EXPLORING OLIVE MICROBIOME COMPOSITION IN RELATION TO ROOTSTOCKS AND *XYLELLA FASTIDIOSA* SUBSP. *PAUCA* INFECTION

Giuseppina Procopio[1], Antonino Malacrinò[3], Elena Santilli[2*], Leonardo Schena[1]

[1]Department of Agriculture, Università degli Studi Mediterranea di Reggio Calabria, Reggio Calabria, Italy
[2]Council for Agricultural Research and Economics, Research Centre for Olive, Fruit and Citrus Crops (CREA - OFA), Rende, Cosenza, Italy
[3]Department of Biological Sciences, Clemson University, Clemson, SC, USA

*Corresponding Author: Elena Santilli - elena.santilli@crea.gov.it

Xylella fastidiosa subsp. *pauca* is the causal agent of Olive Quick Decline Syndrome (OQDS), a serious threat to olive production across the Mediterranean basin. Understanding the interactions between the pathogen, host plants, and associated microbial communities is essential for improving disease management and identifying potential resilience factors in olive cultivars. Among these factors, the influence of rootstocks on plant-associated microbiomes may play an important role in modulating plant susceptibility or tolerance to infection. Sampling activities took place in March 2025 in a semi-intensive olive orchard located in the province of Brindisi (Apulia, Italy). The field included nine different self-rooted olive cultivars, four of which were also grafted onto three different rootstocks. For each cultivar or rootstock combination, ten plants were selected for the collection of leaf and root samples. DNA was extracted from leaf and root samples in order to prepare sequencing libraries for 16S and ITS2 amplicon sequencing. Through bioinformatics analyses, we identified olive trees infected by *X. fastidiosa*, providing information on the distribution of the pathogen among the different cultivars and rootstock combinations present in the field. We also characterized the bacterial and fungal communities associated with infected and uninfected plants. Comparing microbial profiles between different cultivars, rootstocks, and plant health conditions may reveal patterns of microbial association potentially linked to plant susceptibility or resilience to infection. Overall, this study will contribute to a better understanding of the complex interactions among *X. fastidiosa*, olive plants, and their microbiota. The results may provide useful information for future strategies aimed at mitigating the impact of OQDS and supporting sustainable olive cultivation in affected regions.

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

ESPLORAZIONE DELLA COMPOSIZIONE DEL MICROBIOMA DELL'OLIVO IN RELAZIONE AI PORTINNESTI E ALL'INFEZIONE DA *XYLELLA FASTIDIOSA* SUBSP. *PAUCA*

Giuseppina Procopio[1], Antonino Malacrinò[3], Elena Santilli[2]*, Leonardo Schena[1]

[1] Dipartimento di Agraria, Università degli Studi Mediterranea di Reggio Calabria, Reggio Calabria, Italia

[2] Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), Centro di Ricerca Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura (CREA-OFA), Rende (CS), Italia

[3] Dipartimento di Scienze Biologiche, Clemson University, Clemson, South Carolina, USA

*Autore corrispondente: Elena Santilli – elena.santilli@crea.gov.it

Xylella fastidiosa subsp. *pauca* è l'agente causale del Complesso del Disseccamento Rapido dell'Olivo (OQDS), una grave minaccia per la produzione olivicola nell'intero bacino del Mediterraneo. Comprendere le interazioni tra il patogeno, le piante ospiti e le comunità microbiche associate è fondamentale per migliorare la gestione della malattia e identificare potenziali fattori di resilienza nelle cultivar di olivo. Tra questi fattori, l'influenza dei portinnesti sul microbioma associato alla pianta potrebbe svolgere un ruolo importante nel modulare la suscettibilità o la tolleranza all'infezione.

Le attività di campionamento sono state condotte nel marzo 2025 in un oliveto semi-intensivo situato nella provincia di Brindisi (Puglia, Italia). Il campo sperimentale comprendeva nove diverse cultivar di olivo autoradicate, quattro delle quali erano anche innestate su tre differenti portinnesti. Per ciascuna cultivar o combinazione cultivar-portinnesto sono state selezionate dieci piante per il prelievo di campioni fogliari e radicali.

Il DNA è stato estratto dai campioni di foglie e radici al fine di preparare librerie per il sequenziamento di ampliconi dei marcatori 16S e ITS2. Attraverso analisi bioinformatiche è stato possibile identificare gli olivi infetti da *X. fastidiosa*, ottenendo informazioni sulla distribuzione del patogeno tra le diverse cultivar e combinazioni di portinnesti presenti nel campo sperimentale.

Sono state inoltre caratterizzate le comunità batteriche e fungine associate alle piante infette e non infette. Il confronto dei profili microbici tra differenti cultivar, portinnesti e condizioni fitosanitarie delle piante potrà evidenziare schemi di associazione microbica potenzialmente correlati alla suscettibilità o alla resilienza delle piante nei confronti dell'infezione.

Nel complesso, questo studio contribuirà a una migliore comprensione delle complesse interazioni tra *X. fastidiosa*, l'olivo e il suo microbiota. I risultati potranno fornire informazioni utili per lo sviluppo di future strategie volte a mitigare l'impatto del Complesso del Disseccamento Rapido dell'Olivo e a sostenere una coltivazione dell'olivo più sostenibile nelle aree colpite dalla malattia.

Il microbioma dell'olivo e la sua relazione con la Xylella

Autori: G. Procopio, A. Malacrinò, E. Santilli, L. Schena

La **Xylella fastidiosa** è un batterio che provoca il **Complesso del Disseccamento Rapido dell'Olivo (CoDiRO o OQDS)**, una malattia che sta causando gravi danni agli uliveti del Mediterraneo.

Oltre al batterio responsabile della malattia, ogni pianta ospita moltissimi altri microrganismi, come batteri e funghi, che vivono sulle radici, nelle foglie e all'interno dei tessuti vegetali. L'insieme di questi microrganismi viene chiamato **microbioma**.

Gli scienziati vogliono capire se il microbioma possa aiutare gli ulivi a resistere meglio alla Xylella e se i **portinnesti** (la parte della pianta su cui viene innestata una varietà di olivo) influenzino la presenza di questi microrganismi.

Per questo studio, nel marzo 2025 sono stati raccolti campioni di foglie e radici in un oliveto sperimentale della provincia di Brindisi, in Puglia. Nel campo erano presenti diverse varietà di olivo, alcune coltivate sulle proprie radici e altre innestate su differenti portinnesti.

Per ogni combinazione di varietà e portinnesto sono state analizzate dieci piante.

In laboratorio, i ricercatori hanno estratto il DNA dai campioni e utilizzato tecniche di sequenziamento genetico per identificare:

- la presenza di **Xylella fastidiosa**;
- i batteri presenti nelle piante;
- i funghi presenti nelle piante.

Successivamente, sono state confrontate le comunità microbiche degli ulivi infetti con quelle degli ulivi sani, per capire se alcuni microrganismi siano associati a una maggiore resistenza o tolleranza alla malattia.

I ricercatori hanno anche studiato se le diverse varietà di olivo e i diversi portinnesti influenzano la composizione del microbioma.

L'obiettivo finale è individuare combinazioni di varietà, portinnesti e microrganismi che possano aiutare gli ulivi a difendersi meglio dalla Xylella.

In conclusione, questo studio aiuterà a comprendere meglio il rapporto tra il batterio, l'olivo e i microrganismi che vivono nella pianta. Le conoscenze ottenute potranno essere utilizzate in futuro per sviluppare metodi più sostenibili per proteggere gli ulivi e ridurre i danni causati dalla malattia.