppo, le condizioni ambientali influiscono anche sulla capacità del patogeno di infettare un tessuto vegetale e sulla suscettibilità della pianta nonché sulla presenza di altri bionti in competizione (malerbe, predatori, ecc.). Altri fattori determinanti per lo sviluppo di molti agenti patogeni fungini sono spesso l'umidità relativa dell'aria, l'umidità del suolo e la presenza di bagnatura fogliare.

Coltura

Lo stato della coltura ospitante è determinante ai fini dell'insorgere di un'interazione negativa con l'organismo patogeno. I concetti di suscettibilità, tolleranza e resistenza (che si applicano sia alle malattie da funghi che agli attacchi di insetti) sono legati a diversi fattori: 1) caratteristiche genetiche specifiche e varietali; 2) stadio di sviluppo della pianta; 3) condizioni ambientali.

Ad esempio, l'area fogliare, variabile fondamentale per i modelli di crescita delle colture, è anche importante per tutti i modelli epidemiologici relativi a parassiti che vivono a spese del tessuto fogliare.

Nell'ambito del modello di difesa, il modulo colturale può essere molto semplice: al limite costituito dal solo modello fenologico dello sviluppo della coltura, basato sulle somme termiche. Oppure può comprendere anche la simulazione dell'area fogliare. Nei modelli colturali più evoluti l'area fogliare è strettamente legata al processo fotosintetico e quindi alla produzione di fitomassa e di produzione utile (semi, tuberi, ecc.).

L'attività modellistica per la descrizione della crescita colturale è iniziata alla fine degli anni sessanta, soprattutto in USA e Olanda, prima affrontando problematiche di ricerca e poi passando alla realizzazione di modelli colturali per condizioni reali. Dai modelli della coltura si è passati ai modelli dei

sistemi colturali che permettono di descrivere anche l'alternanza di diverse colture sullo stesso suolo e quindi gli effetti di rotazione e le modificazioni pedologiche nel tempo (erosione, fertilità, ecc.).

Tra i primi modelli di coltura sviluppati vi sono stati quelli della famiglia CERES (Jones e Kiniry, 1986) dai quali, successivamente, è derivato DSSAT (Jones et al., 2002), un sistema di supporto alle decisioni colturali che comprende modelli specifici per diverse colture e l'attuale CROPGRO (Boote et al., 1998), simulatore colturale generico, realizzato nell'ambito di collaborazioni USA Olanda. Il primo modello ad affrontare la descrizione del sistema colturale è stato EPIC (Williams et al., 1983; Williams et al., 1984; Easterling et al., 1992). Tale modello, inizialmente realizzato per affrontare problemi di conservazione del suolo ha avuto numerose evoluzioni e miglioramenti (soprattutto per la parte biologica) anche ad opera di gruppi di ricerca francesi (Quinones e Cabelguenne, 1990; Cabelguenne et al., 1999).

In Australia un numeroso gruppo di agronomi e informatici lavora da alcuni anni al progetto APSIM (Keating et al., 2002) che costituisce, di fatto, anche un ambiente "*plug and play*" per lo sviluppo di modelli per i sistemi colturali.

Altre iniziative di largo respiro riguardano il modello WoFoSt (*World Food Studies* sviluppato a Wageningen negli anni '80 e impiegato dal centro JRC di Ispra come nucleo centrale del "*Crop Growth Monitoring System*" (Supit et al., 1994), il modello SUCROS, anch'esso sviluppato a Wageningen dalla scuola di de Wit e, nelle diverse versioni, base per molti altri modelli successivi e STICS (sviluppato recentemente in Francia da un gruppo di ricercatori; Brisson et al., 1998, Brisson et al., 2002).

Attualmente CropSyst (Stockle et al., 1994; Stockle e Donatelli, 1997; Stockle et al., 2002) risulta tra i più diffusi ed evoluti software per la simulazione dei sistemi colturali ed è impiegato anche da numerosi ricercatori italiani.

In Italia, Danuso e collaboratori (1999) hanno realizzato CSS (*Cropping System Simulator*), un modello per la simulazione dei sistemi colturali sviluppato con l'ambiente di modellazione SEMola.

I MODELLI EPIDEMIOLOGICI

Una classificazione dei modelli epidemiologici distingue tra modelli statici e modelli dinamici. Tra questi ultimi si annoverano i modelli fenologici (che rappresentano i ritmi di sviluppo di un individuo medio che rappresenta l'intera popolazione), demografici (che simulano il cambiamento nel tempo del numero di individui dell'intera popolazione, ripartiti nei diversi stadi di svi-

luppo), a ritardo variabile (che rappresentano sviluppo, demografia nonché struttura interna e dispersione della popolazione), basati sulle coorti (sviluppo della popolazione, demografia e struttura interna, nell'ipotesi che le diverse coorti non siano interagenti) e basati sugli individui (sviluppo, demografia, struttura interna nell'ipotesi che i diversi individui interagiscano).

I modelli dinamici descrivono il sistema rappresentandone i cambiamenti nel tempo; è quindi possibile seguire sia l'evoluzione del patogeno che i danni causati. Si possono distinguere modelli fenologici, demografici, a ritardo, a coorti e basati sugli individui.

Modelli statici

Sono modelli empirici e quindi basati essenzialmente su dati di osservazione o di misura. Per tal motivo non utilizzano (o poco) le conoscenze generali (*a priori*) sul sistema.

Gli strumenti statistico-computazionali che si impiegano per implementare questi modelli sono principalmente la regressione o le reti neurali.

Un esempio di modello statico di previsione dell'infestazione da *Bactrocera oleae* è quello di Pucci e Paparatti (1994) sviluppato per gli ambienti olivicoli della regione Abruzzo. Il modello di previsione è stato messo a punto presso il Dipartimento di Protezione Vegetale della Facoltà di Agraria della Tuscia a Viterbo e prevede il calcolo di un indice Z (che rappresenta la gravità dell'infestazione) secondo la seguente formula:

$$Z = 0,039 \cdot (Fm - 9,7) - 0,186 \cdot (Tm - 22,1^*)$$

dove:

Z indice della gravità dell'infestazione

Fm numero medio di femmine /trappola/settimana

Tm temperatura media della settimana in cui sono state effettuate le catture, ottenuta mediante la media aritmetica delle massime e minime giornaliere.

* negli oliveti irrigui assume il valore 23,5; negli oliveti irrigui prossimi alla costa assume il valore 24,5.

Modelli fenologici

I modelli fenologici prevedono il verificarsi delle fasi di sviluppo di un patogeno in funzione dei fattori ambientali e, in modo particolare, della tem-

peratura. Tutti i modelli fenologici si basano sul concetto di temperatura utile integrata nel tempo, con soglie inferiori e superiori per i valori termici (fig. 1). I modelli fenologici sono stati i primi ad essere impiegati (Allen, 1976) e forniscono utili indicazioni sui momenti ottimali per gli interventi fitosanitari, in relazione alla sensibilità del patogeno o alla suscettibilità della coltura.

Esistono due tipologie fondamentali di modelli fenologici, tra loro equivalenti:

- 1) modelli a “somma termica”, in cui, giorno per giorno, viene calcolata una somma di temperature; ciascuna fase di sviluppo si ritiene completata al raggiungimento di un valore specifico di temperatura accumulata;
- 2) modelli a “indice di sviluppo”, in cui il tasso di sviluppo del patogeno (frazione di fase che si completa in un giorno) viene accumulato in un indice fenologico; quando l'indice assomma a 1, la fase è completata e lo stadio di sviluppo successivo è raggiunto.

Modelli demografici

Nei modelli demografici la popolazione è strutturata in gruppi diversi per stadio di sviluppo (ad esempio, uovo, larva, ecc.) e viene rappresentato l'evol-

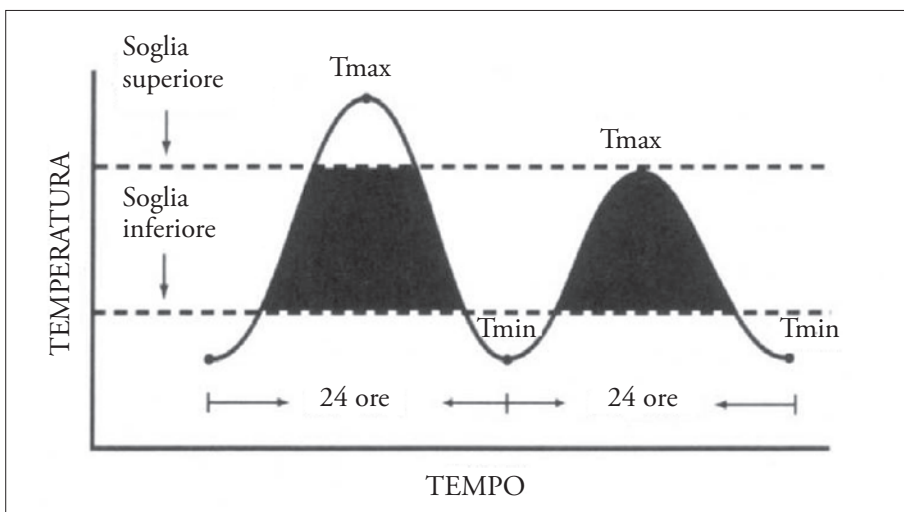


Fig. 1 Soglie termiche per lo sviluppo degli insetti. Si evidenziano in nero le aree di integrazione della temperatura che costituiscono la somma di temperatura utile giornaliera per lo sviluppo

versi della loro consistenza numerica conseguente a nascite, morti, immigrazioni/emigrazioni e velocità di sviluppo.

