



Parcela 0 de *Xylella fastidiosa* en Guadalest (Alicante).

Distribución potencial del patosistema *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* ST-6 y *Philaenus spumarius* en el sur de la península ibérica

**Miguel Romero
Fernández**

Departamento
Geografía Física y AGR,
Facultad de Geografía,
Universidad de Sevilla

Se ha validado el modelo ecológico de nicho MaxEnt en la distribución potencial de *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* y el vector asociado *Philaenus spumarius* en el sur de la península ibérica. La correlación de la probabilidad de presencia de la bacteria con respecto al insecto vector es del 94%, ratificando la existencia de un sistema patógeno-vector. La validación interna del modelo presenta unos coeficientes AUC por encima del 90%, las validaciones externas de los errores de omisión y comisión se han realizado mediante la correlación de los valores de probabilidad obtenidos por un modelo matemático multivariable y datos no introducidos en la modelización procedentes de 914 puntos de la última infección con una correlación de la predicción del modelo de más del 80%.

Palabras clave: *Xylella fastidiosa*, *Philaenus spumarius*, MaxEnt, Modelos de Distribución de Especies.

Introducción

Xylella fastidiosa sp. (Xf) es el patógeno que constituye en la actualidad la principal amenaza de numerosas especies vegetales, por lo que es considerada una bacteria de cuarentena en la Unión Europea (UE) desde el año 2000, según la Directiva 2000/29/EC, (Consejo europeo, 2000).

Xf es una bacteria aeróbica mesófila que se hospeda en el xilema de las plantas, siendo responsable de varias enfermedades con efectos devastadores como la enfermedad de Pierce en viña (EP), clorosis variegada en cítricos, decaimiento rápido del olivo (OQDS), marchitamiento irreversible de numerosas especies vegetales leñosas y herbáceas.

En la década de 1940 se demostró la transmisión de la enfermedad por vectores artrópodos (Janse y Obradovic, 2010); finalmente, su adecuada descripción, clasificación y denominación como Xf, no se produjo hasta el año 1987, (Wells y col., 1987). En 2013 se descubrió que la bacteria había migrado del continente americano, de

donde es autóctona, al europeo por transporte de material vegetal infectado: OQDS fue identificada por primera vez en la región de Apulia, en el sureste de Italia, afectando a más 20.000 has de olivos afectadas por *Xylella fastidiosa* ssp. *pauca* (Saponari y col., 2013).

Desde el verano de 2014 se ha producido una dispersión espacial de la bacteria en distintos países de la UE y se han identificado nuevos hospedantes, redefiniéndose sucesivas Zonas Demarcadas (ZD). Las ZD son áreas establecidas por la administración acorde a una distancia de seguridad respecto a los focos detectados, en la que se adoptan medidas de erradicación y/o contención. Se han identificado hasta el momento tres especies de insectos considerados vectores de la bacteria: *Philaenus spumarius*, *Neophilaenus campestris* y *Philaenus italosignus*.

Hasta la actualidad, se han descrito por la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA, 2015) más de 359 especies de plantas que pueden ser infectadas por Xf en condiciones

naturales o experimentales, pertenecientes a 204 géneros y 75 familias botánicas. Xf podría afectar a otras especies no descritas, dificultando su impacto real por la latencia de su patología en reservorios aún desconocidos. El patógeno podría estar presente en otras zonas geográficas no consideradas como riesgo potencial, debido a que los síntomas hayan pasado desapercibidos o confundidos con otros similares que producen tantos factores bióticos como abióticos (Janse y Obradovic, 2010).

La situación en España

El Ministerio de Agricultura, Pesca, Alimentación y Medio Ambiente (MAPAMA, 2019), siguiendo las directrices de la UE (Directiva 2000/29/CE; Decisión UE 2015/789), ha elaborado un Plan de Contingencia basado en la prospección y toma de muestras de plantas potencialmente huéspedes y obliga a delimitar una ZD en caso de confirmación de la presencia de Xf. El primer caso declarado en el estado español se produjo en la Comunidad

