



Revista de Divulgación Técnica Agrícola y Agroindustrial

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS - UNCa



Revista Nº 78

ISSN: 1852 - 7086

Año: 2017

INCIDENCIA DE *Xylella fastidiosa* EN EL CULTIVO DE OLIVO. ESTADO ACTUAL EN ARGENTINA

LAJE, Facundo. Estación Experimental Agropecuaria (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Ruta provincial Nº 33 Km 4.5, Valle Viejo-Catamarca;

CARRASCO, Franca. Estación Experimental Agropecuaria (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Ruta provincial Nº 33 Km 4.5, Valle Viejo-Catamarca;

MATÍAS, Cesar: Estación Experimental Agropecuaria (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Ruta provincial Nº 33 Km 4.5, Valle Viejo-Catamarca;

GONZÁLEZ VERA, Carlos: Cátedra de Fitopatología; Facultad de Ciencias Agrarias - UNCa

Mail de referencia: laje.facundo@inta.gob.ar

El objetivo de esta revisión es proveer una visión general sobre características de la bacteria patógena, epidemiología de la enfermedad, medidas preventivas y de control recomendadas en el cultivo de olivo a nivel mundial, para luego describir el estado actual en Argentina. Esto último, en base a la información disponible publicada por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) y el Servicio Nacional de Seguridad Alimentaria (SENASA).

INTRODUCCIÓN

Xylella fastidiosa es la bacteria responsable de varias enfermedades con efectos graves en numerosas especies de interés agrícola: la clorosis variegada de los cítricos, la enfermedad de Pierce de la vid, el enanismo del duraznero, el escaldado del ciruelo, el quemado de hojas en otras leñosas y el enanismo de la alfalfa. Además, existen otras especies de árboles, arbustos, plantas ornamentales y silvestres que pueden hospedar la bacteria sin mostrar síntomas, sirviendo de fuente de inóculo para la infección de otros cultivos. Se trata de una bacteria endémica para el continente americano por lo que su área de distribución abarca un amplio rango de latitudes, desde Canadá hasta Argentina, pasando por los Estados Unidos, México, Costa Rica, Venezuela, Brasil y Paraguay. Sin embargo, su distribución por el continente no es homogénea; en algunas zonas la bacteria tiene una amplia distribución lo que dificulta su erradicación mientras que en otras, la bacteria no posee capacidad de expandirse asociada quizás a restricciones ambientales (Contreras-Murillo *et al.*, 2017). Fuera del continente americano, la bacteria ha sido introducida en Taiwán, donde causa problemas principalmente en perales y vid. En octubre de 2013 se detectó por primera vez en Europa, en la Región de Apulia (sur de Italia) afectando al olivo, a pesar de que, este cultivo no había sido considerado entre sus principales hospedadores (EPPO, 2017). La identificación y detección de esta bacteria en Italia cambio rápidamente el interés. En el lapso de tan solo cuatro años, el estado de *X. fastidiosa* en varias regiones mediterráneas fue de ausente a establecido (Almeida, 2017). En otoño de 2016 en la isla de Mallorca, España, la bacteria se detectó por primera vez en la localidad de Manacor. Desde entonces, muestras positivas en diferentes especies hospedadoras han sido encontradas en diferentes focos en las Islas de Mallorca, Menorca e Ibiza (Olmo *et*

al., 2017). Desde el primer brote de *X. fastidiosa* en polígala (*Polygala myrtifolia*) en entornos naturales en 2015 en Francia, la enfermedad está presente en plantas hospederas ornamentales en Córcega y la Riviera francesa (Poliakoff *et al.*, 2017). En Argentina se trata de una bacteria cuarentenaria presente en cítrico, almendro y recientemente en olivo (SINAVIMO: 9238).

