



DI4A

DIPARTIMENTO
DI SCIENZE AGROALIMENTARI,
AMBIENTALI E ANIMALI
UNIVERSITÀ DEGLI
STUDI DI UDINE



Book of abstracts

*IX INCONTRO NAZIONALE
SUI FITOPLASMI E LE
MALATTIE DA FITOPLASMI*

Udine, 3-5 Settembre 2024

Con il patrocinio di



SIPaV

Società Italiana di Patologia Vegetale
Italian Phytopathological Society



**Associazione
Italiana
Protezione
Pianta**



**Società
Entomologica
Italiana**



**Sezione
Entomologia
Agraria**

Complex endophytic bacterial composition of phytoplasma-infected grapevines and coconut palms

N. Contaldo^{1,3}, M. Nicolaisen², E.N. Kudjorjie², A. Bertaccini³

¹Institute of Sustainable Plant Protection, National Research Council, (IPSP, CNR) Bari, Italy; ²Department of Agroecology, Aarhus University, Aarhus, Denmark; ³Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL), *Alma Mater Studiorum*, University of Bologna, Bologna, Italy

In the last decade, several studies have addressed the dynamic microbial community associated with important plant diseases. Among others plant pathogenic bacteria that cause serious diseases for many agriculture crops, phytoplasmas are wall-less pathogenic bacteria difficult to be cultured *in vitro* and transmitted by various hemipteran species. Grapevine yellows and coconut palm lethal yellows are among the most damaging phytoplasma-associated diseases that cause severe yield losses worldwide. The endophytic microbial composition of phytoplasma-infected grapevines (from Italy) and coconut palms (from Ghana, Mexico, Jamaica and Cuba) was investigated in terms of abundance and variability of bacterial genera identified, and the possible positive and negative correlations with the detected phytoplasmas. After Illumina sequencing overall 431 bacterial OTUs (Organism Taxonomic Unit) were identified in the grapevine samples and more than 1,000 in the coconut palm samples monitored. The bioinformatic analyses allowed identification of the detected genera. Phytoplasmas (*Acholeplasmataceae* family) were detected in all the analyzed samples, however the relative amount of phytoplasma OTUs compared to other bacterial genera varied enormously according to the phytoplasma detected (in the case of grapevines samples) or to the geographic origin (in the case of coconut palms). In particular samples from “flavescence dorée” infected grapevines showed the presence of about 90% phytoplasma OTUs among all bacterial species, while from “bois noir” infected samples this percentage decreased to less than 50%. Interestingly, the percentage of phytoplasma OTUs detected in severely infected coconut palms was ranging from 2-15% of the total bacterial community in samples from Ghana, Mexico and Jamaica, and increased to 55% in Cuban plants. Furthermore, the preliminary analysis on bacterial communities showed that the *Enterobacteriaceae* family represents the predominant bacterial group, no matter of plant species considered. Among the bacteria detected in grapevines, *Micrococcaceae*, *Sphingomonadaceae*, *Pseudomonadaceae* and *Beijerinckiaceae* families were identified in all the Italian regions analyzed, while in the case of coconut palms a significant difference in genera was detected according to the geographic origin of the samples. In particular, while about 20/25 families were identified in samples collected from Ghana, Jamaica and Mexico, with a prevalence of *Pseudomonadaceae*, *Rhizobiaceae*, *Bacillaceae* and *Burkholderiaceae*, over 70 families were obtained from samples collected in Cuba, indicating a greater variability and complexity of the microbiota in the coconut plants. The overall results obtained in this study highlighted that phytoplasma diseases are complex pathosystems, shaped by numerous biotic and abiotic factors, including the interactions with bacteria living in the same host. More studies are then needed to better understand the mechanisms involved in the pathogenicity of these microorganisms also in relationship with their bacterial communities.

Work funded by the EU Horizon 2020 program under grant agreement No. 727459, project “Insect-borne prokaryote-associated diseases in tropical and subtropical perennial crops” (TROPICSAFE).