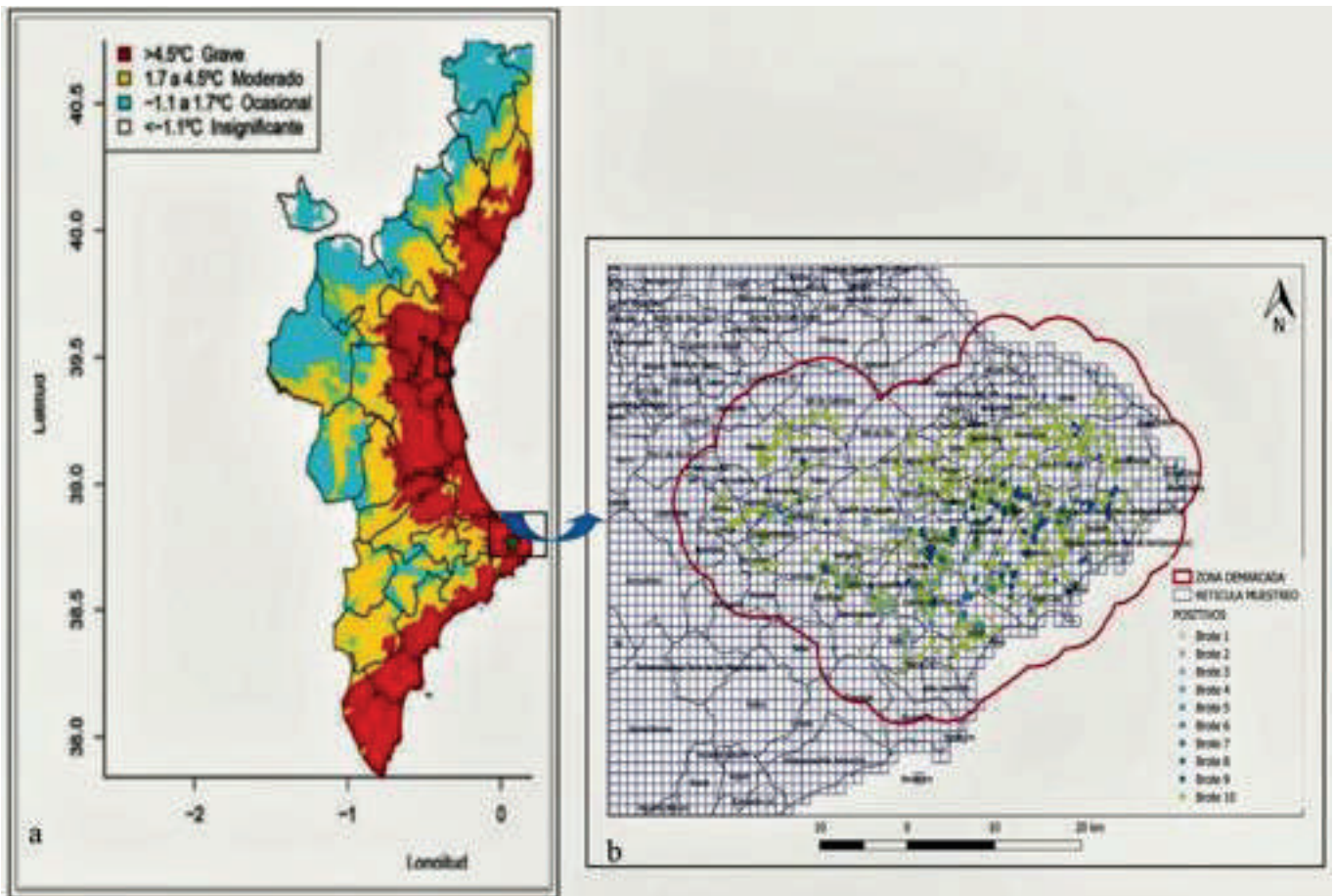


Figura 1. (a) Mapa de riesgo de Xf en función de la temperatura mínima (Periodo 1971-2001) de la Comunidad Valenciana según criterio de temperatura mínima de Purcell (Dirección general de agricultura y pesca, 2018). (b) Malla de muestreo y brotes positivos (elaboración propia).

Balear en 2015, en Mallorca (Conselleria de Medi Ambient, 2017). En la actualidad, las islas de Ibiza y Menorca también están afectadas y coexisten tres subespecies de la bacteria, y diferentes *Sequence Type* (ST) o cepas: *Xylella fastidiosa* ssp. *fastidiosa* ST1, *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex*, ST81 y ST7 y *Xylella fastidiosa* ssp. *pauca*, ST80, afectando a olivos, almendros y otros frutales de hueso, dependiendo de la cepa. La presencia de la bacteria en las Islas Baleares es consecuencia de diferentes introducciones, y está ampliamente distribuida, (Conselleria de Medi Ambient, 2017).

En junio del 2017 se produce el primer foco en la península ibérica en Alicante (Comunidad Valenciana), siendo el origen de los brotes detectados desconocidos (Generalitat Valenciana, Consejería de Agricultura, Medio Ambiente, 2017). Se trata de una única introducción (Figura 1.b) (Consejería de Agricultura, Medio Ambiente, Cambio Climático y Desarrollo Rural, 2017). En la ZD, sólo se ha detectado *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* ST6. Se han muestreado más de 18.000 vegetales; 14.000 de ellos se encuentran en la ZD, siendo positivos 1.328 árboles. También se han recogido más de 2.800 muestras de insectos vectores, con un 6% positivos en la bacteria.

En la Comunidad Valenciana, el Plan de Contingencia ha establecido los muestreos tanto de material vegetal como de artrópodos vectores, tomando como referencia el mapa de riesgo potencial de Xf según los criterios de temperatura media mínima de Purcell (Figura 1.a) y la implementación de una malla de muestreo de 1 km², (Figura 1.b).

Estado de la cuestión

La distribución espacial potencial de una especie requiere la implementación de Modelos de Nicho Ecológico o *Ecological Niche Models* (ENM), que relacionan la distribución geográfica de una especie con las variables biogeográficas óptimas (Peterson y col., 2012). Estos modelos establecen los factores ecológicos que determinan los patrones espaciales de la dispersión de un determinado organismo (Guissan y Thruller, 2005; Wisz y col., 2008).

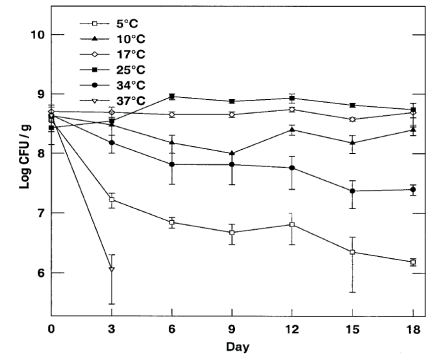
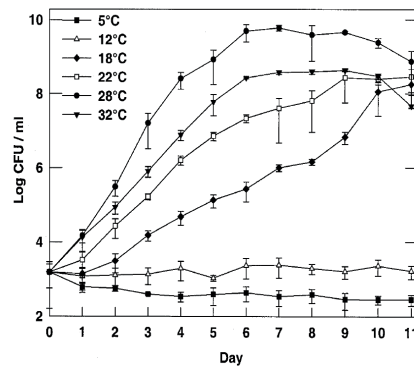


Figura 2. Crecimiento y supervivencia de Xf en CFU (Unidad Formadora de Colonias) en medio de cultivo durante 11 y 18 días (fuente: Feil y Purcell, 2001).

Para evaluar el rendimiento del modelo, es necesario disponer de datos fiables con los que poder comparar los pronósticos del modelo, denominados datos de prueba o de evaluación, y distinguirlos de los datos de entrenamiento o calibración que se han empleado en su desarrollo. Idealmente, los datos de prueba deberían obtenerse por separado de los datos de entrenamiento del modelo (Phillips y col., 2008).

La distribución espacial de especies fitopatógenas (hongos, virus y bacterias) y los parámetros bioclimáticos óptimos que facilitan su dispersión, no habían sido abordados por estos modelos hasta esta última década (Fabre y col., 2010; Aguayo y col., 2014), ya que el problema de la epidemiología vegetal no había tenido tanto seguimiento como la distribución de las especies artrópodos y vegetales que las padecen. Feil y Purcell (2001) estudiaron las condiciones bioclimáticas óptimas de crecimiento de Xf, concluyendo que están adaptadas a inviernos suaves o moderados. El crecimiento *in vitro* de *Xylella fastidiosa* ssp. *fastidiosa* es óptimo a 28°C y decrece a 32°C, 22°C y 18°C, respectivamente, no observándose crecimiento *in vitro* a 12°C (Figura 2).

