



Prot. Selge 62/2018

Bari, 6/3/2018

Al Dirigente Responsabile del Servizio Fitosanitario
Regione Puglia
Lungomare N. Sauro, 45/46
70121 BARI

Oggetto: Aggiornamento attività di caratterizzazione genetica isolati di *Xylella fastidiosa* e segnalazione nuova specie ospite.

Con riferimento alle attività finalizzate alla identificazione del ceppo a cui appartengono gli isolati di *X. fastidiosa* sottoposti a saggi di conferma presso i ns laboratori, si comunica che nell'ambito delle attività di ricerca finalizzate alla caratterizzazione genetica della popolazione di *Xylella fastidiosa* associata all'epidemia di disseccamento rapido dell'olivo olivo, è stata completata l'analisi Multilocus Sequence Typing (MLST) sugli isolati e/o sul DNA estratto dalle piante di olivo selezionate nei focolai ricadenti nella zona cuscinetto (agri di Cisternino, Ceglie Messapica ed Ostuni - Allegato 1).

Inoltre, con la presente si comunica che nell'ambito delle attività di studio della patogenicità e biologia del ceppo salentino di *X. fastidiosa*, è stata individuata una pianta di "Hebe" positiva ai saggi sierologici e molecolari (real time PCR, PCR-MLST). Il DNA estratto da questa pianta è stato sottoposto ad analisi MLST per la determinazione della sottospecie e del "Sequence Type" del ceppo associato all'infezione, confermando che trattasi della sottospecie *pauca* ST53 (Allegato 2).

Restando a disposizione per qualsiasi ulteriore informazione, si porgono cordiali saluti.

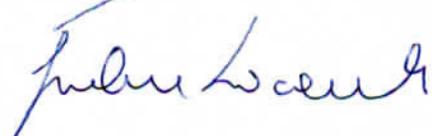
Il Responsabile IPSP-CNR, Bari

Dott. Donato Boscia



Il Coordinatore della Rete SELGE

Prof. Vito Nicola Savino



Allegato 2. Identificazione nuova specie ospite di *X. fastidiosa* sottospecie *pauca* ST53

Specie ospite	Data campionamento	Protocollo di diagnosi ed esito	Sottospecie e ceppo (analisi MLST)	COORDINATE GPS		NOTE
<i>Hebe</i>	12/2/2018 (prelievo effettuato dal Dr. Boscia)	<ul style="list-style-type: none"> • ELISA (positivo) • PCR per 7 geni MLST (positivo) • qPCR Harper et al., 2010 (positivo) • Sequenziamento: 100% di identità nucleotidica con sequenze di <i>X. fastidiosa</i> 	Sottospecie <i>pauca</i> , ST53	39,955271 N	18,095832 E	<p>Analisi MLST effettuata sul DNA totale estratto dalla pianta infetta;</p> <p>Sintomi: presenza di ingiallimenti e bruscatura fogliare, con disseccamento dei rami (Figura 1)</p> <p>Prove di isolamento da porzioni di rametto sono in corso al fine di ottenere l'isolato in coltura</p>



Figura 1. Pianta di Hebe in cui è stata diagnosticata la presenza di *X. fastidiosa* subsp. *pauca* ST53