L'approccio modellistico è basato sugli stati aggregati e gli individui presenti in ciascuno stadio sono considerati omogenei. Il passaggio da uno stadio all'altro avviene come un flusso dipendente dalle condizioni ambientali, dalla numerosità degli individui di ogni stadio e dalle caratteristiche intrinseche della popolazione. Non è considerata invece la struttura di età degli individui appartenenti ad ogni stadio di sviluppo.

Modelli a ritardo

I modelli a ritardo (detti anche a ritardo distribuito) sono in grado di simulare lo sviluppo di una popolazione di patogeni (insetti o altro) descrivendo il passaggio degli individui attraverso le proprie fenofasi secondo un concetto di ritardo dal completamento della fase precedente (Manetsch, 1976). Il ritardo è determinato sia da fatti endogeni, specifici per ciascuna popolazione di patogeni sia da cause esterne, in primo luogo la temperatura dell'ambiente. Se il ritardo dipende solamente da caratteristiche interne i modelli sono a "ritardo fisso" mentre se, più realisticamente, l'entità del ritardo cambia in funzione della temperatura si realizzano modelli "a ritardo variabile".

I modelli a ritardo variabile permettono di rappresentare la distribuzione nel tempo di una popolazione senza determinarne la dispersione, come avviene invece nel modello demografico a stati aggregati. I modelli a ritardo variabile sono quindi in grado di riprodurre processi stocastici in cui i tempi di sviluppo di ogni singolo stadio sono caratterizzati da un valore medio e da una varianza. Gli individui di una popolazione passano attraverso le stesse fasi in tempi diversi a causa della variabilità genetica e ambientale.

I modelli a ritardo, nella pratica, sono in grado di descrivere bene la distribuzione in classi di età della popolazione del patogeno, evidenziandone i picchi di pullulazione, indicando non solo quando si verifica mediamente un dato evento fenologico, ma la sua intera distribuzione nel tempo. Ne è un esempio il modello a temperatura variabile "TVD" di Severini et al. (2002).

Modelli basati sulle coorti

Sono modelli che trattano distintamente ciascun gruppo omogeneo di individui i quali sono considerati non interagenti. La successione ordinata di stadi è carat-

teristica della specie a cui l'individuo appartiene e tutti gli individui della stessa specie attraversano la stessa successione di stadi. Una popolazione è, per definizione, l'insieme degli individui della stessa specie che vivono nello stesso intervallo spazio-temporale ed una coorte è costituita da individui della stessa popolazione, nati contemporaneamente, che condividono lo stesso destino. Se appartengono ad una specie peciloterma (Podolsky, 1984), gli individui di una coorte raggiungono un qualunque stadio successivo alla nascita in un tempo dipendente dalla temperatura. L'evidenza empirica dimostra tuttavia che, anche se la temperatura si mantiene costante, essi non raggiungono lo stesso stadio contemporaneamente, ma con una certa distribuzione nel tempo (sviluppo stocastico, Curry and Feldman, 1987). I modelli a coorti cercano di riflettere questa variabilità specifica.

Modelli basati sugli individui

I modelli basati sugli elementi o sugli individui (*individual-based models*) permettono di rappresentare il comportamento globale di un sistema come conseguenza delle interazioni locali tra gli elementi che lo compongono (Gilioli et al., 2002). Rappresentano quindi la popolazione attraverso la descrizione dei comportamenti (deterministici o stocastici) di un numero di singoli individui, adeguato a rappresentarne le proprietà statistiche. I modelli basati sugli individui sono anche quelli basati su agenti (*agent based models*). Tali modelli permettono di trattare non solo l'evoluzione della struttura della popolazione legata alle interazioni con l'ambiente (ad esempio, con la temperatura) ma anche le interazioni tra i singoli individui. Si tratta di modelli molto realistici ma, spesso, caratterizzati da complessità realizzativa, lentezza di calcolo e difficoltà di calibrazione e impiego. Sono modelli particolarmente adatti a rappresentare esplicitamente la posizione spaziale e i movimenti dei singoli individui.

L'AMBIENTE SEMOLA PER LO SVILUPPO DEI MODELLI

In questo lavoro sono presentati due esempi di modelli epidemiologici la cui implementazione è stata eseguita con l'ambiente di modellazione SEMoLa (*Simple Easy Modelling Language*), sviluppato presso il Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali dell'Università di Udine (Danuso, 2003).

Un modello SEMoLa è un file di testo formato da linee, ognuna corrispondente ad una componente del sistema allo studio (fig. 2). Ogni linea

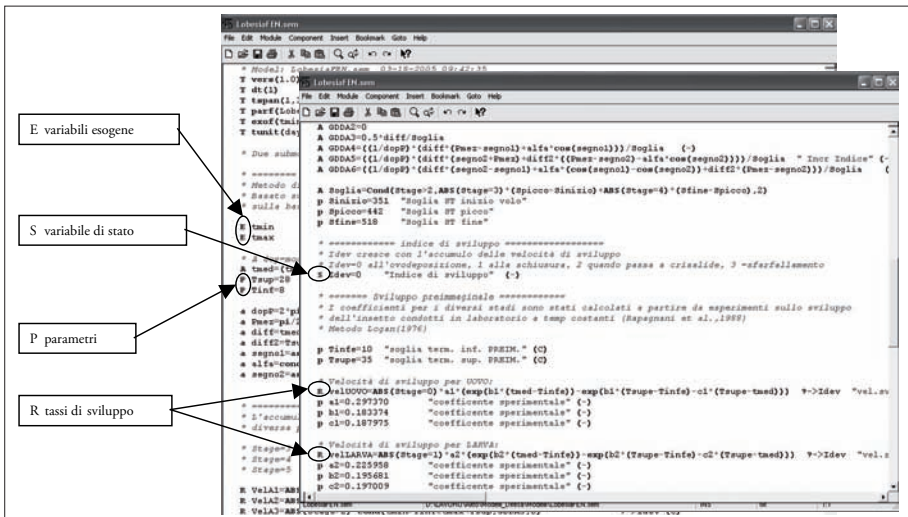
è identificata da una lettera indicante la tipologia dell'elemento del sistema (stato, parametro, tasso, variabile ausiliaria, variabile esogena, evento). Con il linguaggio SEMoLa il sistema viene scomposto nelle seguenti componenti:

- stati (numero di individui nei diversi stadi di sviluppo, età, indice di sviluppo);
- tassi (nascite, morti, immigrazioni, emigrazioni, chiusura, sfarfallamento, germinazione);
- parametri (temperature soglia, coefficienti di natalità e mortalità, latitudine);
- variabili esogene (temperatura, umidità dell'aria o del suolo, precipitazioni);
- variabili ausiliarie (fotoperiodo, temperatura media);
- eventi (trattamenti fitosanitari, grandine, operazioni colturali).

Gli stati trattano quantità conservative che cambiano nel tempo per effetto dell'accumulazione dei tassi di flusso, secondo una analogia idraulica. I tassi di flusso (*rates*) sono calcolati, per ogni passo di simulazione, sulla base dei valori degli stati, delle variabili esogene e dei parametri. I parametri sono valori fissi, ossia stabiliti o calcolati all'inizio della simulazione e rimangono invariati per tutto il suo decorso (o almeno fino a che non vengano modificati da eventi, interni o esterni).

SEMoLa è in grado di trattare modelli dinamici fenologici, demografici e modelli a coorti.

Una proprietà dell'ambiente di sviluppo SEMoLa è la possibilità di effettuare, in modo automatizzato, tre importanti operazioni sui modelli epidemiologici:



1. *Analisi della sensibilità.* Si tratta di una procedura mediante la quale è possibile valutare la risposta del modello alla variazione dei parametri, degli input ambientali (temperatura) e degli eventi colturali rappresentati dal modello. Si ottengono indicazioni sui parametri da calibrare e sulle migliori modalità di gestione del sistema reale.
2. *Calibrazione.* È una procedura attraverso la quale si opera un aggiustamento dei parametri basato sul confronto tra valori simulati dal modello e dati osservati in campo, al fine di migliorare l'affidabilità del modello e di identificare le modalità ottimali di intervento fitosanitario.
3. *Validazione del modello.* È una procedura con la quale si confrontano i dati simulati dal modello con dati sperimentali, diversi da quelli impiegati per lo sviluppo del modello stesso, al fine di identificarne la precisione di stima e le capacità previsionali.

APPROCCIO LAGRANGIANO ALLA MODELLISTICA EPIDEMIOLOGICA

Modelli stocastici lagrangiani

I due modelli epidemiologici presentati in questo lavoro sono stati implementati con il linguaggio SEMoLa, seguendo un nuovo approccio per la rappresentazione della struttura demografica delle popolazioni che si basa sul modello stocastico lagrangiano.

I modelli lagrangiani sono comunemente impiegati per la simulazione della dispersione nello spazio delle particelle inquinanti, più spesso derivate da sorgente puntiforme, come quelle provenienti dalle ciminiere. Nell'approccio *lagrangiano*, la posizione spaziale di ciascuna singola particella inquinante è descritta come funzione delle forze stocastiche create dalla turbolenza dell'aria e che ne provocano la dispersione. Tale approccio si contrappone a quello *euleriano* in cui lo spazio è suddiviso in celle regolari e la quantità di inquinante viene descritta come risultato dei flussi di inquinante tra le diverse celle.

Con l'approccio lagrangiano la distribuzione dell'inquinante nell'ambiente si ottiene ripetendo la simulazione con un modello che descrive gli spostamenti della singola particella. La turbolenza è rappresentata nel modello da funzioni per la generazione di numeri casuali e questo fa sì che, ad ogni simulazione, si generino traiettorie nello spazio sempre diverse ma che, nel loro insieme, sono in grado di caratterizzare la distribuzione spaziale delle particelle di inquinante.