En plantas de vid infectadas, se ha determinado que los límites de temperatura máxima para que se produzca multiplicación de la bacteria están comprendidos entre los 17°C y 25°C y que sus poblaciones decrecen o cesan cuando las temperaturas están por debajo de 5°C. Por tanto, temperaturas entre 25°C y 32°C son críticas para el desarrollo de la enfermedad de Pierce de la vid. Las temperaturas por debajo de 12°C, o superiores a

34°C, comprometen su supervivencia *in planta* (Feil y Purcell, 2001). La capacidad de supervivencia del patógeno a las temperaturas invernales puede variar con la estirpe (subespecie/ST) y la variedad de la planta huésped que infecta (Krugner y Ledbetter, 2016).

Se ha profundizado en este estudio sobre la influencia de las altas temperaturas en la incidencia de enfermedades causadas por Xf en la península ibérica. Estudios realizados al respecto en Estados Unidos indican que los síntomas aparecen antes y son más severos en regiones con veranos cálidos y temperaturas invernales moderadas (Winkler, 1949). Para inferir zonas con condiciones climáticas favorables para la bacteria, se han utilizado diversas aproximaciones, pero estas se han realizado fundamentalmente en Estados Unidos y para *Xylella fastidiosa* ssp. *fastidiosa*, que causa la EP en vid (Feil y Purcell, 2001).

Anas (Anas y col., 2008), introduciendo las isoterms de las temperaturas mínimas invernales, propuso para esta enfermedad los siguientes niveles de severidad y rangos térmicos (temperaturas mínimas invernales), impacto severo (>4,5°C), moderado (1,7°C a 4,5°C), ocasional (1,7°C a -1,1°C) o raro (< -1,1°C).

Hoddle (2004) utilizó el modelo CLIMEX (Sutherst y Maywald, 2007) para la elaboración de mapas de distribución potencial de la enfermedad de Pierce y su vector en California (*Homalodisca vitripennis*), basándose en datos de Feil y Purcell (2001), concluyendo que regiones con clima tropical, semitropical, templado y mediterráneo moderado son adecuadas para la ocurrencia de ambos organismos.

Bosso y col. (2016) realizan un es-

tudio de la distribución potencial de *Xylella* en Apulia (Italia), con MaxEnt sobre los primeros brotes confirmados que se producen en Europa, en donde se pretende establecer las variables eco-geográficas que favorecen la introducción y expansión de la enfermedad en la región y la potencialidad del riesgo en el resto de Italia. La subespecie es *Xylella fastidiosa* ssp. *pauca*, diferente a la manifestada en Alicante (*Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex*). En el caso italiano, el cultivo afectado es el olivo en seco, mientras que los cultivos de almendro y frutales de hueso, también en seco, son los más afectados en España. La humedad y las lluvias en meses secos parecen tener una alta ponderación (por encima del 30% del total de variables) en la probabilidad de presencia de la bacteria.

Godefroid y col. (2018) establecen diferencias de la dispersión fuera del entorno de origen de tres subespecies de Xf (*multiplex*, *fastidiosa* y *pauca*) y de sus diferentes cepas o *Sequence Type* (ST). *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* parece tener su hábitat en Norte América, mientras que las otras dos son más afines al centro y sur de América. *Xylella fastidiosa* ssp. *pauca* ST53 ha infectado a los olivos italianos procedente de plantas de café desde Costa Rica, mientras que *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* ST6 y ST7 han sido introducidas en el suroeste de Francia con afinidad sobre frutales de hueso del género *Prunus* sp., como el caso del almendro dulce (*Prunus dulcis*) de Alicante.

Oliver (Gutiérrez Hernández y García, 2018), sobre la distribución de Xf en la península ibérica, utilizan datos de presencia de focos en las Islas Baleares con MaxEnt, a una resolución espacial de 1 km². El modelo trabaja con los positivos de Xf, sin distinguir entre subespecies y cepas, y no introduce el estudio de los vectores. Las variables medioambientales que más favorecen la expansión de la bacteria, según el estudio, son las temperaturas medias de las mínimas, que actúan como una barrera por debajo de la cual no hay presencia de la enfermedad.

El vector principal de Xf es *Philaenus spumarius* (Linnaeus) (Hemiptera: Aphrophoridae), insecto polífago ampliamente distribuido a nivel mundial (Drosopoulos y Remane, 2000), y medio de inocula-

ción muy efectivo de Xf (Martelli, 2016). El ciclo biológico es de metamorfosis sencilla formado por las fases de huevo, ninfa y adulto, dando lugar a una generación al año (Univoltina).

Pasa el invierno en forma de huevo, aunque se ha observado que el adulto puede sobrevivir en esta época cuando las temperaturas son suaves (Saponari y col., 2014). Tras aproximadamente cien días de diapausa, las eclosiones de los huevos se producen al principio de la primavera (Stewart y Lees, 1988) e inmediatamente después, las ninfas se desplazan hacia los primeros brotes vegetales en busca de alimento y protección, completando su desarrollo en 5-8 semanas tras pasar por cinco estadios, durante los cuales se encuentran cubiertas por una espuma mucilaginosa que les protege y les da nombre.

Los huevos de *Philaenus spumarius* necesitan una humedad relativa superior al 80% para poder eclosionar (Weaver y King, 1954). Esta dependencia de las condiciones climáticas limita su área de dispersión a zonas templadas con elevada humedad y temperaturas superiores a 5°C e inferiores a 30°C (Bosco y col., 2018).

Las investigaciones de Cornara en Italia considera a *Philaenus spumarius* el único vector potencial en Europa (Bosco y col., 2018); sin embargo, cualquier *Cicadomporpha* que se alimente de xilema podría teóricamente actuar como vector de la bacteria (Purcell, 1989). Este podría ser el caso de las cigarras (Hemiptera: Cicadidae), muy comunes en cultivos como el olivo y descritas como vectores poco eficientes de la bacteria en América (Paião y col., 2002; Krell y col., 2007).

