



Figura 1. Síntomas de *Xylella fastidiosa* en el olivo. Deseccación limitada en el cultivo de Leccino.

## Resistencia a *Xylella fastidiosa* en el olivo: experimentos de campo y de laboratorio

**Pasquale Saldarelli,**  
**Raied Abou Kubaa,**  
**Donato Boscia,**  
**Pierfederico La Notte y**  
**Maria Saponari**

CNR, Instituto para la  
Protección Sostenible de  
Plantas, Bari, Italia.

**Annalisa Giampetruzzi y**  
**Giuliana Loconsole**

Departamento de Ciencias  
del Suelo, de las Plantas y  
de los Alimentos, Universi-  
dad de Bari, Italia

Los métodos de control de enfermedades que utilizan variedades resistentes se encuentran entre los más efectivos, particularmente cuando se carece de las herramientas terapéuticas necesarias para controlar ciertos patógenos. Es el caso de la bacteria fitopatógena *Xylella fastidiosa*, que recientemente ha sido asociada a una nueva enfermedad que afecta gravemente al olivo en el sur de Italia: el decaimiento rápido del olivo. Los amplios estudios realizados en el área del brote han revelado que son pocos los cultivares de olivo que sobreviven a las infecciones, incluso si se exponen a una alta presión de inóculo de forma natural. Se ha observado que ciertos árboles de algunos de estos cultivares como, por ejemplo, las variedades de Leccino y de FS17<sup>®</sup>, hospedan poblaciones bacterianas menores y presentan síntomas más leves de desecación, frente a otros cultivares locales como las variedades de Cellina di Nardò y de Ogliarola Salentina, que presentan una tasa alta de susceptibilidad. En estos cultivares, el progreso de las infecciones ha causado la desecación completa del dosel arbóreo, lo que con frecuencia ha llevado a la muerte de los árboles. Los experimentos de expresión génica han demostrado la probabilidad de que el cultivar de Leccino albergue rasgos genéticos de resistencia a la bacteria; por el contrario, los árboles de cultivares de Ogliarola Salentina son más propensos a sufrir infecciones. Más allá de estas evidencias, se están llevando a cabo importantes programas de detección sistémica o cribado que buscan descubrir la resistencia genética natural a *X. fastidiosa* en el germoplasma del olivo de diversos orígenes geográficos o en plántulas espontáneas sin síntomas seleccionadas en el área del brote.





Figura 2. Síntomas de *Xylella fastidiosa* en el olivo. Desecación completa de la gran mayoría del dosel en el cultivo de Ogliarola Salentina.

En 2013 se descubrió en Apulia, al sur de Italia (Saponari y col., 2018) un brote de *Xylella fastidiosa* (listada como agente patógeno de cuarentena por la UE) que tuvo consecuencias dramáticas en los olivos. Dado que suponía una amenaza emergente en la UE para una amplia gama de cultivos susceptibles de ser infectados, se realizó un esfuerzo para adquirir los conocimientos básicos sobre el origen, epidemiología y genética del agente patógeno, con objeto de controlar o mitigar su propagación. Poco después del descubrimiento de este brote, los estudios de campo revelaron que las dos variedades locales de Ogliarola Salentina y de Cellina di Nardò presentaban una susceptibilidad muy alta (es decir, una alta incidencia de infecciones y desecaciones de ramas graves y extensas que a menudo conducían a la muerte de los árboles), mientras que los árboles de cv. Leccino mostraban síntomas leves o no mostraban síntomas, a pesar de estar cerca de plantas con síntomas severos de desecamiento rápido del olivo (Figuras 1 y 2). Asimismo, se detectaron respuestas similares en plantas de estos cultivares cuando se les inoculó artificialmente la bacteria. En las plantas de cv. Cellina di Nardò se ob-