L'approccio lagrangiano è stato impiegato in ambito biologico per rappre-

sentare fenomeni spaziali come la sciamatura (Edelstein-Keshet, 1999; Flierl, 1999). Tali modelli vengono definiti “*individual based lagrangian models*”.

Il vantaggio del modello lagrangiano è la possibilità di trattare in modo naturale la presenza di disturbi casuali, anche con modelli estremamente semplici. I limiti derivano invece dal fatto che gli individui sono considerati non-interagenti e che è necessaria una certa quantità di calcolo per ottenere risultati validi solo asintoticamente, cioè ripetendo le simulazioni molte volte fino a che i parametri statistici delle popolazioni generate non cambiano in maniera apprezzabile. Inoltre è necessario un “*post-processing*” dei risultati delle simulazioni al fine di ottenere le distribuzioni degli elementi simulati.

La dispersione degli inquinanti e la dispersione biologica

L'approccio lagrangiano calcola la posizione e la velocità di ciascuna particella elementare in un flusso turbolento. Lo spostamento dell'individuo nello spazio è ottenuto integrando le equazioni:

$$V_i = \frac{dX_i}{dt} \quad (1)$$

dove:

V_i è una delle tre componenti spaziali (i) della velocità della particella;

X_i sono le coordinate spaziali della particella;

t il tempo.

Se sostituiamo le differenze finite alle derivate della posizione spaziale rispetto al tempo (1), possiamo calcolare la posizione della particella al tempo $t+dt$ a partire dalla sua posizione al tempo t con le seguenti equazioni di stato:

$$X_i(t + dt) = X_i(t) + dt \cdot V_i \quad (2)$$

In un flusso turbolento si considera che la velocità della particella V_i in ciascuna delle tre direzioni dello spazio sia formata da una componente sistematica (media) e da un disturbo casuale che deve essere caratterizzato tramite osservazioni sperimentali e generato poi casualmente per ogni passo di simulazione del modello.

L'approccio lagrangiano è stato implementato in ambiente SEMoLa per rappresentare lo sviluppo e la struttura demografica della tignoletta della vite (*Lobesia botrana*) e lo sviluppo dell'infezione di *Plasmopara halstedii* sul girasole (agente causale della peronospora). Viene simulato il fluire di ciascun

individuo (= particella inquinante) attraverso i diversi stadi di sviluppo (= posizione nello spazio).

La dispersione degli individui della popolazione è descritta quindi come una dispersione nel tempo invece che nello spazio.

Il modello di Lobesia botrana (LobesiaPop)

Lobesia botrana è un lepidottero appartenente alla famiglia dei Tortricidi. Alle latitudini italiane compie circa tre generazioni l'anno. Sverna come crisalide protetta da un bozzolo sericeo. Ad aprile-maggio compaiono gli adulti della prima generazione. Le femmine, dopo l'accoppiamento, depongono le uova (in media una cinquantina) sulle infiorescenze. Le larve, che nascono dopo circa dieci giorni, danneggiano i fiori, e sfarfallano dopo circa due settimane. Il secondo volo avviene a fine giugno-inizio luglio. Le uova vengono deposte sugli acini. Dopo circa una settimana nascono le larve della seconda generazione (che sono quelle più pericolose) e che si sviluppano a carico dei grappoli, danneggiandoli; penetrano all'interno degli acini svuotandoli e provocandone imbrunimento e disseccamento. Inoltre favoriscono lo sviluppo della botrite. Gli adulti sfarfallano ad agosto-settembre. Dalle loro uova nascono le larve della terza ed ultima generazione che creano danni ai grappoli in via di maturazione.

Nel modello di simulazione della Lobesia (fig. 3 e 4), il procedere di un individuo nella direzione del tempo viene rappresentato dall'indice di sviluppo *Idev*, basato sull'accumulazione termica, calcolata con passo giornaliero. *Idev* è una variabile adimensionale che si stabilisce essere pari a 0 all'inizio del primo stadio (cioè al momento dell'ovideposizione). Quando raggiunge 1 si entra nello stadio di larva, 2 crisalide e a 3 vi è lo sfarfallamento. *Idev* procede per valori superiori a 3 per le generazioni successive: 4 corrisponde allo stadio di uovo di seconda generazione, 5 larva di seconda generazione, ecc.

L'indice di sviluppo viene ottenuto integrando la seguente equazione di stato:

$$Idev(t + dt) = Idev(t) + dt \cdot V$$

dove:

t è il tempo;

dt il passo di simulazione, stabilito giornaliero per il presente modello;

V la velocità di sviluppo dipendente dalla temperatura.

Il valore iniziale di *Idev* è posto pari a 2 in quanto la specie sverna come crisalide. L'indice *Idev* procede ulteriormente per rappresentare le generazioni

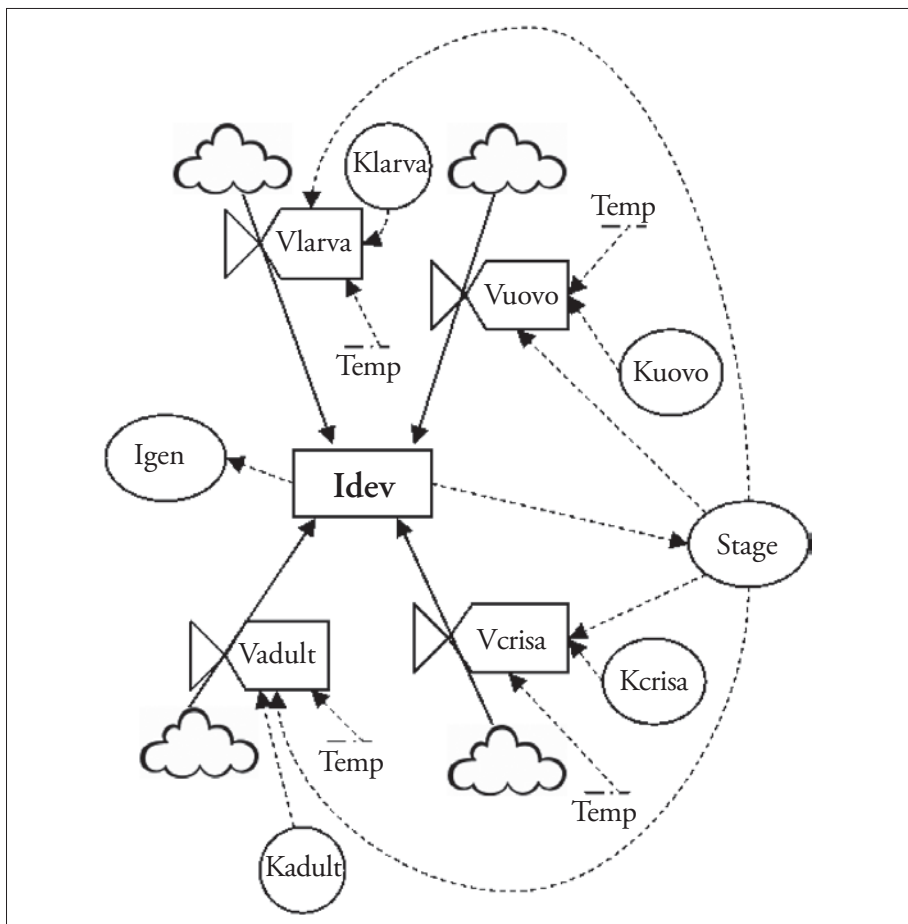


Fig. 3 Diagramma di Forrester per il modello LobesiaPop

successive (tab. 3). Al fine dei calcoli successivi viene ottenuta la variabile *Stage* discretizzando *Idev*, ottenuta troncando all'intero *Idev* preso come modulo 4.

$$Stage(t) = \text{int}(\text{mod}(Idev(t), 4))$$

Il codice della generazione *Gen* viene ottenuto invece come:

$$Gen(t) = \text{int}(Idev / 4) + 1$$

La velocità di sviluppo *V* è specifica per ciascuno stadio ed è calcolata in funzione della temperatura. Le relazioni comunemente impiegate a tal proposito sono quelle di Allen (1976) che stima le temperature utili per lo sviluppo sulla base di una ricostruzione del ciclo termico giornaliero realizzata con una funzione sinusoidale della temperatura massima e minima giornaliera.

Nel presente modello il tasso relativo di sviluppo V (frazione della fase completata in un giorno) viene calcolato come:

$$\begin{aligned} V &= K_{uovo} \cdot FT_{uovo}, \text{ se } Stage=0 \\ V &= K_{larva} \cdot FT_{larva}, \text{ se } Stage=1 \\ V &= K_{crisa} \cdot FT_{crisa}, \text{ se } Stage=2 \\ V &= K_{adult} \cdot FT_{adult}, \text{ se } Stage=3 \end{aligned}$$

Gli FT sono i fattori di temperatura che regolano lo sviluppo e assumono valore zero a valori di temperatura per cui lo sviluppo si arresta e valori crescenti fino a 1. Tale valore corrisponde al tempo minimo per il completamento della fase.

I coefficienti K sono i parametri che corrispondono, per ciascuna fase, alla massima frazione di fase che può essere completata in un giorno con temperatura ottimale. Corrispondono cioè al massimo tasso di sviluppo per ciascuna fase e possono essere ottenuti come:

$$K=1/Nmin$$

dove $Nmin$ è il numero minimo di giorni impiegato per completare una fase.