Una vez adquieren la bacteria, los insectos vectores adultos pueden transmitirla durante todo su período de vida (Almeida y col., 2015). Las ninfas pueden ser también portadoras de la bacteria, pero la pierden posteriormente durante la muda. Estudios realizados con varias especies de homótopos indican que su radio de vuelo es de aproximadamente 100 metros (Blackmer y col., 2004; Coviella y col., 2006). Los insectos vectores pueden dispersarse a largas distancias por las corrientes de viento o en los vehículos utilizados en las labores propias de la gestión de los cultivos, por lo que, desde un punto de vista espacial, pue-

de estar relacionado con la evolución de los distintos brotes a la cercanía de estos a las vías de comunicación dentro de la ZD¹.

Como en la mayoría de las enfermedades vegetales, la densidad y conectividad de las plantas hospedantes en una zona determina enormemente la velocidad de dispersión. En general, una alta densidad de plantas hospedantes favorece la dispersión, sobre todo en lo que respecta a la transmisión entre plantas contiguas (Plantegeest y col., 2007).

Hipótesis y objetivos

La hipótesis de trabajo se basa en la existencia de un patrón espacial y estacional en la dispersión del patógeno-vector (Landa y col., 2017). El análisis de los riesgos fitopatológicos de este patógeno sobre especies agroforestales debe descifrar los patrones intra e interespecíficos abióticos y bióticos que intervienen en su capacidad de transmisión y dispersión espacial y temporal, con objeto de optimizar la toma de decisiones sobre su erradicación y/o contención.

Los objetivos específicos del trabajo son:

- Estimar el riesgo potencial del patosistema, mediante el Modelo Ecológico de Nicho MaxEnt, en alta resolución espacial, para implementar mapas de muestreo precisos y optimizar el seguimiento de la enfermedad en la Comunidad de Valencia (Alicante). Área A1.
- Validación interna y externa del modelo MaxEnt, en el área A1. Evaluación de curvas ROC y AUC del modelo y estudio de errores de omisión y comisión, mediante la correlación espacial del riesgo potencial obtenido con datos de entrenamiento de presencias y ausencias, con el riesgo potencial asociado a datos de prueba.
- Estimar Zona de Riesgo Potencial en alta resolución espacial para la implementación en mapas de muestreo en la zona potencial de expansión hacia la Comunidad de Andalucía. Área A2.
- Caracterizar los patrones de distribución espacial de la incidencia de

¹ <https://geographyca.us.es>

dosier

| *Xylella fastidiosa* |

Xylella fastidiosa ssp. *multiplex* ST6 y el vector asociado *Philaenus spumarius* en las áreas de estudio A1 y A2, identificando las variables ambientales que las favorecen mediante un Modelo Ecológico de Nicho (MaxEnt). Generar modelos matemáticos y cartográficos de distribución potencial basados en registros de presencia-ausencia localizados en la Comunidad Valenciana, tanto de la zona demarcada y limítrofe, como de áreas más extensas fuera de ella.

Materiales, datos y métodos

Fuentes

Factores abióticos. Factores bioclimáticos y topográficos. Las variables bioclimáticas se han obtenido del repositorio WorldClim² (Hijmans y col., 2005). Las variables climáticas definidas por Busby (1991) se derivan de la Temperatura y Precipitación. La variable topográfica proviene del Modelo Digital de Elevaciones del PNOA (MDT5).

Factores bióticos, muestras de Xf y vectores artrópodos. Los datos de presencia y ausencia de Xf detectada en la Comunidad Valenciana, en la provincia de Alicante, han sido proporcionados por la Consejería de Agricultura, Medio Ambiente, Cambio Climático y Desarrollo Rural Dirección General de Agricultura, Ganadería y Pesca Subdirección General de Agricultura y Ganadería Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana.

El total de muestras positivas (presencias) de Xf son 414 para la modelización como datos de entrenamiento y 914 como datos prueba del modelo. Como muestras de no presencia se obtienen unos 1.000 puntos para vegetales. Los datos de presencia y ausencia del vector *Philaenus spumarius* proceden de los muestreos realizados por la misma Consejería en 2018, con un total de 1.547 muestras, con un 6% de insectos positivos en *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex*. Se han obtenido dos bases de datos con las ubicaciones de artrópodos vectores muestrea-

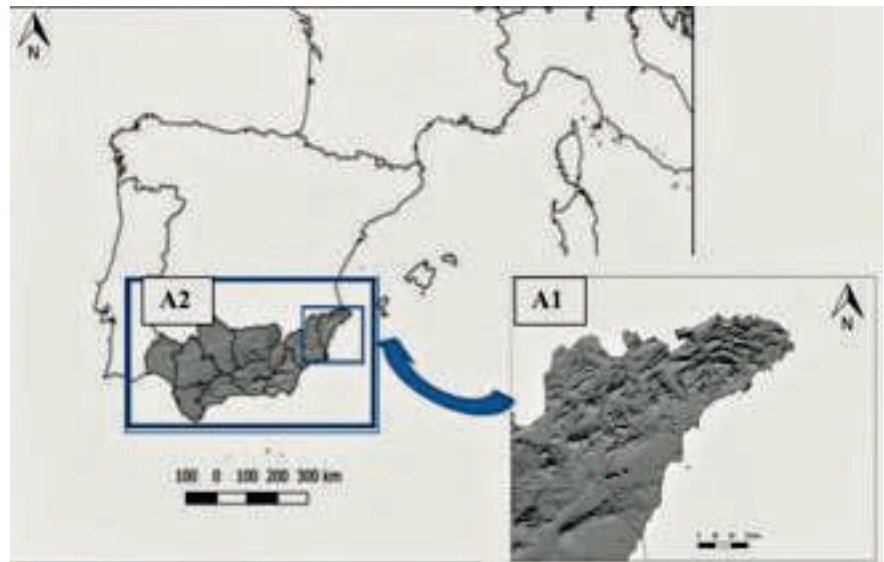


Figura 3. Áreas de estudio A1 y A2 (elaboración propia).



Figura 4. Esquema metodología del estudio de validación del modelo (elaboración propia).