servó una muerte de brotes importante; sin embargo, la tasa de mortalidad fue limitada en las plantas de cv. Leccino (Saponara y col., 2017). Estas evidencias fenotípicas han sido corroboradas por la constante detección de un número menor de poblaciones bacterianas en los árboles de cv. Leccino ( $10^6/10^7$  CFU/ml), frente a la de los de cv. Ogliarola Salentina ( $10^4$  CFU/ml) (Giampetruzzi y col., 2016). La comparación de los perfiles de expresión génica del xilema y de tejidos foliares recuperados de árboles infectados de estas variedades ha permitido la identificación de varios genes (DEG) expresados de forma diferencial. Los principales resultados de los análisis de transcriptoma se pueden resumir de la siguiente manera: (i) La variedad de Leccino tiene un número menor de DEG que la variedad de Ogliarola Salentina, tanto en el xilema como en los tejidos foliares; (ii) la alteración de los transcritos en Leccino es más pronunciada en el xilema que en los tejidos foliares; (iii) el transcriptoma de Ogliarola Salentina presenta mayor perturbación que el de Leccino, tanto en los tejidos foliares como en el xilema; (iv) el incremento de los genes diferencialmente expresados es mayor en el caso Ogliarola Salen-

tina (xilema:  $9,3 < \text{incremento} < 8,8$ ; hoja:  $-8,7 < \text{incremento} < 8,9$ ) que en Leccino (xilema:  $-8 < \text{incremento} < 4,4$ ; hoja:  $-4,6 < \text{incremento} < 2,8$ ). En concreto, los genes que codifican las quinazas similares a receptores y las proteínas similares a receptores (RLK y RLP, respectivamente, por sus siglas en inglés) muestran regulación por incremento en cv. Leccino, y varios genes relacionados con el estrés de la sequía muestran regulación por incremento en Ogliarola Salentina. Además, ambas variedades reaccionan con un remodelado considerable de las proteínas de la pared celular. En particular, los genes relacionados con el estrés de la sequía que controlan el ácido abscísico (ABA) y las vías bioquímicas de la pared celular (es decir, la pectato liasa, la poligalacturonasa y la expansina) están implicados en la infección que sufren las plantas de campo y de invernadero de los cultivares de Ogliarola Salentina y de Cellina di Nardò susceptibles; por otra parte, se supone que un gen que codifica una quinasa similar a la receptora (RLK) está implicado en la respuesta detectada en Leccino (resultados no publicados). Un estudio paralelo ha revelado, por una parte, un aumento significativo de calcio (Ca) (30 %) en los tejidos

de las plantas de cv. Leccino cuando se presentan síntomas y, por otra, el aumento de expresión de una enzima que participa en el metabolismo del calcio, una proteína quinasa dependiente del calcio 1 (CDPK-1), en los tejidos de las hojas sintomáticas de cv. Ogliarola Salentina susceptible (D'Attoma y col., 2018).

Al igual que en el caso de la variedad de Leccino, en FS17® (Boscia y col., 2017) se han observado respuestas de resistencia a infecciones por *Xylella*, es decir, una baja incidencia de infecciones en los huertos contaminados y un porcentaje de población bacteriana inferior al detectado en Leccino.

Las evidencias recogidas hasta ahora en este número limitado de cultivos han llevado a realizar un programa de cribado a gran escala sobre la resistencia a *X. fastidiosa* en el olivo cuando la planta se expone a la presión natural del inóculo en el campo o a inoculaciones artificiales bajo condiciones controladas. En la actualidad, se están evaluando más de cien genotipos diferentes procedentes de diferentes zonas olivícolas mediterráneas (<http://www.xfactors-project.eu/screening-cultivars-resistance-xf/>).