Il massimo tasso di sviluppo può essere ritenuto lo stesso per tutti gli individui oppure generato stocasticamente per ciascun individuo, in modo da rappresentare la variabilità nello sviluppo dipendente da fattori ambientali (non temperatura) e genetici. In tal caso i valori dei parametri vengono campionati, all'inizio della simulazione di ogni individuo, da una distribuzione di probabilità con le seguenti relazioni:

$$\begin{aligned} K_{uovo} &= N(0.28, 0.02) \quad \text{tasso massimo sviluppo uovo (1/d)} \\ K_{larva} &= N(0.07, 0.01) \quad \text{tasso massimo sviluppo larva (1/d)} \\ K_{crisa} &= N(0.14, 0.01) \quad \text{tasso massimo sviluppo crisalide (1/d)} \\ K_{adult} &= N(0.10, 0.01) \quad \text{tasso massimo sviluppo adulto (1/d)} \end{aligned}$$

La funzione $N(m, sd)$ è una funzione che fornisce valori campionati da una distribuzione di probabilità gaussiana di media m e deviazione standard sd . Gli eventuali valori negativi vengono posti positivi.

Per i valori di tasso medio di sviluppo degli stadi preimmaginali (0.28, 0.07, 0.14 rispettivamente per uovo, larva, crisalide) sono stati impiegati quelli suggeriti per *Lobesia botrana* da Baumgartner e Severini (1987). I valori di deviazione standard sono stati aggiustati sulla base di curve di sfarfallamento osservate in Friuli Venezia Giulia (Pavan, 2006).

Nel modello è possibile impostare un valore iniziale prestabilito per la generazione dei numeri casuali (*seed*) in modo da ottenere sempre la stessa sequenza

di essi. Ciò può essere particolarmente utile in fase di calibrazione. Normalmente le sequenze di numeri casuali sono sempre diverse in quanto basate sul *timer* del computer.

I fattori di temperatura vengono calcolati con funzioni tabellari della temperatura media dell'aria, interpolate linearmente. I valori tabellari impiegati per i diversi stadi (tab. 4) sono stati ottenuti dagli esperimenti sullo sviluppo dell'insetto condotti in laboratorio a temperature costanti da Rapagnani et al. (1988). In alternativa all'uso di funzioni tabellari è possibile implementare le curve di risposta dello sviluppo alla temperatura proposte da Logan (1976).

I parametri *TinfP* e *TinfA* di tab. 4 sono le temperature critiche inferiori per stadi preimmaginali e adulti al disotto delle quali lo sviluppo si arresta e sono stati posti a 10 e 8 °C rispettivamente. I parametri *TsupP* e *TsupA* sono invece le temperature critiche superiori al di sopra delle quali lo sviluppo si arresta e sono stati posti a 35 e 28 °C rispettivamente. Nel modello, *TinfP*, *TinfA*, *TsupP* e *TsupA* sono dichiarati come parametri e perciò possono essere modificati dall'utente e anche calibrati. Gli altri coefficienti, impostati come numeri, sono considerati valori costanti per tutte le applicazioni del modello.

IDEV	STAGE	GEN	STADIO
0-1	0	I	Uovo
1-2	1	I	Larva
2-3	2	I	Crisalide
3-4	3	I	Adulto
4-5	0	II	Uovo
5-6	1	II	Larva
6-7	2	II	Crisalide
7-8	3	II	Adulto
8-9	0	III	Uovo
...

Tab. 3 Variabili impiegate nel modello per la rappresentazione degli stadi di sviluppo in funzione dell'indice di sviluppo Idev

UOVO		LARVA		CRISALIDE		ADULTO	
<i>Tmedia</i>	<i>FTuovo</i>	<i>Tmedia</i>	<i>FTlarva</i>	<i>Tmedia</i>	<i>FTcrisa</i>	<i>Tmedia</i>	<i>FTadult</i>
<i>TinfP</i>	0	<i>TinfP</i>	0	<i>TinfP</i>	0	<i>TinfA</i>	0
20	0.5	20	0.5	20	0.5	20	0.5
25	1	28	1	26	1	28	1
32	1	34	1	32	1	34	1
<i>TsupP</i>	0	<i>TsupP</i>	0	<i>TsupP</i>	0	<i>TsupA</i>	0

Tab. 4 Coefficienti per il calcolo dei fattori di sviluppo FT, legati alla temperatura media


```

* LobesiaPop.sem - Modello demografico lagrangiano
T vxwz=(1.0) dt(1) tspan(60,273) exof(Cormons2005) tunit(day)

* ===== variabili esogene =====
E tmin "Temperatura minima aria" (C)
E tmax "Temperatura massima aria" (C)
E tmed
* A tmed=(tmin+tmax)/2 "Temperatura media aria" (C)

* ===== Indice Sviluppo =====
S Idev=2 "Indice di sviluppo" (-)
A Stage=int(mod(Idev,4)) "Stadio di sviluppo" (-)
* 0=uovo; 1=larva; 2=crisalide; 3=adulto
A Igen=int(Idev/4)+1 "Generazione" (-)

* ===== velocità di sviluppo =====
R Vuovo=cond(Stage=0,Kuovo*FTuovo,0) ?->Idev "Sviluppo uovo" (1/d)
R Vlarva=cond(Stage=1,Klarva*FTlarva,0) ?->Idev "Sviluppo larva" (1/d)
R Vcris=cond(Stage=2,Kcris*FTcris,0) ?->Idev "Sviluppo crisalide" (1/d)
R Vadult=cond(Stage=3,Kadult*FTadult,0) ?->Idev "Sviluppo adulto" (1/d)
A Kuovo=ABS(rnorm(0.28,0.02)) "Max sviluppo uovo" (1/d)
A Klarva=ABS(rnorm(0.07,0.01)) "Max sviluppo larva" (1/d)
A Kcris=ABS(rnorm(0.14,0.01)) "Max sviluppo crisalide" (1/d)
A Kadult=ABS(rnorm(0.10,0.01)) "Max sviluppo adulto" (1/d)
* Tassi massimi di sviluppo si basano sui valori trovati nel lavoro di Baumgartner e Severini (1987),
* tranne che per l'adulto.
* Le durate minima faso e N=L/K

* ===== Fattori di temperatura =====
A FTuovo=tab(tmed\0,tinf\0.5,20\1.25\1.32\0,TsupF) "Fattore sviluppo Uovo" (-)
A FTlarva=tab(tmed\0,tinf\0.5,20\1.28\1.34\0,TsupF) "Fattore sviluppo Larva" (-)
A FTcris=tab(tmed\0,tinf\0.5,20\1.26\1.32\0,TsupF) "Fattore sviluppo Crisalide" (-)
A FTadult=tab(tmed\0,tinf\0.5,20\1.28\1.34\0,TsupA) "Fattore sviluppo Adulto" (-)
p TinfF=8 "Soglia term. inf. PREIM." (C)
p TsupF=35 "Soglia term. sup. PREIM." (C)
p TinfA=10 "Soglia term. inf. ADULTO" (C)
p TsupA=38 "Soglia term. sup. ADULTO" (C)

```

Fig 4 Codice SEMoLa del modello *LobesiaPop* (E = variabili esogene; S = stati; A = variabili ausiliarie; R = tassi; P = parametri)

In SEMoLa, sono state eseguite 100 simulazioni, mediante uno *script* di comandi (tab. 5). La procedura lancia le simulazioni e opera un post trattamento dei risultati per giungere all'ottenimento delle curve di densità relativa dei diversi stadi (fig. 5). Non si rappresenta quindi la numerosità reale della temperatura ma la distribuzione relativa degli individui negli stadi di uovo, larva, crisalide e adulto. La curva cumulativa simulata degli adulti (fig. 6) è stata confrontata con quella ottenuta dalle catture effettuate nell'anno 2005 presso la località Cormons (Gorizia) e riportata in figura 7.

Il modello di Plasmopara halstedii (PlasmoSun)

Plasmopara halstedii, agente fungino causale della peronospora del girasole, sverna come oospore presente nel suolo, nei residui colturali e nei semi infetti. Dalle oospore quiescenti si forma un macrosporangio che libera numerose zoospore biflagellate. Queste, giunte in prossimità delle radici della pianta

```

* SEMoLa 4.3.0 command file
* LobesiaPop (modello Lagrangiano)
* === Calcolo frazione individui nei diversi stadi
mrun repeat(100)
use LobesiaPop.res clear
gen Suovo=1 if stage=0
gen Slarva=1 if stage=1
gen Scrisa=1 if stage=2
gen Sadult=1 if stage=3
collapse sum(Suovo,Slarva,Scrisa,Sadult) by(time)
saving(SimLob)
use simLob.dct clear
plot Suovo_t Slarva_t Scrisa_t Sadult_t time con nop
* === grafico percentuali cumulate
gen PCuovo=Suovo_t
gen PClarva=PCuovo+Slarva_t
gen PCcrisa=PClarva+Scrisa_t
gen PCadult=PCcrisa+Sadult_t
plot PCuovo PClarva PCcrisa time con nop
* === curva cumulata sfarfallamenti
gen Cadult=sum(Sadult_t)
plot Cadult time

```

Tab. 5 Script di comandi dell'ambiente SEMola per il calcolo della curva cumulata degli adulti di *Lobesia botrana* ottenuti con il modello *LobesiaPop*