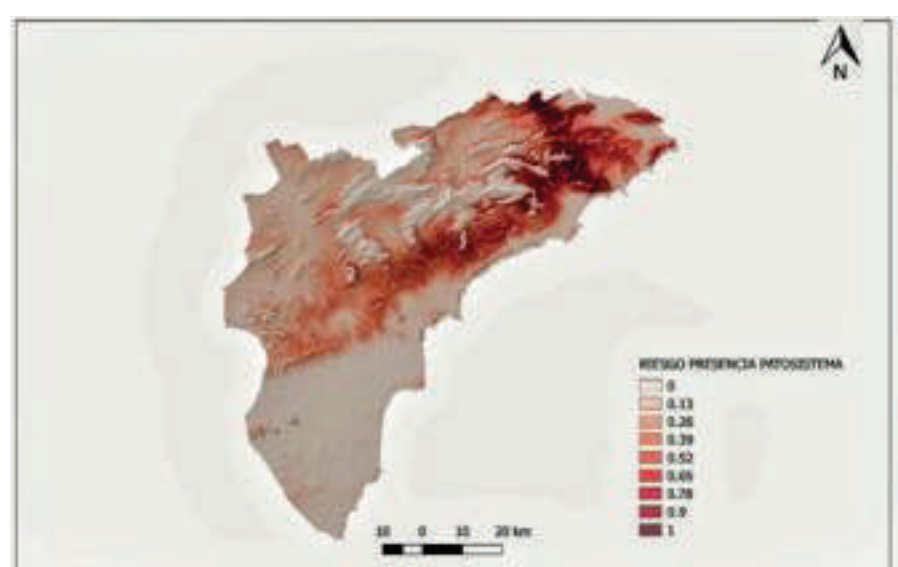


Figura 5. Mapa probabilidad presencia del patosistema en área A1 (elaboración propia).

² www.worldclim.org
³ <https://geographyca.us.es>

dos y se han georreferenciado e implementado en el servidor web³ siguiendo los mismos estándares que los empleados para la bacteria.

Técnicas de análisis. Esquema metodológico. Para la modelización, se han introducido los positivos correspondientes a los nueve primeros brotes, con un total de 414 puntos (Datos de entrenamiento). Con respecto a la probabilidad de presencia del vector, se ha realizado una modelización independiente de la bacteria, empleando MaxEnt, implementando los más de 1.500 puntos disponibles. Este modelo se ha correlacionado con el modelo de la distribución de la probabilidad de presencia de la bacteria mediante un análisis multivariable de ambos ráster en Qgis, con una correlación del 95% de ambas probabilidades, y se ha obtenido un único mapa de riesgos del patosistema que es el resultado de fusionar ambas probabilidades.

La aparición en marzo de 2019 de un décimo brote ha permitido realizar una validación externa a la realizada por MaxEnt, con puntos no introducidos en la elaboración del modelo. Se ha extraído la variable probabilidad al modelo, de todos los puntos muestreados como positivos, tanto de los datos de entrenamiento, con 414 muestras, como de los datos de prueba, con 914 muestras, y se han elaborado sus respectivos histogramas de frecuencias con el software R-Commander 3.5.3, para comprobar la coherencia de ambos conjuntos de datos (Ajuste y Prueba). Se ha realizado un estudio de los errores de omisión con los datos de presencia y un estudio de error de comisión con los muestreos con no presencia.

Descripción y análisis de resultados

Resultado cartográfico de la probabilidad de riesgo del patosistema en área A1 (Figura 5).

Resultado cartográfico de la probabilidad de riesgo del patosistema en área A2 (Figura 6).

Los resultados proporcionan una cartografía en formato ráster con valores que oscilan entre 0 y 1 (0 como nula probabilidad de presencia de la especie en cuestión y 1 como 100% de probabilidad de presencia).

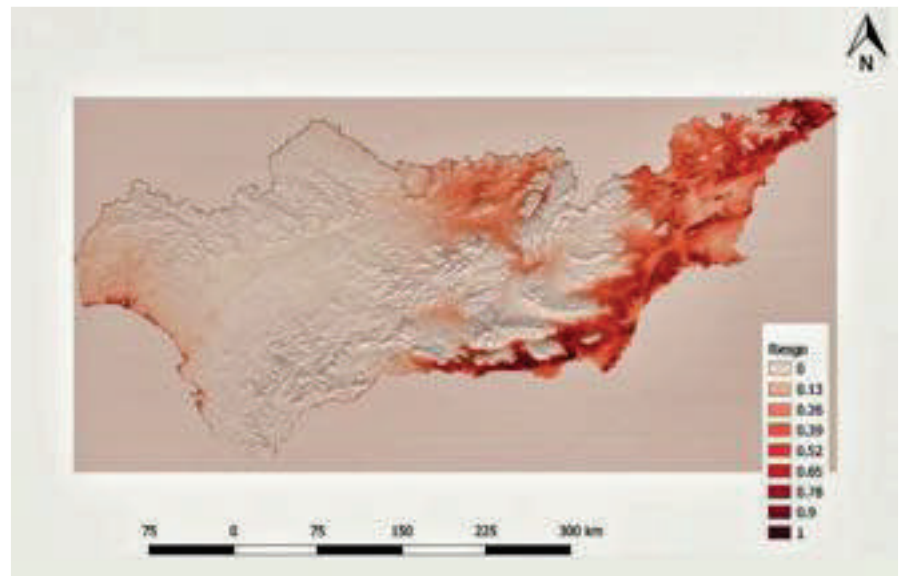


Figura 6. Mapa probabilidad presencia del patosistema en área A2 (elaboración propia).

El estudio estadístico de las muestras. Validación externa. (Área A1)

En el caso de la validación con los datos de prueba, se ha obtenido una validación ajustada al modelo, con el 80% de los datos de prueba con riesgos de probabilidad asignados como altos (Riesgo > 70%). El error de omisión es del 20% para esta ventana, siendo aún menor del 10% si tomamos valores de probabilidad de una ventana menor (Riesgo >60%), semejante al calculado por el propio modelo en la validación interna en sus curvas AUC (<10%) y omisión ajustada.