DESCRIPCIÓN DE LA BACTERIA

Biología

Pertenece a la familia *Xanthomonadaceae*, que presenta una gran diversidad de genotipo y fenotipo, lo que hace que en la mayoría de las plantas en las que se presenta no se manifiesten síntomas. Se trata de una bacteria Gram-negativa, aeróbica, y cuyo óptimo de crecimiento se sitúa entre los 26-28°C, posee “pili” (movilidad vertical en el xilema de la planta y adhesión mediante biopelículas) pero no flagelos. Se aloja en el xilema, y se multiplica dentro de los vasos llegando a taponarlos y a obstruir el flujo de savia bruta, lo que provoca síntomas que se corresponden con falta de agua o carencia de nutrientes (Olmo-García *et al.*, 2015). Su nombre genérico “*Xylella*” hace referencia a su localización en la madera o los tejidos vasculares de la planta (xilema), mientras que el epíteto de especie “fastidiosa” hace referencia a su crecimiento difícil o “fastidioso” en medio de cultivo en laboratorio (Olmo-García *et al.*, 2015, Landa *et al.*, 2017). Está presente en los trópicos, subtropicos y en general áreas con condiciones climáticas similares a las del clima Mediterráneo, por lo que tiene mayor prevalencia en zonas con inviernos suaves.

Genética

Xylella fastidiosa presenta cepas que pertenecen a subespecies y a tipos genéticos o en inglés “Sequence Type” (ST) diferentes. Este hecho es particularmente importante ya que está demostrada la existencia de alta recombinación homóloga que conlleva a nuevas subespecies, siendo capaces, en algunos casos, de infectar nuevos hospedantes (Olmo-García *et al.*, 2015). Cada subespecie y ST concreto poseen una determinada gama de especies vegetales a las que pueden infectar y provocar enfermedad, causando síntomas similares o diferentes (Landa *et al.*, 2017).

Tabla Nº 1: Clasificación de *Xylella fastidiosa* según subespecies determinadas. Detalle de hospedantes y distribución.

Subespecie	Hospedante	Distribución geográfica
<i>fastidiosa</i>	Vid, almendro, alfalfa, arce y café	EEUU, Canadá, Costa Rica y Venezuela.
<i>Multiplex</i>	Duraznero, olmo, ciruelo, plátano, almendro, árboles ornamentales y olivo	EEUU, Brasil
<i>Pauca</i>	Cítricos, café, olivo y almendro	Brasil, Argentina, Paraguay e Italia
<i>sandyi</i>	Laurel de jardín, jacarandá y magnolia	EEUU

En la actualidad, hay cuatro subespecies formalmente aceptadas: subsp. *fastidiosa*, subsp. *pauca*, subsp. *multiplex* y subsp. *sandyi* (Tabla Nº 1). Existen otras subespecies propuestas en base a los análisis del genoma: *tashke* (en *Chitalpa tashkentensis*) y *morus* (en *Morus* sp.) (Landa, 2015, Haelterman, 2017).

Diversas subespecies y/o “secuencias tipos” (ST) pueden ocasionar síntomas similares en la misma planta huésped como es el caso del olivo; algunas variantes como el caso de la subespecie *sandyi* ST5 sólo causa enfermedad en adelfa, mientras que otras como la subespecie *fastidiosa* ST1 causa enfermedad en alfalfa, vid, almendro y cerezo, entre otras (Landa *et al.*, 2017). Estudios de caracterización de subespecies y secuencias tipos de la bacteria afectando el cultivo de olivo en las Islas Baleares, España, revelan que se trata de *X. fastidiosa* subespecies *fastidiosa* ST1 y *multiplex* ST6 y ST7 en la isla de Mallorca, *X. fastidiosa* subsp. *multiplex* ST6 en la isla de Menorca y *X. fastidiosa* subsp. *pauca* ST80 en la isla de Ibiza. Las plantas de Polígala (*Polygala myrtifolia*) se encontraron infectadas por todas las subespecies y tipos de ST (Olmo *et al.*, 2017). En Italia, el foco de la enfermedad en el cultivo de olivo y en otras especies vegetales fue causado por la cepa CoDiRo (Complejo del desecamiento rápido del olivo), una variante atípica, surgida de la recombinación de *X. fastidiosa* subsp. *pauca* (ST53) (Olmos-García *et al.*, 2015, EPPO, 2017). Esta cepa es idéntica a la detectada en adelfas, mango y macadamia en Costa Rica, que no afecta a cítricos y café (hospedantes principales de la subsp. *pauca*). Recientemente, la evidencia genómica apoya la relación de las cepas CoDiRo con *X. fastidiosa* ST53 aislados de Costa Rica (Contreras-Murillo *et al.*, 2017).