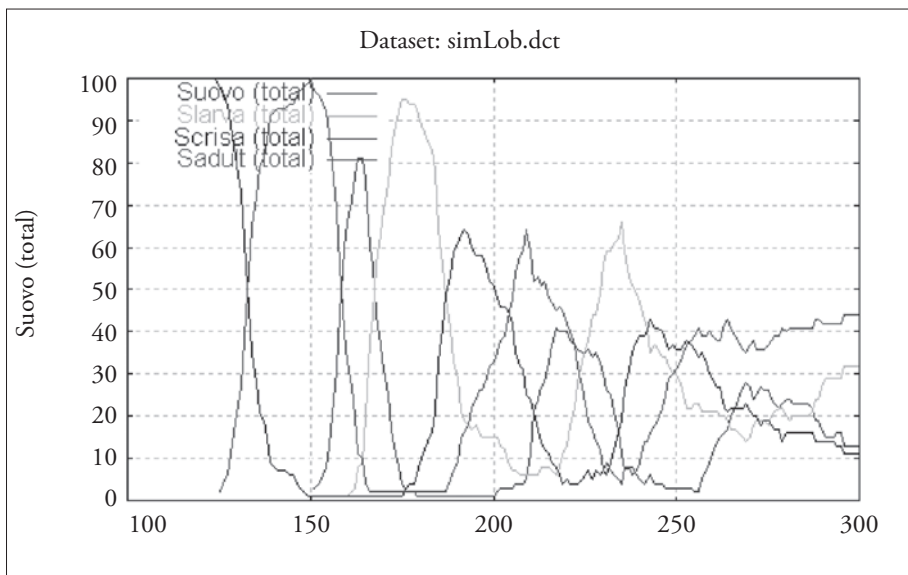


Fig. 5 Frazione degli individui di *Lobesia botrana* nei diversi stadi di sviluppo (uovo, larva, crisalide, adulto)

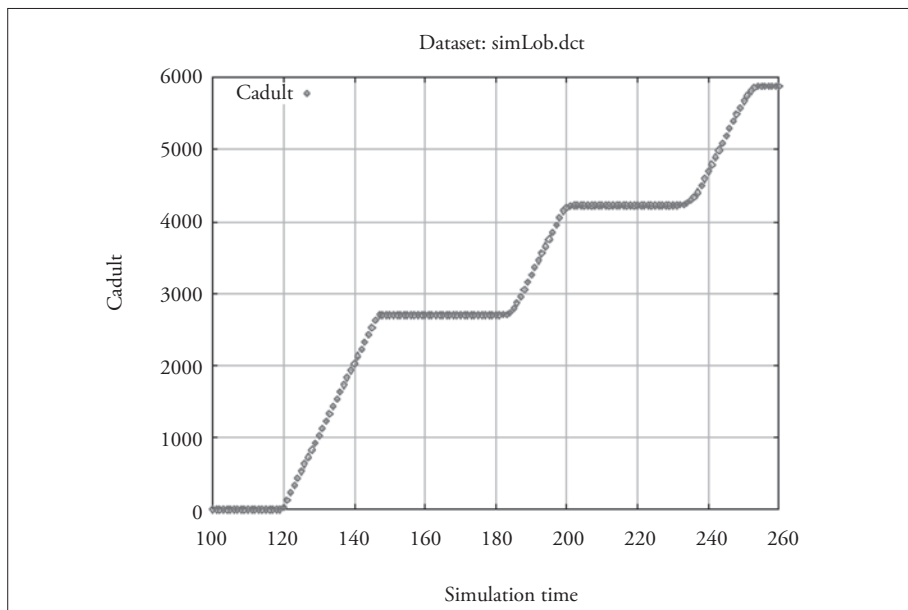


Fig. 6 *Curva cumulata simulata dal modello degli sfarfallamenti di Lobesia botrana per l'anno 2005 e per la località di Cormons (Udine)*

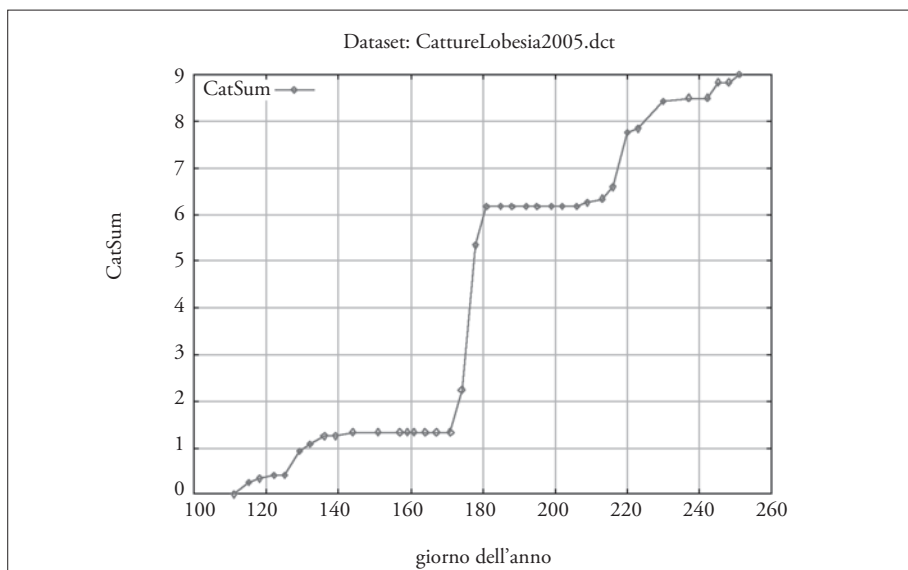


Fig. 7 *Curva degli sfarfallamenti di Lobesia botrana per l'anno 2005 osservati nella località di Cormons (Udine)*

ospite, germinano e penetrano nei tessuti parenchimatici dando origine ad un micelio intercellulare che invade per via sistemica l'intera pianta, dando luogo all'infezione primaria. Gli sporangi che si formano sulla pagina inferiore delle foglie in seguito a queste infezioni, dispersi dal vento o dalla pioggia, sono responsabili della diffusione della malattia su nuove piante (infezioni secondarie). Le sementi infette sono il principale mezzo di diffusione della malattia a lunga distanza e della contaminazione permanente di terreni ancora indenni (Doken, 1989).

Nel modello PlasmSun (fig. 8 e tab. 6) lo sviluppo del fungo nel tempo è calcolato dall'indice $Fdev$, con passo giornaliero. Contemporaneamente, viene simulato anche l'indice di avanzamento della malattia ($Mdev$). Gli stadi dello sviluppo fungino sono invece calcolati dall'indice $Fstage$, sulla base di $Fdev$, mentre quelli della malattia sono calcolati dall'indice $Mstage$, che può assumere tre valori diversi: 0 = pianta sana, 1 = pianta infetta, 2 = manifestazione dei sintomi sulla pianta. L'indice $Fdev$ è incrementato da tassi di sviluppo, specifici per ogni stadio (oospora, zoosporangio, zoospora infettante), che sono condizionati dalla presenza di pioggia ($Fsvi$ = fattore di sviluppo legato alla pioggia) e dalle funzioni termiche (basate su soglie termiche inferiori e superiori), diverse per ogni stadio ($FToo$, $FTzoo$, $FTzoosp$):

$Voo = K_{oospora} \cdot FToo$ se $Fstage=0$ e $Fsvi=1$, $Voo = 0$ negli altri casi

$Vzoo = K_{zoosporangio} \cdot FTzoo$ se $Fstage=1$ e $Fsvi=1$, $Vzoo = 0$ negli altri casi

$Vzoosp = K_{zoospora} \cdot FTzoosp$ se $Fstage=2$ e $Fsvi=1$, $Vzoosp = 0$ negli altri casi

