

Madrid/Sevilla, lunes 23 de diciembre de 2019

Las poblaciones de la bacteria ‘*Xylella fastidiosa*’ que más afectan a Europa provienen de California

- Un estudio con participación del CSIC muestra los riesgos del comercio de material vegetal a escala mundial y la necesidad políticas para limitar la introducción de patógenos
- Los primeros brotes de la bacteria en España se detectaron hace tres años en las Islas Baleares y se constató que están extendidas por toda la superficie de Mallorca, Menorca e Ibiza
- *Xylella fastidiosa* constituye la mayor amenaza emergente para la agricultura en los países de la Unión Europea y de la Cuenca del Mediterráneo



Olivos en Morata de Tajuña, en Madrid. Foto: Andrés Díaz / CSIC Comunicación

Un equipo internacional coordinado por investigadores del [Instituto de Agricultura Sostenible \(IAS\)](#), centro del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) en Córdoba, ha demostrado que buena parte de las poblaciones de la bacteria *Xylella fastidiosa* que han afectado a grandes extensiones de cultivos, como el olivo, la vida y

el almendro, y flora natural en España, Italia y Francia, provienen de Estados Unidos, concretamente de California. El estudio ha aparecido recientemente en [Applied and Environmental Microbiology](#) y ha sido reseñado por la revista *Nature*.

En opinión de **Blanca Landa**, investigadora del IAS y autora principal del estudio, “*Xylella fastidiosa* constituye sin duda la mayor amenaza emergente para la agricultura en los países de la Unión Europea y de la Cuenca del Mediterráneo. Es una bacteria con un enorme potencial patogénico, ya que infecta y causa enfermedad severa en diferentes cultivos agrícolas de gran importancia económica como el olivo, la vid y el almendro, además de afectar a diferentes especies silvestres y forestales típicas del bosque mediterráneo”, puntualizó.

El equipo de investigación, en el que también participaron científicos de Estados Unidos, Italia y Brasil, secuenció el genoma completo de más de una docena de aislados europeos de *Xylella fastidiosa*, pertenecientes a la subespecie *multiplex*. Con el resultado de estos análisis se llevó a cabo un estudio comparativo con todos los genomas disponibles a nivel mundial de esta subespecie de la bacteria. El equipo comprobó que todas las introducciones de la *Xylella fastidiosa* de la subespecie *multiplex* en España, Italia y Francia tienen un origen común en los Estados Unidos, concretamente California.

Apunta Landa que el estudio es de “gran relevancia para un patógeno de cuarentena como es el caso de *Xylella fastidiosa*, ya que en base a la caracterización se aplican medidas de erradicación y contención. Esta investigación pone además de manifiesto los riesgos asociados con el comercio de material vegetal a escala mundial y la necesidad de desarrollar políticas eficaces para limitar la probabilidad de introducción de estos patógenos tan peligrosos para la agricultura y masas forestales en regiones libres de ellos”.

El recorrido de la *Xylella fastidiosa*

A finales del año 2013 las autoridades fitosanitarias de la Unión Europea comunicaron la aparición de una epidemia devastadora asociada con esta bacteria en los olivares de la región de Apulia, en Italia. El foco se ha ido expandiendo con rapidez y en la actualidad afecta a más de doscientas mil hectáreas. Posteriormente, se han ido detectando nuevos focos en la isla de Córcega y la Costa Azul francesa asociados a otras cepas diferentes a la italiana.

En España, específicamente en las Islas Baleares, se detectaron hace tres años tres subespecies de la bacteria: *fastidiosa*, *multiplex* y *pauca*; y se encuentra extendida por toda la superficie de las islas de Mallorca, Menorca e Ibiza, afectando a más de 21 especies vegetales. En Alicante se detectó hace más de dos años la subespecie *multiplex* afectando a una gran extensión de almendro y otras 10 especies silvestres y ornamentales. En enero de este año, la misma subespecie se ha detectado en Portugal afectando también a varias especies de plantas ornamentales y silvestres.

Concluye el estudio que la diversidad genética de las diferentes detecciones de la bacteria en el territorio de la Unión Europea, con subespecies y estirpes

pertenecientes a varios grupos genéticos, es un indicio de que han tenido lugar diferentes introducciones que han ocurrido de forma independiente; sin embargo, hasta la fecha, esta teoría no había sido demostrada.

Blanca B. Landa, Andreina I. Castillo, Annalisa Giampetruzzi, Alexandra Kahn, Miguel Román-Écija, María Pilar Velasco-Amo, Juan A. Navas-Cortés, Ester Marco-Noales, Silvia Barbé, Eduardo Moralejo, Helvecio D. Coletta-Filho, Pasquale Saldarelli, Maria Saponari, Rodrigo P. P. Almeida. **Emergence of a Plant Pathogen in Europe Associated with Multiple Intercontinental Introductions.** *Applied and Environmental Microbiology*. DOI: [10.1128/AEM.01521-19](https://doi.org/10.1128/AEM.01521-19)

Iván Alonso / CSIC Comunicación