EPIDEMIOLOGÍA DE LA ENFERMEDAD

Ciclo de la enfermedad

La bacteria pasa el invierno en las malezas dentro del cultivo, en la madera de árboles adyacentes a los cultivos o en los propios cultivos hospedantes. Estos lugares también sirven de refugio para los insectos vectores durante la estación invernal aunque se pueden desplazar a mayor distancia ayudados por el viento o durante el transporte de material vegetal a largas distancias. Al incrementarse la temperatura, los vectores se alimentan de plantas fuente e inician la dispersión de la bacteria. Todos los insectos que se alimentan del xilema son potenciales transmisores de la bacteria, pero por ahora solo se ha demostrado que *Philaenus spumarius* (de la familia de Aphrophoridae y presente en la cuenca del Mediterráneo) es capaz de transferir al patógeno. Dentro de la planta huésped, *X. fastidiosa* está restringida a vivir dentro de los vasos del xilema, los invade y se multiplica en el interior de los mismos, pudiendo llegar a la obstrucción del flujo de savia bruta, principalmente agua y sales minerales. Los síntomas varían de unos hospederos a otros. La transmisión se caracteriza por ser persistente, y el vector es capaz de transferir *X. fastidiosa* a un olivo sano o enfermo, una hora después de haberse alimentado previamente de la savia bruta de un árbol enfermo. La bacteria en el interior de *P. spumarius* coloniza localmente la región del aparato bucal donde crece en forma de monocapa formando una biopelícula. Como la colonización de la bacteria en el insecto está limitada a dicha zona, el patógeno no se transmite a la progenie del vector, por lo que la dispersión se produce sólo durante el tiempo de vida del insecto. En el momento en el que el vector portador de la enfermedad se alimente nuevamente, se producirá un ambiente turbulento debido al flujo, que será responsable de la pérdida de adherencia de *X. fastidiosa* al canal alimenticio del insecto, y la bacteria patógena será inoculada a los haces vasculares del olivo. Una vez que la bacteria colonice el xilema del árbol, se comenzarán a observar signos de marchitez en hojas y ramas jóvenes, y posteriormente se terminará extendiendo al resto de la del árbol. Cuando los síntomas revistan una mayor gravedad, es probable que el árbol termine muriendo (Alvarez- Mena, 2017) (Figura 1).

El calcio (Ca) parece aumentar el movimiento y la formación de biopelículas de mediante la manipulación de la estructura secundaria de proteínas y la expresión de genes. En correspondencia a este fenómeno, las plantas infectadas con la bacteria muestran acumulación de Ca en hojas y savia del xilema. Un estudio de los genes implicados en la respuesta de la planta al Ca indica la participación de un transportador de Ca específico que se regula positivamente durante la infección. La bacteria ha evolucionado para vivir en un ambiente como la savia del xilema que es rico en Ca, siendo este un modulador de la virulencia del patógeno (Cruz *et al.*, 2012, 2014; Parker *et al.*, 2016; De la Fuente *et al.*, 2017). Sumado a esto, produce una familia de Factores de Señal Difusibles (FSD), que son 12-18 ácidos grasos de carbono insaturados liberados al medio extracelular (Beaulieu *et al.*, 2013). Se sabe que los FSD actúan a través de la vía de señalización del gen RpfC para modular la expresión de factores de virulencia tales como proteínas de adhesión, exopolisacáridos, enzimas degradantes de la pared celular vegetal y la producción de Vesículas de Membrana Externa (VME) (Chatterjee *et al.*, 2008; Ionescu *et al.*, 2014). La liberación de VME se ha propuesto como una estrategia para ajustar la unión a las superficies facilitando su propagación sistémica dentro del huésped (Ionescu *et al.*, 2014).

