IDENTIFICATION AND GENETIC CHARACTERISATION OF OLIVE GENOTYPES POTENTIALLY TOLERANT/RESISTANT TO *XYLELLA FASTIDIOSA* IN THE APULIA REGION.

Iuliano A. [1, 2], Montemurro C. [2], Hussain M. [1], Savoia M.A. [2], Mascio I. [2], Fabiani A. [3], Puletti N. [4], Santilli E. [1]

[1] Council for Agricultural Research and Economics, Research Centre for Olive, Fruit and Citrus Crops (CREA-OFA), Rende, Cosenza, Italy
[2] Department of Soil, Plant and Food Sciences (Di.S.S.P.A.), University of Bari Aldo Moro, Bari, Italy
[3] Council for Agricultural Research and Economics, Research Centre for Agriculture and Environment (CREA-AA), Florence, Italy
[4] Council for Agricultural Research and Economics, Research Centre for Forestry and Wood (CREA-FL), Arezzo, Italy

Xylella fastidiosa subsp. *pauca* was first identified in 2013 in Apulia (near Gallipoli) and rapidly spread across the region. This quarantine pathogen colonizes xylem vessels and is transmitted by insect vectors such as *Philaenus spumarius*. Once inside the host, it proliferates in the xylem, blocking vessels via bacterial aggregates and host-produced tyloses and gums, with symptoms often resembling water stress. In olive trees, symptoms include desiccation of twigs and small branches, initially in the upper canopy and progressively spreading to the entire crown, eventually causing decline and death in susceptible cultivars within a few years. The rapid spread was favored by the lack of effective control strategies and the predominance in Salento of the local cultivars *Cellina di Nardò* and *Ogliarola Salentina*, both highly susceptible, leading to extensive tree mortality and major economic and production losses. Increasing olive biodiversity represents a key strategy for recovery and long-term sustainability of affected areas. In this study, as part of the Novixgen project, olive genotypes potentially tolerant or resistant to the pathogen were identified and analyzed. An extensive field survey in the initially affected Salento areas, integrating GIS and field observations, selected 200 olive trees showing no or mild symptoms indicative of potential tolerance. These plants were genetically characterized using SSR (Simple Sequence Repeat) markers, and their profiles were compared with a dataset of national and international olive cultivars. Preliminary results revealed that many genotypes did not match known varieties, suggesting spontaneous crosses or local accessions not attributable to widely characterized cultivars. Paternity analyses revealed that, in some cases, a relationship with the Leccino cultivar, known for its tolerance to *Xylella fastidiosa*, was detected, as well as close genetic relationships with cultivars whose response to the pathogen is still unknown. These results highlight the need for further investigation of genotypes not yet characterized for resistance or tolerance to the bacterium. Phylogenetic analyses were conducted to clarify relationships between selected genotypes and reference cultivars. Identification and genetic characterization of tolerant genotypes provide valuable information for breeding programs and the selection of resilient nursery material, supporting the restoration of olive cultivation in Apulia and enhancing the resilience of Mediterranean olive agroecosystems affected by the pathogen.

This research was funded by NOVIXGEN project D.M. MASAF n. D.M. N.0664890 del 29/12/2022 (CUP: C83C22001280006)

IDENTIFICAZIONE E CARATTERIZZAZIONE GENETICA DI GENOTIPI DI OLIVO POTENZIALMENTE TOLLERANTI/RESISTENTI A XYLELLA FASTIDIOSA NELLA REGIONE DELLA PUGLIA. Iuliano A. (1, 2), Montemurro C. (2), Hussain M. (1), Savoia M.A. (2),