Además, en el marco de una iniciativa apoyada por los agricultores, se han injertado más de cuatrocientos genotipos de olivo en olivos viejos infectados, con la esperanza de desarrollar un ensayo rápido que permita evaluar la respuesta de los cultivos a las infecciones y, a la vez, utilizar este enfoque para reconstruir el dosel de árboles centenarios infec-

## / Los datos preliminares de los experimentos de campo y de laboratorio indican que existen susceptibilidades diferenciales de infección por *X. fastidiosa* en el germoplasma del olivo /

tados mediante el injerto de esquejes de cultivos resistentes/tolerantes.

Otro programa de investigación aplicada prometedor se basa en estudios y pruebas en plántulas espontáneas sin síntomas que se seleccionan en un área con una tasa alta de infección y que podrían representar una fuente importante de resistencia en futuros programas de reproducción. Aunque todos estos experimentos requieren una evaluación a largo plazo, los datos preliminares de los experimentos de campo y de laboratorio indican que existen susceptibilidades diferenciales de infección por *X. fastidiosa* en el germoplasma del olivo, lo que sugiere que en el futuro se podrán

desarrollar alternativas de manejo de enfermedades a fin de reconstruir la industria olivarera en la zona.

### Abstract

Approaches to disease control that depend on resistant varieties are among the most effective, particularly for those pathogens for which therapeutic tools are lacking. It is the case of the plant pathogenic bacterium *Xylella fastidiosa*, recently associated to a novel disease severely affecting olive trees in southern Italy, the Olive Quick Decline Syndrome (OQDS). Extensive surveys in the outbreak area disclosed that few olive cultivars survived to the infections, although naturally exposed to a high inoculum pressure. Trees of some of these cultivars, i.e. Leccino and FS17, were found to host lower bacterial population sizes and to show milder symptoms of desiccation compared to other local cultivars as Cellina di Nardò and Ogliarola Salentina, resulting highly susceptible. In these cultivars, the progress of infections led to a complete desiccation of the canopy often resulting in the death of the trees. Gene expression experiments showed that cultivar Leccino most likely harbors genetic traits of resistance to the bacterium; conversely trees of the susceptible cultivars Ogliarola Salentina succumb to the infections. Beside these evidences, large screening programs are ongoing to search for natural genetic resistance to *X. fastidiosa* in olive germplasm of diverse geographical origins or in spontaneous symptomless seedlings selected in the outbreak area.

### Bibliografía

- ! Saponari M, Giampetruzzi A, Loconsole G, Boscia D, Saldarelli P. *Xylella fastidiosa* in olive in Apulia: where we stand. *Phytopathology*. 2018 Oct 30. doi: 10.1094/PHYTO-08-18-0319-FI
- Giampetruzzi, A., Morelli, M., Saponari, M., Loconsole, G., Chiumenti, M., Boscia, D., Savino, V., Martelli, G. P., and Saldarelli P. 2016. Transcriptome profiling of two olive cultivars in response to infection by the CoDiRO strain of *Xylella fastidiosa* subsp. pauca. *BMC Genomics*. 17:475
- Saponari, M., Boscia, D., Altamura, G., Loconsole, G., Zicca, S., D'Attoma, G., Morelli, M., Palmisano, F., Saponari, A., Tavano, D., Savino, V.N., Dongiovanni, C., and Martelli, G. P. 2017. Isolation and pathogenicity of *Xylella fastidiosa* associated to the olive quick decline syndrome in southern Italy. *Sci. Rep.* 18;7:17723. doi: 10.1038/s41598-017-17957-z.
- Boscia D y col. 2017. Resistenza a *Xylella fastidiosa* in diverse cultivar di olivo. *L'Informatore Agrario*, 11: 59-63.
- D'Attoma G, De La Fuente L, Saldarelli P, Abou Kubaa R, Morelli M, Giampetruzzi A, Boscia B, Savino VN, Cobine P. 2018. Evaluation of the effect of *Xylella fastidiosa* on leaf ionome and calcium-related gene expression profiles of infected olive trees. Abstracts of the 6th Xanthomonas Genomics Conference & 2nd EuroXanth Conference, July 18-21, 2018, Halle (Saale), Germany.