El estudio ha reflejado que hay un error de comisión de aproximadamente un 10% (falsos positivos); los datos de prueba utilizados han sido los muestreos negativos y categorizados como no presencia. Estos falsos positivos están en zonas clasificadas con más de un 80% de riesgo de probabilidad de albergar la bacteria, mientras que el resto de los datos (90%) son verdaderos negativos al ocupar celdas categorizadas como de baja o nula probabilidad (Riesgo <20%).

Modelización matemática

Modelo matemático. Validado el modelo, se ha establecido una fórmula matemática de la predicción de MaxEnt y se han obtenido los valores correspondientes a cada variable ambiental implementada y su correspondiente valor de la probabilidad para los primeros nueve brotes en un sistema de información geográfica de

código libre Qgis, obteniendo una tabla de atributos con los valores correspondientes de probabilidad y de cada variable para cada punto.

La tabla se ha sometido al estadístico de R-Commander 3.5.3 mediante el ajuste a tres modelos de regresión múltiple (lineal, potencial y exponencial). Se ha estimado la regresión potencial como la más apropiada por el coeficiente de correlación alcanzado (R=0.85).

Fórmula Obtenida:

$$\ln(\text{Probabilidad}) = -21.60 + 0.95 \ln \text{MDT} + 3.77 \ln \text{PREC} + 13.52 \ln \text{TMIN} - 12.49 \ln \text{TMAX}$$

La transformación logarítmica aplicada a esta regresión introduce un sesgo (subestimación) en los cálculos (Baskerville, 1972). Para la eliminación de este sesgo, el resultado final debe ser multiplicado por un factor de corrección (FC), calculado a partir del error estándar de la estimación (Residual Standard Error en R-commander) (SEE) (Tabla 1). Este valor del coeficiente de corrección para un modelo potencial es calculado según la siguiente expresión (Wood, 1986).

$$\text{CF} = e^{\beta} \\ \beta = \text{SSE}^2 / 2$$

$$\text{Probabilidad} = \text{EXP}(-21.60) * \text{MDT}^{0.95} * \text{PREC}^{3.77} * \text{TMIN}^{13.52} * \text{TMAX}^{-12.49} * \text{CF}(1.16)$$

La validación del modelo matemático en su capacidad predictiva se ha llevado a cabo al introducir los puntos de prueba (914 positivos), extraer sus correspondientes valores de probabilidad y variables ambientales de la modelización cartográfica. Se ha realizado un estudio estadístico de regresión, correlacionando los valores de probabilidad de presencia del patosistema y la probabilidad de presencia obtenida por la fórmula matemática, en función de las cuatro variables ambientales extraídas (Figura 7), obteniéndose un coeficiente de correlación de 0,82, muy aceptable en la predicción del patosistema.

Validado el modelo MaxEnt y a partir del análisis de riesgos del sistema *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* ST6 y vector *Philaneus spumarius*, se estima que bajo las condiciones medioambientales propuestas y los datos de presencia de los brotes actualizados de la misma subespecie y ST, y de vectores positivos, se considera como muy probable (Riesgo >80%) la presencia de la bacteria y del vector en aquellas áreas en las que confluyan los siguientes parámetros:

Área 1

Error por comisión y omisión muy bajo, según los criterios del manual técnico del software (Martínez, 2014). Testaje externo: 914 puntos. Error de omisión: <20%. Error de comisión: <10%.

Alturas y orientaciones (MDT). El óptimo altitudinal para *Xylella fastidiosa* ssp. *multiplex* ST6 se encuentra en el rango de los 200-600 metros; a partir de ella disminuye la probabilidad hasta los 1.000 m de altitud. Las orientaciones observadas según los estudios cartográficos manifiestan una predisposición a las laderas suroeste, sur y suroeste. El óptimo del insecto vector (*Philaenus spumarius*) se hace ascender hasta los 700 metros, disminuyendo la probabilidad de presencia hacia los 1.200 m. Las orientaciones de los sistemas montañosos son homólogos al de la bacteria.

La altitud es un factor limitante para el emplazamiento de la bacteria y para el insecto vector; las altitudes máximas de los sistemas están en los 1400 m.

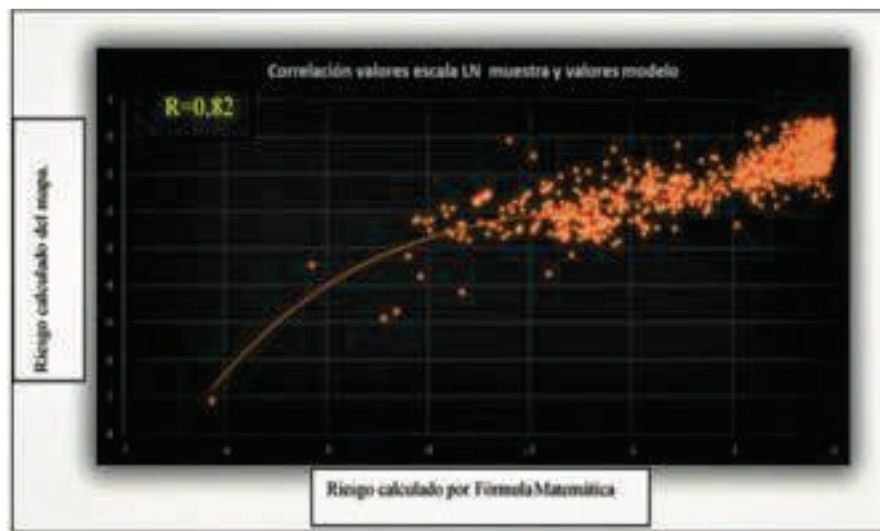


Figura 7. Diagrama de regresión de variable probabilidad de presencia de los datos prueba, calculada por el modelo matemático y valor del modelo MaxEnt (elaboración propia).

Precipitación total anual (PREC).

Existe un óptimo de lluvia acumulada entre los 300 y 450 mm/año. En este sentido hay que tener presente que el rango superior está limitado por la propia precipitación media del área de estudio que no supera esta cantidad, por lo que técnicamente es imposible estimar probabilidad de presencia del patosistema en precipitaciones fuera de rango. El insecto presenta parámetros similares. La precipitación es la variable con el segundo peso a la hora de realizar la probabilidad de distribución. Las zonas más sensibles corresponden a usos del suelo de cultivos frutales de secano, por lo que el factor hídrico es limitante tanto para la especie vegetal como para el sistema patógeno-vector. La humedad relativa juega un papel importante para las etapas de huevo y ninfas del vector, por lo que es un factor limitante en épocas estivales, por lo que el aporte de humedad está relacionado con las precipitaciones estivales y vientos dominantes saturados procedentes del mar.