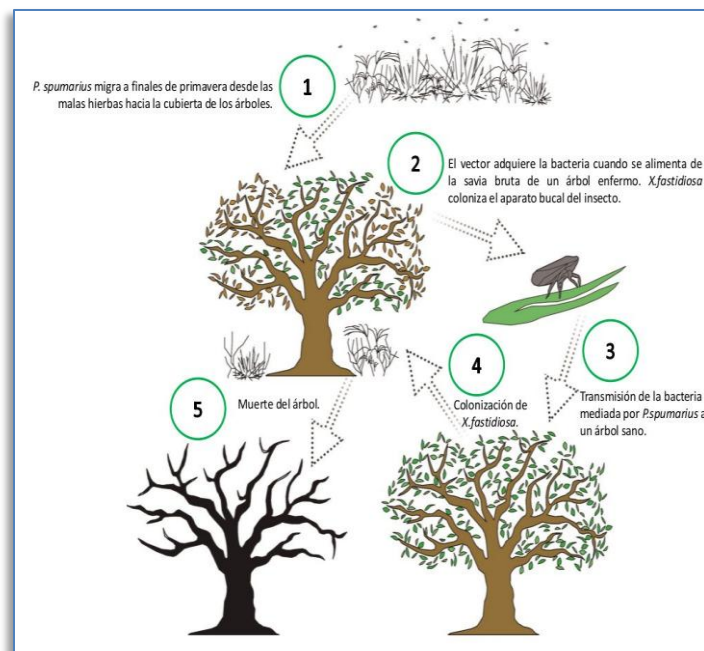


Fig. 1: Ciclo de la enfermedad producida por *Xylella fastidiosa*
(Fuente: Álvarez-Mena A.)

Hospedantes

Afecta a más de 300 hospedantes diferentes entre cultivos, malezas y vegetación nativa. Sin embargo, los cultivos en los que produce mayores pérdidas económicas son: vid (*Vitis vinifera*, *V. labrusca*, *V. riparia*), cítricos (*Citrus* spp., *Fortunella*), almendro (*Prunus dulcis*), melocotón (*P. persica*), café (*Coffea* spp.), alfalfa (*Medicago sativa*) y olivo (*Olea europaea*). En la mayoría de las especies hospedantes, la presencia de la bacteria no es asintomática (EPPO, 2017, Landa *et al.*, 2017). A partir del año 2016, la lista de huéspedes susceptibles incluye 359 especies de 75 familias botánicas (EFSA, 2016). Entre los hospedantes se incluyen árboles frutales (higuera, cítricos,

vid, almendro, cerezo, arándanos, etc), frondosas (arces, acacia, eucalipto, roble, ginkgo, etc), plantas ornamentales e incluso especies herbáceas (avena, girasol, coles, correhuela, grama, cebadilla, hiedra, raigrás, malva, ortiga, etc).

En Europa, las plantas hospedantes de *Xylella fastidiosa* detectadas se denominan en la Decisión 2015/789/UE como “plantas hospedadoras”. La relación de plantas hospedadoras se actualiza con frecuencia a raíz de las identificaciones de nuevos hospedantes que se realizan según se puede constatar en el siguiente link: http://ec.europa.eu/food/plant/plant_health_biosecurity/legislation/emergency_measures/xylella-fastidiosa/susceptible_en.htm (EPPO, 2017).