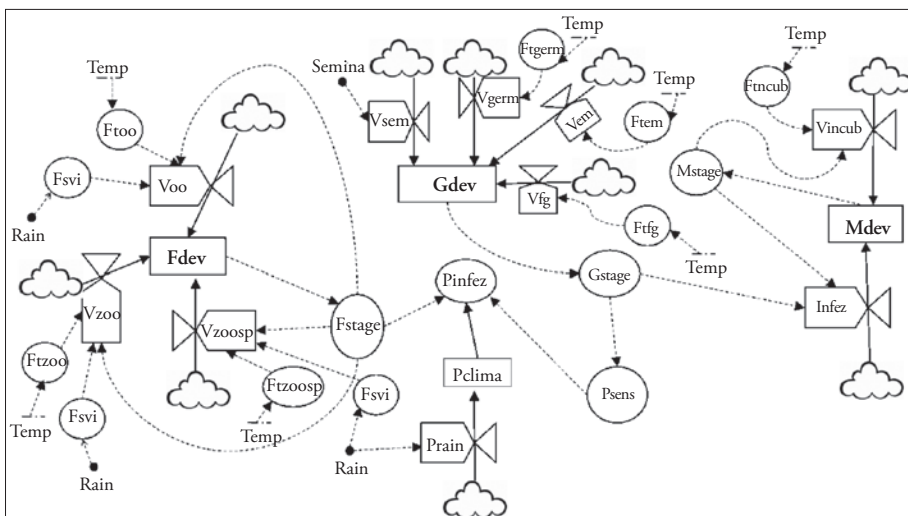


Fig. 8 Diagramma di Forrester del modello PlasmSun

SIMBOLO	TIPO	DESCRIZIONE	UNITÀ
<i>DataSem</i>	P	Data di semina	d
<i>doy</i>	A	Giorno dell'anno	d
<i>EvtRain</i>	V	Evento pioggia utile fungo	-
<i>Fdev</i>	S	Indice di sviluppo fungo	-
<i>Fstage</i>	A	Stadio di sviluppo fungo	-
<i>Fsvi</i>	P	Fattore sviluppo per pioggia	-
<i>FTem</i>	A	Fattore temperatura emergenza girasole	-
<i>FTfg</i>	A	Fattore temperatura sviluppo palco foglie	-
<i>FTgerm</i>	A	Fattore temperatura germinazione girasole	-
<i>FTincub</i>	A	Fattore temperatura comparsa sintomi	-
<i>FToo</i>	A	Fattore temperatura sviluppo oospora	-
<i>FTZoo</i>	A	Fattore temperatura sviluppo zoosporangio	-
<i>FTZoosp</i>	A	Fattore temperatura sviluppo zoospora	-
<i>Gdev</i>	S	Indice sviluppo girasole	-
<i>Gstage</i>	A	Stadio di sviluppo	-
<i>Infezione</i>	R	Tasso di infezione	1/d
<i>Kincub</i>	P	Tasso massimo incubazione	1/d
<i>Koospora</i>	P	Tasso massimo sviluppo oospora	1/d
<i>Kzoospora</i>	P	Tasso massimo sviluppo zoospora	1/d
<i>Mdev</i>	S	Indice sviluppo malattia	-
<i>Mstage</i>	A	Indice stadio malattia	-
<i>Pclima</i>	S	Probabilità infezione per umidità terreno	-
<i>Pinfez</i>	A	Probabilità di infezione	-
<i>Prain</i>	R	Incremento prob. infezione per pioggia	-
<i>Psens</i>	A	Sensibilità della pianta all'attacco	-
<i>rain</i>	E	Precipitazioni	mm
<i>Rcrit</i>	P	Precipitazione minima per sviluppo fungo	mm
<i>Semina</i>	V	Evento semina della coltura	-
<i>tempSuolo</i>	E	Temperature media del suolo	°C
<i>Tgerm</i>	P	Temperatura base germinazione	°C
<i>TinfOo</i>	P	Soglia termica inferiore Oospora	°C
<i>TinfSin</i>	P	Soglia termica inferiore sintomi	°C
<i>TinfZoo</i>	P	Soglia termica inferiore Zoosporangio	°C
<i>TinfZoosp</i>	P	Soglia termica inferiore Zoospore	°C
<i>tmax</i>	E	Temperatura massima aria	°C
<i>tmed</i>	E	Temperatura media dell'aria	°C
<i>tmin</i>	E	Temperatura minima aria	°C
<i>TsupOo</i>	P	Soglia termica superiore Oospora	°C
<i>TsupSin</i>	P	Soglia termica superiore sintomi	°C
<i>TsupZoo</i>	P	Soglia termica superiore Zoosporangio	°C
<i>TsupZoosp</i>	P	Soglia termica superiore Zoospore	°C
<i>Vem</i>	R	Sviluppo girasole germinazione-emergenza	1/d
<i>Vfg</i>	R	Sviluppo girasole 1 palco fogliare	1/d

Tab. 6 Variabili del modello *PlasmoSun*: E = variabile esogena; (segue)

<i>Vgerm</i>	R	Sviluppo girasole semina germinazione	1/d
<i>Vincub</i>	R	Tasso incubazione (sviluppo malattia)	1/d
<i>Voo</i>	R	Tasso sviluppo oospora	1/d
<i>Vsem</i>	R	Sviluppo iniziale per semina	1/d
<i>Vzoo</i>	R	Tasso sviluppo zoosporangio	1/d
<i>Vzoosp</i>	R	Tasso sviluppo zoospora	1/d
A = variabile ausiliaria; P = parametro; S = stato; R = tasso.			

Tab. 6

```

* SEMoLa 4.3.0 command file
* Calcolo totali individui nei diversi stadi con PlasmoSun
* ===== Modello Lagrangiano =====
mrun repeat(100)
use PlasmoSun.res
* plot Pinfez Time xrange(130,200)
plot Fdev Fstage time
plot Gdev Gstage time
gen Soo=1 if Fstage=0
gen Szoo=1 if Fstage=1
gen Szoosp=1 if Fstage=2
gen Sinc=1 if Fstage=3
collapse sum(Soo,Szoo,Szoosp,Sinc) by(time)
saving(simPlasmoSun)
use simPlasmoSun.dct
plot Soo_t Szoo_t Szoosp_t Sinc_t time con nop

```

Tab. 7 Script di comandi dell'ambiente SEMola per il calcolo della distribuzione nel tempo dei diversi stadi di *Plasmopara halstedii*, ottenuti con il modello *PlasmoSun.sem*.

Sull'avvio dell'infezione, oltre alla temperatura media dell'aria, agisce anche la pioggia, che si ritiene essere fattore limitante sotto i 18-20 mm/giorno. Quindi si pone $F_{svi} = 1$ se la precipitazione giornaliera è maggiore di 20 mm, 0 negli altri casi.

I massimi tassi di sviluppo sono stabiliti stocasticamente (come per il caso *Lobesia botrana*) da distribuzioni di probabilità:

$K_{oospora} = N(0.20, 0.01)$ tasso massimo di sviluppo oospora (1/d)

$K_{zoospangio} = N(0.15, 0.01)$ tasso massimo di sviluppo zoosporangio (1/d)

$K_{zoospora} = N(0.15, 0.02)$ tasso massimo di sviluppo zoospora (1/d)

La germinazione della zoospora infettante, la presenza della pianta (valutata in base all'epoca di semina) e la sensibilità specifica della coltura alla malattie nelle diverse fasi di sviluppo (palchi fogliari) determinano l'avanzamento della malattia. Quando M_{dev} raggiunge l'unità, inizia il periodo di incubazione che termina quando $M_{dev}=2$. Il tasso di incubazione che agisce

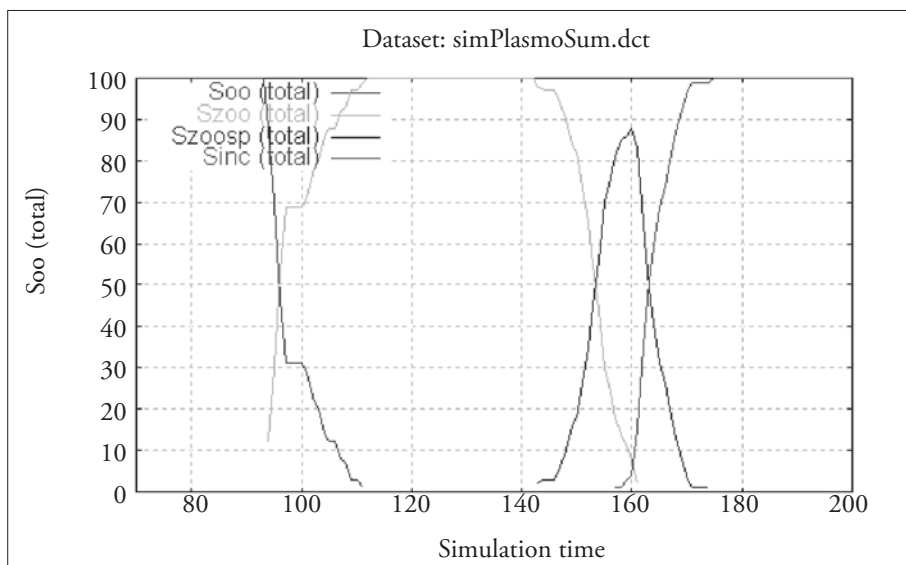


Fig. 9 Frazione degli individui di *Plasmopara halstedii* nei diversi stadi di sviluppo (oospora=Soo, zoosporangio=Szoo; zoospora=Szoosp; manifestazione sintomi sulla pianta=Sinc)

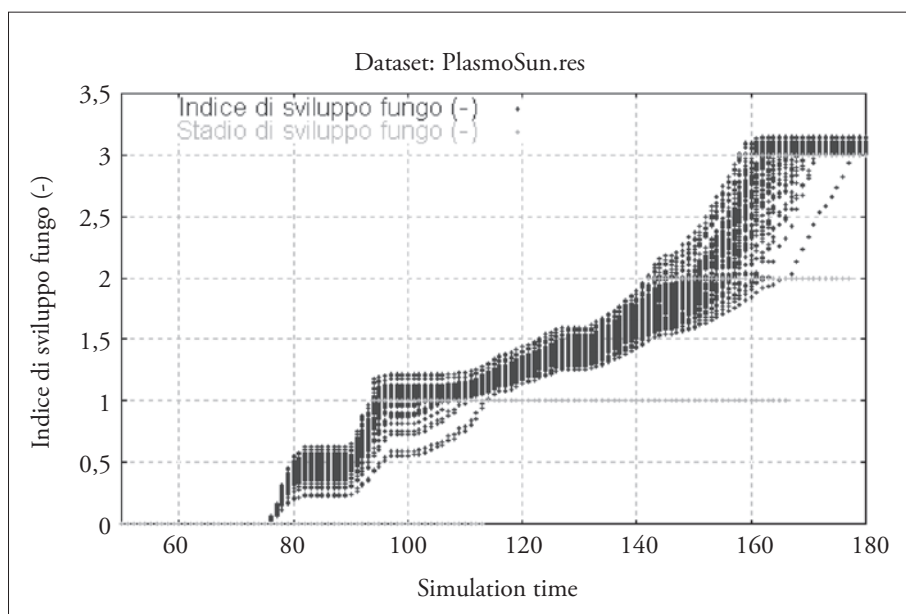


Fig. 10 Indice di sviluppo del fungo e stadio dopo 100 simulazioni del modello PlasmoSun

sul passaggio da pianta infetta a comparsa dei sintomi (che avviene quando $Mdev=2$), dato anch'esso come i precedenti da un tasso massimo di incubazione, campionato da una distribuzione normale ($Kincub$) e da una funzione legata alla temperatura ($FTincub$):

$Vincub = Kincub \cdot FTincub$ se $Mstage=1$, $Vincub = 0$ negli altri casi.

Una volta costruito il modello in SEMoLa, la simulazione del modello è stata ripetuta per 100 volte con la sequenza di comandi (*script*) riportata in tabella 7. In figura 9 è riportata invece la frazione degli individui di *Plasmodium halstedii* nei diversi stadi di sviluppo (oospora, zoosporangio, zoospora e manifestazione sintomi sulla pianta)

L'evoluzione nel tempo degli stadi di sviluppo di tutti gli individui simulati è riportato un figura 10.

CONCLUSIONI

L'approccio lagrangiano applicato ai modelli epidemiologici sembra un'ulteriore interessante possibilità descrittiva che si affianca a quelle dei modelli demografici e fenologici, i quali però trattano in modo semplificato le popolazioni strutturate e multivoltine. I modelli lagrangiani, similmente ai modelli a ritardo distribuito e a quelli a coorti, sono in grado di dare un maggiore grado di realismo.

