Characterization of an olive germplasm collection for response to *Xylella fastidiosa*

Gaetano Giudice[1], Chiara Delvento[1], Marzia Guerriero[1], Francesco Arcieri[1], Franco Nigro[1], Stefano Pavan[1], Elena Santilli[2]

[1]Department of Soil, Plant and Food Sciences, University of Bari Aldo Moro, 70126, Bari, Italy

[2]Research Centre for Olive, Citrus and Tree Fruit, Council for Agricultural Research and Economics (CREA), 87036, Rende, Italy

Xylella fastidiosa (*Xf*) represents one of the most severe phytosanitary threats to Mediterranean agriculture, severely affecting olive cultivation in Apulia (Southern Italy), where the pathogen has spread rapidly since its introduction in 2013. The characterization of genetic variation response to *Xf* and the genetic basis of resistance is therefore crucial. Within the framework of the project Novixigen, we are currently performing the characterization of 100 olive cultivars maintained in the national facility of the Italian Council for Agricultural Research and Economics (CREA), located in Monteroni (Lecce), an area heavily affected by *Xf* infection. Specifically, genetic characterization is currently ongoing by whole-genome resequencing (WGS). In addition, the same phenotypic evaluation will be performed with respect to the level of bacterial colonization and other traits potentially correlated with *Xf* resistance. Genome-wide association studies (GWASs) will be carried out to identify genomic regions, molecular markers, and candidate genes potentially associated with phenotypic variation. Expected outcomes include the characterization of cultivars with enhanced resistance and insights on molecular mechanisms underlying the olive-*Xf* interaction.

CARATTERIZZAZIONE DI UNA COLLEZIONE DI GERMOPLASMA DI OLIVO PER LA RISPOSTA A *XYLELLA FASTIDIOSA*

Gaetano Giudice[1], Chiara Delvento[1], Marzia Guerriero[1], Francesco Arcieri[1], Franco Nigro[1], Stefano Pavan[1], Elena Santilli[2]

[1] Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti, Università degli Studi di Bari Aldo Moro, 70126 Bari, Italia

[2] Centro di Ricerca Olivicoltura, Agrumicoltura e Frutticoltura, Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), 87036 Rende, Italia

Xylella fastidiosa (Xf) rappresenta una delle più gravi minacce fitosanitarie per l'agricoltura mediterranea, avendo colpito severamente la coltivazione dell'olivo in Puglia (Italia meridionale), dove il patogeno si è diffuso rapidamente dalla sua introduzione nel 2013. La caratterizzazione della variabilità genetica nella risposta a Xf e delle basi genetiche della resistenza riveste pertanto un'importanza cruciale.

Nell'ambito del progetto NOVIXGEN, è attualmente in corso la caratterizzazione di 100 cultivar di olivo conservate presso il campo collezione nazionale del Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), situato a Monteroni (Lecce), un'area fortemente interessata dall'infezione da Xf.

In particolare, è in corso la caratterizzazione genetica delle cultivar mediante sequenziamento dell'intero genoma (*Whole-Genome Resequencing*, WGS). Parallelamente, verrà effettuata una valutazione fenotipica delle stesse accessioni, considerando il livello di colonizzazione batterica e altri caratteri potenzialmente correlati alla resistenza a Xf.

Successivamente saranno condotti studi di associazione genome-wide (*Genome-Wide Association Studies*, GWAS) al fine di identificare regioni genomiche, marcatori molecolari e geni candidati potenzialmente associati alla variabilità fenotipica osservata.

Tra i risultati attesi vi sono l'identificazione e la caratterizzazione di cultivar dotate di una maggiore resistenza al patogeno, nonché l'acquisizione di nuove conoscenze sui meccanismi molecolari che regolano l'interazione tra l'olivo e *Xylella fastidiosa*. Tali informazioni potranno fornire strumenti utili per i programmi di miglioramento genetico e per lo sviluppo di strategie sostenibili di gestione della malattia.

Studio di 100 varietà di olivo per trovare quelle più resistenti alla Xylella

Autori: G. Giudice, C. Delvento, M. Guerriero, F. Arcieri, F. Nigro, S. Pavan, E. Santilli

La **Xylella fastidiosa** è un batterio che sta causando gravi danni agli uliveti della Puglia e rappresenta una delle maggiori minacce per l'agricoltura del Mediterraneo.

Per contrastare questa malattia, gli scienziati stanno cercando di capire perché alcune varietà di olivo siano più resistenti di altre. Conoscere queste differenze può aiutare a coltivare piante più forti e capaci di sopportare meglio l'infezione.

Nell'ambito del progetto **NOVIXGEN**, i ricercatori stanno studiando **100 diverse varietà di olivo** conservate in una collezione nazionale del CREA situata a Monteroni, in provincia di Lecce, una delle zone maggiormente colpite dalla Xylella.

Per ogni varietà viene analizzato il **DNA completo**, cioè tutto il patrimonio genetico della pianta. Questa tecnica permette di individuare le differenze genetiche tra le varie cultivar.

Contemporaneamente, gli studiosi osservano come le piante reagiscono alla presenza del batterio, valutando:

- quanto il batterio riesce a diffondersi all'interno della pianta;
- la gravità dei sintomi;
- altre caratteristiche che potrebbero essere collegate alla resistenza.

Successivamente, i dati genetici e le osservazioni sulle piante verranno confrontati per capire quali parti del DNA sono associate a una maggiore capacità di difendersi dalla Xylella.

L'obiettivo è individuare:

- varietà naturalmente più resistenti;
- geni che aiutano la pianta a contrastare il batterio;
- marcatori genetici utili per selezionare rapidamente nuove piante resistenti.

I ricercatori sperano così di comprendere meglio i meccanismi che regolano il rapporto tra l'olivo e la Xylella e di fornire strumenti utili per creare nuovi uliveti più resilienti.

In conclusione, questo studio potrebbe aiutare a identificare le varietà di olivo più adatte a convivere con la malattia e a sviluppare programmi di miglioramento genetico per proteggere il futuro dell'olivicoltura mediterranea.