Vectores

Los potenciales insectos vectores de *Xylella fastidiosa* pertenecen todos al Orden Hemíptera, sub-orden *Cicadomorpha*. Dentro de este sub-orden las superfamilias *Cercopoidea*, *Cicadoidea* y *Membracoidea* están compuestas por insectos que se alimentan del xilema, y que han demostrado capacidad de transmitir la bacteria. Todos los insectos de las superfamilias *Cercopoidea* y *Cicadoidea* cumplen estas características, sin embargo, en la superfamilia *Membracoidea*, sólo los insectos de la sub-familia *Cicadellinae* (familia *Cicadellidae*) se alimentan del xilema y son transmisores (EFSA, 2014; Landa, 2017). La relevancia del vector depende no solo de la capacidad de transmitir el patógeno, sino también de las características ecológicas y de comportamiento en consonancia con otros componentes epidemiológicos de la enfermedad, como las plantas fuente de inculo, la dinámica de los patógenos en los hospederos y las condiciones ambientales favorables.

Los vectores, sin embargo, sólo actúan como dispersores eficientes a corta distancia (su capacidad de vuelo está en torno a los 100 m, aunque se pueden desplazar grandes distancias ayudados por el viento), y la especificidad entre la bacteria y el vector suele ser muy baja, dado que estos insectos se alimentan de muchos tipos de plantas y no de una especie concreta.

En Italia, tras las prospecciones realizadas hasta el momento sobre los vectores potenciales de *Xylella fastidiosa*, sólo se ha identificado la especie *Philaenus spumarius* (*Aphrophoridae*) como vector eficiente (Figura 2). Las ninfas se rodean de un mucílago parecido a la saliva en su metamorfosis, que las aísla de los cambios de temperatura y evita su desecación. La transmisión de la bacteria se realiza de forma persistente (necesita un tiempo de exposición a la bacteria para poder adquirirla y persistir en el vector), y no requiere un período de latencia (transmite la enfermedad inmediatamente). La bacteria se transmite a través de adultos y ninfas que se alimentan de plantas infectadas pero no se transmite a los huevos y tampoco persiste en los estadios ninfales después de la muda (EPPO, 2017).



Fig. 2: Ninfa de *Philaenus spumarius* (Fuente: https://wikivisually.com/wiki/Philaenus_spumarius)

SÍNTOMAS Y DAÑOS

Los síntomas varían mucho de unos hospedantes a otros, pero en general son marchitez, decaimiento generalizado de la planta, secado de hojas y ramas e incluso en estado avanzado, muerte de la planta, siendo este

tipo de síntomas inespecíficos. En ocasiones, las plantas se muestran asintomáticas a la presencia de la bacteria. En otros casos los síntomas se corresponden más a los provocados por ciertas deficiencias de minerales como clorosis internerval o moteado en hojas, estrés hídrico, viento, salinidad, exceso de nutrientes, etc. La diferencia entre los síntomas producidos por estas causas, y los ocasionados por la presencia de *X. fastidiosa*, radica en que cuando se deben a causas abióticas o medioambientales, el quemado de hojas suele ser generalizado, afectando tanto a las partes jóvenes como a las más viejas, y suele observarse en todas las plantas del mismo lote. Cuando el síntoma se debe a la presencia de la bacteria, se observan en las partes en crecimiento de la planta (Olmo-García, 2015, EPPO, 2017).

El Decaimiento rápido del olivo causado por la bacteria se caracteriza por el desarrollo inicial de necrosis (muerte) y color atabacado de las hojas empezando en el ápice y progresa de forma irregular hasta afectar a todo el limbo foliar determinando la desecación subsiguiente de hojas de brotes e incluso árboles enteros, denominada síndrome del decaimiento rápido del olivo: CoDiRo (Complesso del Disseccamento Rapido dell' Olivo) (Fig. 3). Estos síntomas se inician y prevalecen primero en las zonas periféricas superiores de la copa, pero a medida que progresa el desarrollo de la enfermedad se extienden con distribución irregular a toda la copa del olivo (Fig. 4). La poda severa de los árboles gravemente afectados puede propiciar la emisión y crecimiento de nuevos brotes, pero éstos se desarrollan con escaso vigor y finalmente son afectados por nuevos síntomas y acaban muriendo (Fig. 5).



