

## **Caratterizzazione di una popolazione di limone per l'identificazione di fonti di resistenza di origine genetica a stress biotici**

**Catalano C., Licciardello G., Seminara S., Distefano G., Di Guardo M., Tropea Garzia G., Tortorici S., Zappalà L., Biondi A., La Malfa S.G., Gentile A.**

chiara.catalano@phd.unict.it

*Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università degli Studi di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123, Catania*

Benché il 48% della produzione globale di limone (*C. limon* (L.) Burm. f.) sia localizzata nel Bacino del Mediterraneo, la sua coltivazione in questi ambienti è fortemente limitata da una severa tracheomicosi, nota come *mal secco*, il cui agente eziologico, *Plenodomus tracheiphilus*, è inserito nella lista A2 dei patogeni da quarantena dell'European and Mediterranean Plant Protection Organization (EPPO). Ad oggi, sia gli interventi di carattere agronomico che fitosanitario non sono sufficienti a contenere i danni e oltre un secolo di ricerche finalizzate all'ottenimento di genotipi tolleranti, non ha raggiunto l'obiettivo, né individuato le basi genetiche della tolleranza nell'ospite. Le moderne tecniche di Next Generation Sequencing (NGS) e specifiche analisi bioinformatiche, offrono tuttavia nuove opportunità per l'individuazione di marker molecolari associati ai caratteri di interesse attraverso la costituzione di popolazioni segreganti e l'analisi del germoplasma disponibile. Al fine di identificare fonti genetiche di resistenza a stress di origine biotica ed in particolare al *mal secco* è stata costituita una popolazione di limone, incrociando la varietà tollerante 'Interdonato', con il 'Femminello Siracusano 2kr', molto produttivo, ma suscettibile alla tracheomicosi. La caratterizzazione del comportamento di questa popolazione nei confronti del *mal secco* è un passo cruciale per la costituzione di un dataset fenotipico strutturato che possa supportare l'analisi genotipica condotta parallelamente attraverso un approccio di Genotyping By Sequencing (GBS). La fenotipizzazione della popolazione segregante per il carattere di suscettibilità a *mal secco* è stata condotta attraverso delle prove di inoculazione *in planta* con una sospensione fialoconidica del fungo, e la gravità dei sintomi è stata esaminata settimanalmente secondo una scala empirica di valutazione. Misurazioni più precise dell'area fogliare sintomatica tramite analisi di immagine e indagini microscopiche della risposta al patogeno, forniranno dati più precisi e puntuali riguardo il complessivo grado di suscettibilità dei genotipi testati. Infine, durante la propagazione della popolazione segregante, questa è stata naturalmente attaccata dall'acaro fitofago *Tetranychus urticae* e i diversi genotipi hanno già manifestato una gravità dei sintomi piuttosto variabile. Di conseguenza, sono stati messi a punto dei biosaggi di laboratorio al fine di fenotipizzare la suscettibilità all'acaro. Nel complesso, la popolazione segregante di limone costituita (circa 130 individui) rappresenta una preziosa fonte di variabilità per la caratterizzazione della risposta fenotipica a stress biotici, nonché ad altri caratteri di pregio, e per l'individuazione di marker molecolari associati ai caratteri di interesse agronomico.

**Parole chiave:** popolazione segregante, fenotipizzazione, mal secco, ragnetto rosso.