Temperatura media de las máximas (TMAX).

No existían suficientes datos al respecto en la bibliografía sobre la influencia de las temperaturas máximas en la introducción y establecimiento de la bacteria y del insecto. Por lo que respecta al estudio, existe un óptimo entre los 5°C y los 20°C de media, produciéndose un descenso acusado a partir de los 25°C, ratificando así lo propuesto por Purcell en

condiciones de laboratorio y teniendo en cuenta que se tratan de temperaturas máximas absolutas (Feil y Purcell, 2001). El insecto también presenta parámetros similares, ajustándose bastante bien a las temperaturas inferiores a 5°C o superiores a 30°C que afectan negativamente a su supervivencia tal y como observa Saponari (Saponari y col., 2014). Coincide con el momento de máximo desarrollo de las ninfas, más sensibles a las oscilaciones térmicas que los adultos. Las zonas de valle y desérticas con temperaturas máximas por encima de este máximo son también limitantes.

Temperatura media de las mínimas (TMIN).

Primera variable ponderada en el modelo, adecuándose a lo observado por Purcell sobre la influencia de la temperatura mínima en la aparición de Xf, se ha comprobado que temperaturas medias mínimas por debajo de 5°C afectan negativamente a la probabilidad de establecimiento de la bacteria, subiendo gradualmente la probabilidad de su ocurrencia a partir de los 6°C. *Philaenus spumarius* presenta también un mínimo por debajo de los 5°C de media, aumentando su probabilidad por encima de los 8°C. Los datos indican que la mayoría de las muestras se han realizado durante los meses de abril y mayo en el estadio de ninfa, previo al paso de los cultivos afectados ya en estadio adulto. La temperatura mínima está estrechamente relacionada con la altitud, por lo que puede ser una covariable

de esta para explicar la dispersión del sistema patógeno-vector.

Área 2

Esta área no tiene testaje externo ya que solo es una proyección de la potencialidad del riesgo de presencia del patosistema y no se ha constatado presencia de enfermedad (salvo un caso en invernadero en El Ejido, Almería en cultivo bajo plástico⁴) y que está perfectamente ubicado en las áreas de máxima probabilidad de riesgo.

Valores de ajuste para ambas especies considerado como excelente, error por omisión casi nulo según los criterios del manual técnico del software (Martínez, 2014). El análisis del modelo muestra unos parámetros ambientales similares a los del área de origen (A1). Se ha de tener presente que los rangos que excedan los valores originales han de ser tomados con precaución al ser un área mayor en extensión y con una mayor amplitud de los valores de las variables biogeográficas estudiadas. Por ello el modelo no ha realizado extrapolación alguna.

Régimen Agroclimático (Papadakis, 1952). Ambas áreas se clasifican como Régimen térmico mediterráneo marítimo y subtropical. El régimen térmico:

- Subtropical semicálido (Su).
- Subtropical cálido (SU).
- Marítimo cálido (Ma).

Índice de Evapotranspiración: 850.

Discusión y valoración

El grado de certidumbre de los modelos de nicho ecológico depende de múltiples factores como la naturaleza, complejidad y exactitud de los modelos usados, la calidad de las capas de datos ambientales disponibles, y de los datos de la distribución de la especie y de la influencia de otros factores de nicho como barreras o perturbaciones para la dispersión, la existencia de otras especies que interactúan con la especie objeto en su biocenosis y que pueden impedir la ocupación actual de los hábitats potenciales identificados por el modelo, si no se tienen presentes en el estudio (Guissan y Thruller, 2005).

Esta cuestión se ha hecho patente en el caso que nos ocupa al ser la enfer-

/ El estudio de la distribución potencial de la bacteria presente en un territorio se debe basar en la determinación de la subespecie y ST o cepa /

medad una combinación de al menos dos especies conformando un sistema patógeno-vector. El estudio de este último, si cabe, tiene una vital importancia como se ha manifestado por su alta correlación de su presencia con la de la bacteria en la modelización, por encima del 94% al ser el principal transmisor de la bacteria a cortas y medias distancias y por su movilidad.

El estudio de la distribución potencial de la bacteria presente en un territorio se debe basar en la determinación de la subespecie y ST o cepa. Los estudios derivados hasta la fecha sostienen que la pretendida introducción del fitopatógeno en la península no puede achacarse a las poblaciones de la bacteria causantes de la enfermedad en las especies vegetales de las Islas Baleares, al tratarse de subespecies y ST distintas (Landa y col., 2017). Por tanto, los estudios realizados en distribuciones espaciales en los que se han utilizado muestreos no contrastados y sin tener presente la discriminación previa entre las distintas subespecies y ST, deberían ser estudiados y analizados con precaución (Gutiérrez Hernández y García, 2018; Gutiérrez Hernández y García, 2019).

Para realizar estudios más rigurosos, es necesario alcanzar un mayor grado de especificidad y, sobre todo, una mayor resolución espacial que permita una aproximación más ajustada a la gestión y manejo de fitopatógenos en ecosistemas agroforestales, alcanzando resoluciones espaciales de 30 x 30 m² (Bosso y col., 2016).

Algunos autores recomiendan trabajar con el más amplio conjunto de datos disponibles sobre la especie invasora, tanto en el rango nativo de su distribución como en el área donde aparece como organismo invasor (Jiménez-Valverde y col., 2011). El problema es que no siempre están disponibles esos datos y en muchos casos las administraciones públicas no facilitan el acceso a los mismos, lo que dificulta el desarrollo de trabajo, como ha ocurrido con los datos de las Islas Baleares.

El modelo de distribución MaxEnt parece ser un software fiable para el estudio en cuestión por las cuestiones técnicas que requiere y por los resultados obtenidos. Existen grandes diferencias entre los distintos algoritmos en cuanto al coste computacional ya que es junto a Bioclim y Domain, uno de los más rápidos de ejecución, (Benito de Pando y Peñas de Giles, 2007).