Mascio I. (2), Fabiani A. (3), Puletti N. (4), Santilli E. (1) (1) Consiglio per la Ricerca Agricola ed Economia, Centro di Ricerca per le Colture di Olive, Frutta e Agrumi (CREA-OFA), Rende, Cosenza, Italia (2) Dipartimento di Scienze del Suolo, delle Piante e degli Alimenti (DI.S.S.P.A.), Università di Bari Aldo Moro, Bari, Italia (3) Consiglio per la Ricerca Agricola ed Economia, Centro di Ricerca per l'Agricoltura e l'Ambiente (CREA-AA), Firenze, Italia (4) Consiglio per la Ricerca e l'Economia Agricola, Centro di Ricerca per la Silvicoltura e il Legno (CREA-FL), Arezzo, Italia Xylella fastidiosa subsp. La pauca è stata identificata per la prima volta nel 2013 in Puglia (vicino a Gallipoli) e si è rapidamente diffusa nella regione. Questo patogeno di quarantena colonizza i vasi dello xilema ed è trasmesso da vettori insetti come Philaenus spumarius. Una volta all'interno dell'ospite, si prolifera nello xilema, bloccando i vasi tramite aggregati batterici e tilosi e gengive prodotti dall'ospite, con sintomi spesso simili allo stress idrico. Negli ulivoli, i sintomi includono la disidratazione di rami e piccoli rami, inizialmente nella chioma superiore e progressivamente diffusa a tutta la corona, causando infine declino e morte nelle cultivar suscettibili nel giro di pochi anni. La rapida diffusione fu favorita dalla mancanza di strategie di controllo efficaci e dalla predominanza nel Salento delle cultivar locali Cellina di Nardò e Ogliarola Salentina, entrambe altamente suscettibili, portando a una vivace mortalità degli alberi e a gravi perdite economiche e produttive. L'aumento della biodiversità degli olivi rappresenta una strategia chiave per il recupero e la sostenibilità a lungo termine delle aree colpite. In questo studio, come parte del progetto Novixgen, sono stati identificati e analizzati genotipi di oliva potenzialmente tolleranti o resistenti al patogeno. Un ampio indagine sul campo nelle aree inizialmente colpite del Salento, integrando GIS e osservazioni sul campo, ha selezionato 200 ulivi che mostravano sintomi lievi o nessun indicativo di tolleranza potenziale. Queste piante sono state geneticamente caratterizzate utilizzando marcatori SSR (Simple Sequence Repeat) e i loro profili sono stati confrontati con un dataset di cultivar di ulivo nazionali e internazionali. I risultati preliminari hanno rivelato che molti genotipi non corrispondevano alle varietà note, suggerendo incroci spontanei o accessioni locali non attribuibili a cultivar ampiamente caratterizzati. Le analisi di paternità hanno rivelato che, in alcuni casi, è stata rilevata una relazione con la cultivar Leccino, nota per la sua tolleranza a Xylella fastidiosa, così come strette relazioni genetiche con cultivar la cui risposta al patogeno è ancora sconosciuta. Questi risultati evidenziano la necessità di ulteriori indagini su genotipi non ancora caratterizzati per resistenza o tolleranza al batterio. Sono state condotte analisi filogenetiche per chiarire le relazioni tra genotipi selezionati e cultivar di riferimento. L'identificazione e la caratterizzazione genetica dei genotipi tolleranti forniscono informazioni preziose per i programmi di selezione e la selezione di materiale vivale resiliente, supportando il ripristino della coltivazione degli olivi in Puglia e rafforzando la resilienza degli agroecosistemi mediterranei degli olivi colpiti dal patogeno.

Alla ricerca di ulivi resistenti alla Xylella in Puglia

Autori: A. Iuliano, C. Montemurro, M. Hussain, M.A. Savoia, I. Mascio, A. Fabiani, N. Puletti, E. Santilli

La **Xylella fastidiosa** è un batterio che attacca gli ulivi. È stato scoperto per la prima volta in Puglia nel 2013 e da allora si è diffuso molto velocemente.

Questo batterio vive all'interno dei vasi della pianta, chiamati **xilema**, che trasportano acqua e sostanze nutritive. Quando il batterio si moltiplica, blocca questi vasi e impedisce all'acqua di circolare correttamente. Per questo motivo gli alberi mostrano sintomi simili alla siccità: le foglie e i rami si seccano, la chioma si deteriora e, nelle varietà più sensibili, l'albero può morire in pochi anni.

La diffusione della malattia è stata favorita dalla presenza di insetti vettori, come la sputacchina (*Philaenus spumarius*), e dal fatto che molte delle varietà di ulivo coltivate nel Salento, come **Cellina di Nardò** e **Ogliarola Salentina**, sono particolarmente sensibili al batterio.

Per aiutare il recupero degli uliveti pugliesi, i ricercatori del progetto **NOVIXGEN** hanno cercato alberi che sembravano resistere meglio alla malattia.
Attraverso osservazioni sul campo e l'uso di mappe digitali, sono stati selezionati circa **200 ulivi** che presentavano pochi sintomi o sembravano sani nonostante la presenza della Xylella.
Successivamente, gli scienziati hanno studiato il DNA di queste piante utilizzando particolari marcatori genetici chiamati **SSR**, che permettono di riconoscere e confrontare le diverse varietà di ulivo.
I risultati hanno mostrato che molti degli alberi analizzati non appartenevano a varietà conosciute. Potrebbero quindi essere il risultato di incroci naturali oppure varietà locali mai studiate in dettaglio.
In alcuni casi è stata trovata una parentela genetica con la varietà **Leccino**, già nota per essere più tollerante alla Xylella rispetto ad altre cultivar. Sono state inoltre individuate relazioni con altre varietà la cui resistenza al batterio non è ancora conosciuta.
Per capire meglio l'origine e le caratteristiche di questi ulivi, i ricercatori hanno realizzato anche studi sull'albero genealogico delle piante, confrontandole con varietà di riferimento.
In conclusione, questo lavoro ha permesso di individuare nuovi genotipi di ulivo che potrebbero essere più resistenti alla Xylella. Queste piante potrebbero diventare molto importanti per creare nuovi uliveti più resilienti e aiutare la rinascita dell'olivicoltura pugliese.