Dato che i diversi approcci mantengono sempre un elevato grado di empirismo, rimangono fondamentali osservazioni ed esperimenti di campo, nonché l'applicazione di processi di calibrazione e validazione dei modelli stessi. Di conseguenza, strumenti di facile impiego come SEMoLa risultano importanti per l'avanzamento della qualità delle applicazioni modellistiche.

Si ritiene inoltre che, dato che l'iterazione ospite-parassita è un processo dinamico e in continuo adattamento, anche la modellistica fitopatologica dovrà in futuro considerare tale aspetto attraverso la modifica dei modelli e la messa a punto dei parametri. In tal senso la modellistica epidemiologica potrebbe essere un valido aiuto anche per indirizzare il miglioramento genetico delle colture nella direzione di una maggiore capacità di resistenza ai patogeni.

ABSTRACT

In the last years, crop protection from insects and diseases has seen a deep evolution depending on new epidemiological knowledge and new treatment methods (new techniques and pesticides). Besides to that, the complexity of interactions among the four com-

ponents of the pathosystem (pathogen, crop, climate and management) makes difficult taking the correct decisions for the plant protection. In this context, simulation models and decision support systems (DSS) can play an important role.

In the paper, after an introduction devoted to the showing of the practical application of simulation models in the fields of plant protection, the principal aspects of the pathosystem components are examined.

The different approaches for the epidemiological models are also briefly illustrated by describing static and dynamical models (phenological models, demographical models, delay models, cohort based models and individual based models).

After of that, the SEMoLa modelling and simulation environment is presented with two example models implementing a new approach to the epidemiological simulation that uses the Lagrangian models in order to describe the dispersion in time (instead of space) of pathogenic individuals.

Of the two model presented, LobesiaPop simulates the epidemiology of *Lobesia botrana* in grape and PlasmoSun the development of *Plasmopara halstedii* in sunflower crop.

RINGRAZIAMENTI

Ricerca eseguita con il contributo finanziario del MIUR e nell'ambito del Progetto Prin-Cofin 2003 "Uso dei dati Radar per la validazione di modelli agrometeorologici in Friuli Venezia Giulia", con il coordinamento scientifico del prof. Simone Orlandini.

Si ringrazia il dott. Francesco Pavan del Dipartimento di Biologia Applicata alla Difesa delle Pianta dell'Università di Udine per la collaborazione, i suggerimenti e i dati forniti durante l'implementazione e la prima calibrazione del modello della tignoletta della vite.

BIBLIOGRAFIA

- ALLEN J. C. (1976): *A modified sine wave method for calculating degree-days*, «Env. Entomol.», 5, pp. 388-396.
- BATTILANI P., ROSSI V., RACCA P., GIOSUÈ S. (1996): *ONIMIL, a forecaster for primary infection of downy mildew of onion*, «Eur. Mediterr. Plant Prot. Org. Bull.», 26, pp. 567-576.
- BAUMGARTNER J., BARONIO P. (1988): *Modello fenologico di volo di Lobesia botrana Den. & Schiff. (Lep. Tortricidae) relativo alla situazione ambientale dell'Emilia Romagna*, «Boll. Ist. Ent. "G. Grandi" Univ. Bologna», 43, pp. 157-170.
- BLAISE P., DIETRICH R., GESSLER C. (1999): *Vinemild: an application oriented model of Plasmopara viticola epidemics on Vitis vinifera*, «Acta Horticulturae», 499, pp. 187-192.
- BOOTE K.J., JONES J.W. and HOOGENBOOM G. (1998): *Simulation of crop growth: CROPGRO Model*, in R.M. Peart and R.B. Curry (ed.), *Agricultural Systems Modeling and Simulation*, Marcel Dekker, Inc, New York, Chapter 18, pp. 651-692.
- BRISSON N., GARY C., JUSTES E., ROCHE R., MARY B., RIPOCHE D., ZIMMER D., SIERRA J., BERTUZZI P., BURGER P., BUSSIÈRE F., CABIDOCHÉ Y.M., CELLIER P., DEBAEKE P., GAUDILLÈRE J.P., HÉNAULT C., MARAUX F., SEGUIN F.B., SINOQUET H. (2002): *An overview of the crop model STICS*, «Eur. J. Agron.», 18, pp. 309-332.

- BRISSON N., MARY B., RIPOCHE D., JEUFFROY M.H., RUGET F., NICOUILLAUD B., GATE P., DEVIENNE-BARRET F., ANTONIOLETTI R., DURR C., RICHARD G., BEAUDOIN N., RECOUS S., TAYOT X., PLENET D., CELLIER P., MACHET J.M., MEYNARD J.M., DELEC-OLLE R. (1998): *STICS: a generic model for the simulation of crops and their water and nitrogen balance*. 1. *Theory and parametrization applied to wheat and corn*, «Agronomie», 18, pp. 311-346.
- BRUNNER J. F. and RICE R.E. (1984): *Peach twig borer, Anarsia lineatella Zeller (Lepidoptera: Gelechiidae), development in Washington and California*, «Environ. Entomol.», 13, pp. 607-610.
- CABELGUENNE M., DEBAEKE P. and BOUNIOLS A. (1999): *EPICphase, a version of the EPIC model simulating the effects of water and nitrogen stress on biomass and yield, taking account of developmental stages: validation on maize, sunflower, sorghum, soya and winter wheat*, «Agric. Syst.», 60, 3, pp. 175-196.
- COSSU A. (1996): *Modelli matematici a supporto della protezione delle colture in Sardegna*, Atti convegno "Agrometeorologia e Ambiente", Orosei, 11 dicembre 1996.
- COSSU A., GILIOLI G., FRONTEDDU F. (2004): *Implicazioni economiche e ambientali dell'uso di un modello di simulazione nella gestione della difesa della mosca delle olive*, Atti III Giornate di Studio "Metodi Numerici, Statistici e Informatici nella Difesa delle Colture Agrarie e delle Foreste: Ricerca e Applicazioni", Firenze, 24-26 novembre 2004, «Rivista Italiana di Agrometeorologia», X, 3, pp. 18-23.
- COSSU Q.A., FIORI M., FOIS G., MICALE F. (1999): *Impieghi operativi di strumenti modellistici a supporto della difesa delle colture agrarie in Sardegna*, Atti "Metodi Numerici, Matematici e Statistici nella Difesa delle Colture Agrarie e delle Foreste", Sassari, 19-22 maggio 1999, «Frustula Entomologica», XXII.
- CROFT B.A., MICHELS M. F. and RICE R. E. (1980): *Validation of a PETE timing model for the oriental fruit moth in Michigan and central California (Lepidoptera: Olethreutidae)*, «Great Lakes Entomol.», 13, pp. 211-217.
- CURRY G. and FELDMAN R. (1987): *Mathematical Foundations of Population Dynamics*, Texas A&M University Press.
- DANUSO F. (2003): *SEMoLa: uno strumento per la modellazione degli agroecosistemi*, Atti del XXXV convegno SIA, Napoli, 16-19 settembre 2003, pp. 283-284.
- DANUSO F., FRANZ D., BIGOT L., BUDOI G. (1999b): *CSS: a modular software for cropping system simulation*, Proc. Int. Symposium "Modelling cropping systems", ESA, Lleida, 21-23 June 1999, Catalonia, Spain, pp. 287-288.
- DI COLA G., GILIOLI G., COSSU A. (1996): *Models of stochastic development in insect populations*, Proceedings XX International Congress of Entomology, Florence, Italy, August 25-31, 1996.
- DOKEN M.T. (1989): *Plasmopara halstedii (Farl.) Berl. et de Toni in sunflower seeds and the role of infected seeds in producing plants with systemic symptoms*, «J. Phytopathol.», 124, pp. 23-26.
- EASTERLING W.E., ROSENBERG N.J., MCKENNEY M.S., JONES C.A., DYKE P.T. and WILLIAMS J.R. (1992): *Preparing the erosion productivity impact calculator (EPIC) model*, «Agric. For. Meteorol.», 59, 1-2, pp. 17-34.
- EDELSTEIN-KESHET L. (1999): *Mathematical models of swarming and social aggregation*.
- FLIERL G., GRUNBAUM D., LEVIN S. and OLSON D. (1999): *From individual to aggregations: the interplay between behaviour and physics*, «J theor Biol», 196, pp. 397-454.
- GILIOLI G., COSSU A., MANTI F., VACANTE V. (2002): *Sviluppo ed applicazione degli Individual Based Model in entomologia agraria e forestale*, Atti II Giornate di Studio "Metodi