Complessità della composizione batterica endofita di piante di vite e palma da cocco infette da fitoplasmi

N. Contaldo¹, M. Nicolaisen², E. N. Kudjardjie², A. Bertaccini³

¹Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Consiglio Nazionale delle Ricerche, (IPSP, CNR), Bari, Italia; ²Dipartimento di Agroecologia, Aarhus University, Aarhus, Danimarca; ³Dipartimento di Scienze e Tecnologie agro-alimentari (DISTAL), *Alma Mater Studiorum*, Università di Bologna, Bologna, Italia

Nell'ultimo decennio sono stati condotti diversi studi per comprendere la dinamica delle comunità microbiche associate ad importanti malattie delle piante. I fitoplasmi sono batteri patogeni privi di parete, di difficile coltivazione *in vitro*, trasmessi da varie specie di emetteri. I giallumi della vite ed il giallume letale della palma da cocco sono tra le malattie associate ai fitoplasmi più dannose che causano gravi perdite economiche in tutto il mondo. È stata analizzata la composizione batterica endofita in viti (provenienti dall'Italia) e palme da cocco (provenienti da Ghana, Messico, Giamaica e Cuba), in termini di abbondanza e variabilità di generi batterici in funzione anche delle possibili correlazioni positive e negative con i fitoplasmi rilevati. Dopo il sequenziamento Illumina sono state identificate complessivamente 431 OTU (unità tassonomiche di organismi) batteriche nei campioni di vite e più di 1.000 nei campioni di palma da cocco; le analisi bioinformatiche hanno permesso di identificare i batteri rilevati a livello di genere. I fitoplasmi (famiglia *Acholeplasmataceae*) sono stati rinvenuti in tutti i campioni analizzati; tuttavia, la quantità relativa di OTU di fitoplasmi rispetto a quella di altri generi batterici è risultata variare enormemente a seconda del fitoplasma identificato (nel caso di campioni di vite) o della provenienza geografica (nel caso delle palme da cocco). In particolare, i campioni di viti infette da flavescenza dorata hanno mostrato la presenza di circa il 90% di OTU di fitoplasmi tra tutte le specie batteriche, mentre nei campioni infetti da legno nero questa percentuale è scesa sotto il 50%. È interessante notare che la percentuale di OTU di fitoplasmi rilevata nelle palme da cocco gravemente infette variava dal 2 al 15% della comunità batterica totale nei campioni provenienti da Ghana, Messico e Giamaica, ed aumentava al 55% nei campioni cubani. Inoltre, la famiglia delle *Enterobacteriaceae* rappresenta il gruppo batterico predominante, indipendentemente dalla specie vegetale considerata. Tra i batteri rilevati in vite, sono state identificate le famiglie *Micrococcaceae*, *Sphingomonadaceae*, *Pseudomonadaceae* e *Beijerinckiaceae* nei campioni di tutte le regioni italiane analizzate, mentre nelle palme da cocco si è evidenziata una grande differenza di generi a seconda della provenienza geografica dei campioni. In particolare, mentre circa 20/25 famiglie sono state identificate in campioni prelevati da Ghana, Giamaica e Messico, con prevalenza di *Pseudomonadaceae*, *Rhizobiaceae*, *Bacillaceae* e *Burkholderiaceae*, oltre 70 famiglie sono state ottenute da campioni raccolti a Cuba, ove si è quindi individuata una maggiore variabilità e complessità di microbiota. I risultati complessivi ottenuti hanno evidenziato che le malattie da fitoplasmi sono inserite in patosistemi complessi, influenzati da numerosi fattori biotici e abiotici, comprese le interazioni con i batteri endofiti dello stesso ospite. Sono quindi necessari ulteriori studi anche sui microbiomi per comprendere meglio i meccanismi coinvolti nella patogenicità di questi microrganismi.

Lavoro finanziato dal programma Horizon 2020 dell'UE nell'ambito dell'accordo n. 727459, progetto "Insect-borne prokaryote-associated diseases in tropical and subtropical perennial crops" (TROPICSAFE).