El modelo dispone de un estadístico robusto, al presentar el área debajo de curva (AUC) que mide la capacidad discriminante y otorgar una validez razonable al estudio, siendo sensible al tamaño y configuración del área (Elith y col., 2011), cuestión esta que se ha verificado al realizar la modelización para dos áreas de tamaño distinto, pero bajo los mismos parámetros y puntos de presencia, y la comprobación del error de comisión y omisión de manera externa al modelo. Esta validación externa ha sido una de las aportaciones más relevantes, ya que no se había realizado hasta el presente trabajo.

Aunque el modelo no trabaja con datos de 'no presencia' de la especie, ya que mide el potencial biotopo acorde a unas condiciones medioambientales predefinidas y aceptando el error por comisión, se ha creído conveniente para validar el modelo introducir estas no presencias como los negativos del muestreo sólo en la especie vegetal afectada por cantidad y extensión (*Prunus dulcis* sp.). Es habitual que en los muestreos de especies exóticas o amenazadas no se registren las ausencias, pero en este caso y dado la importancia de la enfermedad, las intensidades de los muestreos han

⁴ <https://geographyca.us.es/XYLELLAANDALUCIA/index.html>

permitido obtener estos datos y emplear técnicas más precisas, ya que en general los resultados apuntan a los métodos de presencia-ausencia como los de mayor precisión, por lo que se ha propuesto una metodología de modelización que tiene en cuenta estas ausencias para su validación. (Elith y col., 2011; Phillips y col., 2006).

Conclusiones

Se ha comprobado el grado de validez del modelo con el estudio del error por comisión y omisión que facilita el propio modelo mediante las curvas ROC y el estadístico AUC, con ajuste excelentes por encima del 90% de verdaderos positivos predichos. También se ha realizado una validación externa del error de omisión al introducir la presencia de los muestreos del último brote como datos de prueba (914 puntos). Este error se ha estimado en menor del 20%. El error de comisión se ha estimado en menos del 10% al comprobar que más del 90% de las muestras negativas de almendro de la ZD han sido correctamente identificadas por MaxEnt como baja probabilidad de riesgo (verdaderos negativos).

La correlación del modelo matemático y la predicción cartográfica de MaxEnt ha presentado un buen ajuste ($R > 80\%$). Se han introducido para ambos casos los 914 puntos de validación, asignando valores del mapa de riesgo calculado de Xf y el riesgo potencial calculado por la ecuación matemática mediante el ajuste a un modelo de regresión lineal múltiple potencial de las variables biogeográficas correspondientes para esos puntos.

Las variables ambientales seleccionadas han permitido delimitar bajo criterios del régimen agroclimático de Papadakis un clima de régimen térmico mediterráneo marítimo y subtropical, climas mediterráneos costeros y del interior, pero de cierta altitud, que suavicen las temperaturas extremas del mes cálido. Siguiendo criterios biogeográficos estudiados, las zonas de alta montaña que superen los 1.000 metros de altitud en orientaciones norte y de alturas por encima de 1.500 metros en orientaciones sureste, suroeste pueden tener las condiciones desfavorables para su introducción y, por lo tanto, actuar como barreras biogeográficas a la dispersión del patosistema.

/ Se ha comprobado cómo la malla de muestreo propuesta por la Administración, al carecer de estudios de riesgo como el propuesto, puede estar cometiendo errores de omisión graves /

La ponderación que establece MaxEnt para las variables estudiadas otorga a la precipitación con lluvia acumulada en torno a los 500-600 mm/año, el mayor peso en la probabilidad de presencia en el área A2, aun cuando hay que tener presente el rango de esta variable utilizada en la modelización del área A1, menor al del área A2. En el área A1 la variable de la temperatura media mínima tiene un mayor peso en el algoritmo, tanto esta como la temperatura media máxima presentan una ponderación elevada en el área A2.

La temperatura media máxima ha sido si cabe más importante, ya que discrimina la presencia del patosistema en áreas geográficas con regímenes mediterráneos más extremos actuando como límites o perturbaciones en la probabilidad de presencia del patosistema. El límite inferior para el establecimiento del patosistema y siguiendo un criterio bioclimático, lo marcarían los climas mediterráneos infra y termomediterráneos (desierto almeriense y valle del Guadalquivir) y el límite superior lo marcarían climas supramediterráneos y de alta montaña, como ya se ha mencionado.

Se ha podido validar externamente, con los datos de prueba, la ponderación de cada variable biogeográfica implementada en el modelo y comprobar el ajuste de cada curva y los óptimos dentro de sus rangos.

La complejidad del patosistema requiere de estudios más precisos en cuanto a la resolución espacial y temporal, que permitan la optimización de áreas más propicias para realizar un mayor esfuerzo de muestreo de bacteria e insecto vector, mediante imágenes multi e hiperespectrales combinadas con datos LIDAR y dirigidas a las áreas clasificadas con alta probabilidad de presencia por modelos de nicho ecológico como MaxEnt. Se ha comprobado cómo la malla de muestreo propuesta por la Administración, al carecer de estudios de riesgo como el propuesto, puede estar cometiendo errores de omisión graves.

Objetivos posteriores se encaminarán a implementar técnicas y procedimiento que permitan alcanzar niveles de individualización de especies vegetales y su seguimiento fitopatológico mediante la correlación de las variables físicas con las ecológicas. También se pretende implementar un sistema de Información Geográfica mediante un servidor Geoserver (Centos 7) con toda la información y estudios recabados procedentes del visor ya en uso por el equipo de investigación⁵.

Abstract

The ecological model of niche MaxEnt will be validated in the potential distribution of *Xylella fastidiosa ssp multiplex* and the associated vector *Philaenus spumarius*, in the south of the main Iberian Peninsula. The correlation of the probability of the presence of the bacteria with respect to the vector insect is 94%, confirming the existence of a pathogen-vector system. The validation of the internal model of the MAXENT model itself has AUC coefficients above 90%, and the external validations of the omission and commission errors are adjusted, there have been 914 points of the last infection, which have allowed a mathematical modeling study that has confirmed a correlation of the prediction of the 80% model.

Bibliografía: Queda a disposición del lector interesado en el correo electrónico romeromg@us.es.

⁵ <https://geographyca.us.es/Xylella.html>