- numerici, statistici ed informatici nella difesa delle colture agrarie e delle foreste: ricerca e applicazioni", Pisa, 22-23 maggio 2002.
- GILLES T., PHELPS K., CLARKSON J. P., AND KENNEDY R. (2004): *Development of MIL-IONCAST, an improved model for predicting downy mildew sporulation on onions*, «Plant Dis.», 88, pp. 695-702.
- GOIDANICH G. (1964): *Manuale di patologia vegetale*, Edizioni Agricole, Bologna.
- HARZER U. and ORTH A. (1997): *Apfelschorfbekämpfung: Erfahrungen mit dem Schorf-simulationsmodell RIMpro*, «Obstbau», 5, 1997, pp. 226-234.
- HILL G.K. (1990): *Plasmopara Risk Oppenheim - A Deterministic Computer Model for the Viticultural Extension*, Proc. Arti del Convegno su Modelli Euristici ed Operativi in Agricoltura, Caserta, Italy, 27-29 Sept. 1990, Societa Italiana de Fitoiatria ed., pp. 182-194.
- HOPPMANN D., WITTICH K. P. (1997): *Epidemiology-related modelling of the leaf-wetness duration as an alternative to measurements, taking Plasmopara viticola as an example*, «J. of plant dis. a. protect.», 104 (6), pp. 533-544.
- JONES J. W., HOOGENBOOM G., PORTER C.H., BOOTE K.J., BATCHELOR W.D., HUNT L.A., WILKENS P.W., SINGH U., GIJSMAN A.J., RITCHIE J.T. (2002): *The DSSAT Cropping System Model*, «Eur. J. Agron.»
- JONES C.A. and KINIRY J.R. (1986): *CERES-Maize: A simulation model for maize growth and development*, College Station: Texas A&M University Press.
- KEATING B.A., CARBERRY P.S., HAMMER G.L., PROBERT M.E., ROBERTSON M.J., HOLZWORTH D., HUTH N.I., HARGREAVES J.N.G., MEINKE H., HOCHMAN Z., MCLEAN G., VERBURG K., SNOW V., DIMES J.P., SILBURN M., WANG E., BROWN S., BRISTOW K.L., ASSENG S., CHAPMAN S., MCCOWN R.L., FREEBAIRN D.M., SMITH C.J. (2002): *An overview of APSIM, a model designed for farming systems simulation*, «Eur. J. Agron.»
- LLORENTE I., VILARDELL P., BUGIANI R., GHERARDI I., MONTESINOS E. (2000): *Evaluation of BSPcast Disease Warning System in reduced fungicide use programs for management of brown spot of pear*, «Plant Dis.», 84, pp. 631-637.
- LOGAN J. A., WOLKIND D. J., HOYT S. C., TANIGOSHI L. K. (1976): *An analytical model for description of temperature dependent rate phenomena in arthropods*, «Env. Entomol.», 5, pp. 1133-1140.
- MADDEN L. V. and HUGHES G. (2002): *Plant epidemics, models, and analysis*, in *Encyclopedia of Environmetrics*, Volume 3, pp. 1557-1562, A. El-Shaarawi and W. Piegorisch, editors, John Wiley & Sons.
- MAGAREY P. A., WACHTEL M. F., WEIR P. C. and SEEM R. C. (1991): *A computer-based simulator for rational management of grapevine downy mildew Plasmopara viticola*, «Plant Prot. Q.», 6, pp. 29-33.
- MAGNIEN C., JACQUIN D., MUCKENSTURM N., GUILLEMARD P. (1991): *Milvit: un modèle descriptif et quantitatif de la phase asexuée du mildiou de la vigne*, Presentation et premiers résultats de validation, Communication OEPP.
- MANETSCH T. J. (1976): *Time-varying distributed delay models and their use in aggregative models of large systems*, «IEEE Trans. Syst. Man Cybern.», 6, pp. 547-553.
- ORLANDINI S., GOZZINI B., MARACCHI G., ROSA M. (1993): *PLASMO: un modello per il controllo della peronospora della vite*, in Atti del convegno "Informatica e Agricoltura", a cura di Maracchi G., Falchi M. A., 17-18 dicembre 1992, Firenze (Italia), pp. 81-90.
- PARK E.W., SEEM R.C., GADOURY D.M. and PEARSON R.C. (1997): *DMCast: a prediction model for grape downy mildew development*, «Vitic. Enol. Sci.», 52, pp. 182-189.
- PARKER C. (1999): *Decision support systems: lessons from past failures*, Farm Management, 10, pp. 273-289.

- PAVAN F. (2006): Comunicazione personale.
- PAVELEY N. D. and CLARK W. S. (2000): *The Wheat Disease Management Guide*, Home-Grown Cereals Authority, London.
- PODOLSKY A.S. (1984): *New Phenology. Elements of mathematical forecasting in ecology*, J. Wiley & Sons, New York, 503 pp.
- PUCCI C., PAPARATTI B. (1994): *Prospettive di controllo guidato della Bactrocera Oleae (Gmel) mediante l'applicazione di un modello statistico di previsione della gravità dell'infestazione*, Atti del Convegno "Lotta Biologica ed Integrata per la difesa delle colture agrarie e delle piante forestali", Ferrara 24-25 ottobre 1994, pp. 209-211.
- QUINONES H. and CABELGUENNE M. (1990): *Use of EPIC to study cropping systems*, II *Improved simulation*, «Agr. Med.», 120, 3, pp. 241-248.
- RAPAGNANI M. R., CAFFARELLI V., BARLATTINI M. (1988): *Lobesia botrana (Den. et Schiff.): studio in laboratorio del ciclo di sviluppo in funzione della temperatura*, Atti XV Congr. Naz. Ital. Entomol., L'Aquila, pp. 973-980.
- ROSSI V., BATTILANI P. (1990): *CERCOPRI: a forecasting model for primary infections of Cercospora leaf spot on sugarbeet*, Proc. Symposium on Practical Applications of Agrometeorology to Plant Protection, Firenze, Italy, 1990, «Bulletin OEPP», 21, 1991, pp. 327-531.
- ROSSI V., BATTILANI P., RACCA P. (1993): *CERCODEP, a simulator for Cercospora leaf spot on sugarbeet*, Proc. 6th International Congress of Plant Pathology, Montreal, Canada, 1993, 102.
- ROSSI V., PONTI I., MARINELLI M., GIOSUÈ S., BUGIANI R. (2000): *A new model estimating the seasonal pattern of air-borne ascospores of the Venturia inaequalis (Cooke) Wint. In relation to weather condition*, «Journal of Plant Pathology», 82 (2), pp. 111-118.
- RUCKSTUHL M., CAO K. Q., FORRER H. R. (1995): *Validation of the MISP model for the control late blight by means of sporangial movement and leaf disease assessment*, in E. Bouma and H. Schepers (eds), *PAV-Special Report*, pp. 155-163.
- SEVERINI M., GIGLIOLI G. (2002): *Simulazione delle catture di Cydia Funebrana (Treutschke) mediante il modello per computer 'Delay Simulator': risultati preliminari*, in Associazione Italiana per la Protezione delle Piante, A.I.P.P.: *Notiziario sulla protezione delle piante*, 15: II Giornate di studio Metodi numerici, statistici e informatici nella difesa delle colture agrarie e delle foreste: ricerca e applicazioni, Lito Polaris, Pisa, 20-23 maggio, pp. 285-292.
- SHARPLEY A.N. and WILLIAMS J.R. (1990): *EPIC-Erosion/Productivity Impact Calculator*, USDA, Tech. Bull. 1768.
- STÖCKLE C.O., DONATELLI M. (1997): *The CropSyst Model: A brief description*, in *Rotation models for ecological farming*, CAMASE/PE workshop report, Quantitative Approaches in Systems Analysis, P. M. C. F. W. de Vries, Ed., AB-DLO: Wageningen, The Netherlands, pp. 35-43.
- STÖCKLE C.O., DONATELLI M., NELSON R. (2002): *CropSyst, a cropping systems simulation model*, «Eur. J. Agron.».
- STÖCKLE C.O., MARTIN S.A. and CAMPBELL G.S. (1994): *CropSyst, a cropping systems simulation model: water/nitrogen budgets and*, «Agr. Syst.», 46, 3, pp. 335-359.
- STOCKLE C.O., NELSON R. (1999): *CropSyst User's Manual*, BSYSE, Washington State University, Pullman, WA, USA.
- STRIZYK S. (1983): *Modèle d'État Potentiel d'Infection. Application à Plasmopara viticola Berl. et De Toni*, Association de Coordination Technique Agricole, Bordeaux, 46.
- SUPIT I., HOOIJER A.A., VAN DIEPEN C.A. (1994): *System description of the Wofost 6.0*

- crop simulation model implemented in CGMS*, Joint Research Centre European Commission, 146, Agricultural Series, CL-NA-15956-EN-C.
- THOMAS C. S, GUBLER W. D. and LEAVITT G. (1994): *Field testing of a powdery mildew disease forecast model on grapes in California*, «Phytopathology», 84, p. 1070.
- TRAPMAN M.C. (1994): *Development and evaluation of a simulation model for ascospore infections of Venturia inaequalis*, «Norwegian Journal of Agricultural Sciences», supplement No. 17, pp. 55-67.
- TRILOFF P. (1997): *Applescab control with the simulation programme RIMpro at Lake Constance, Germany: results and experiences in the past three years*, «IOBC Bulletin», vol. 20 (9), pp. 229-240.
- VANEK G., SZŐKE L., ČANIGOVÁ K. (1994): *Výsledky prevádzkových pokusov na overenie GALATI-Vitis*, «Vinohrad č», 1, 30, pp. 9-10.
- WILLIAMS J.R., JONES C.A. and DYKE P.T. (1984): *A modeling approach to determining the relationship between erosion and soil productivity*, «Trans. ASAE», 27, pp. 129-144.
- WILLIAMS J.R., DYKE P.T. and JONES C.A. (1983): *EPIC: a model for assessing the effects of erosion on soil productivity*, in *Analysis of Ecological Systems: State-of-the-Art in Ecological Modeling*, ed. W.K. Laurenroth et al. Elsevier, Amsterdam, pp. 553-572.
- WITTICH K.-P. (1998): *Apple scab – potentials and limitations of operational infection forecasts in Germany*, in N. Dalezios (ed.), COST 77, 79, 711 Internat. Symposium on Applied Agrometeorology and Agroclimatology, Volos, Greece, 24-26 April 1996, Eur. Comm., EUR 18328 EN, Luxembourg 1998, pp. 229-234.
- XU X.-M., BUTT D.J. (1996): *Adem™, a PC-based multiple disease warning system for use in the cultivation of apples*, «Acta Horticulturae», 416, pp. 293-296.