Fig. 3: Síntoma de *X. fastidiosa*. Hoja punta de flecha en olivo (Fuente: Boscia, D.)



Fig. 4: Síntoma de *X. fastidiosa*. Ramas secas de olivo (Fuente: Navas J.)

Foto: Juan A. Navas



Fig. 5: Síntoma de *X. fastidiosa*. Declinamiento de planta de olivo. (Fuente: Laje, F.)

DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN

Muestreo

La época adecuada para realizar las prospecciones es en primavera o principios de verano y principios de otoño, cuando las temperaturas son propicias para la manifestación de los síntomas. El muestreo se basa en observación visual de síntomas en la parte aérea de la planta, especialmente sobre hojas y brotes. Los síntomas no son específicos, pero sí orientativos de la presencia de la bacteria. Se tomará una muestra representativa de los brotes o ramas que presenten síntomas de presencia de la bacteria (que contengan al menos, 10-25 hojas en total). Es preferible que los brotes o ramas no procedan de partes jóvenes y en crecimiento, pues en las partes más viejas es donde se detecta una mayor concentración de la bacteria, y que la muestra proceda sólo de una única planta (EPPO, 2017, Haelterman, 2017)

Las muestras recolectadas deben ser acondicionadas y llevadas a un laboratorio para su rápido procesamiento.

Diagnóstico

Para confirmar la detección de *Xylella fastidiosa* en una muestra vegetal, es necesario que se obtenga un resultado positivo para al menos dos pruebas de diagnóstico que estén basadas en diferentes principios biológicos o que analicen diferentes partes del genoma. Actualmente, el diagnóstico se realiza mediante prueba serológica ELISA (en inglés “Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay”) o pruebas moleculares como PCR convencional (en inglés “Polymerase Chain Reaction”), PCR en tiempo real (qPCR) o LAMP (en inglés “loop-mediated isothermal amplification”). El análisis de insectos vectores para la detección de *Xylella fastidiosa* se trabaja mediante la técnica PCR. Se ha detectado en alrededor de cuarenta especies de plantas con el método validado basado en PCR en tiempo real (Harper *et al.*, 2010) donde se trabaja con material vegetal directamente. La caracterización de aislados directamente en plantas o en cepas puras se realiza según una tipificación de secuencia multilocus (MLST) (Rodríguez-Murillo *et al.*, 2017).

El aislamiento de la bacteria es difícil incluso en muestras sintomáticas. Se recomienda la utilización de medios de cultivos específicos; sin embargo, debido al crecimiento muy lento de la bacteria (hasta 28 días) el procesamiento de una elevada cantidad de muestras hace inviable el proceso. En el caso de una presunta identificación positiva por este método, se deberá confirmar el resultado con un test ELISA o una prueba molecular (EPPO, 2017).

MANEJO DE LA BACTERIA Y LA ENFERMEDAD

En la Unión Europea (UE), el Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente (MAPAMA) elaboró un Plan Nacional de Contingencia (Decisión 2015/789/UE) donde todos los estados miembros deben cumplir las especificaciones propuestas para evitar la introducción y propagación de la bacteria, contenidas en un Protocolo Nacional de Prospecciones para la detección precoz, y un Programa de Erradicación que recoge las medidas que de

Dentro de la finca, es importante el adecuado manejo del cultivo mediante la realización de prácticas culturales orientadas al control del vector de la enfermedad (forma principal de dispersión) y de las malezas que pueden actuar como reservorio o inóculo de la bacteria. Dichas prácticas consisten con el laboreo oportuno del suelo a fin de cortar el ciclo del vector (para el caso de la UE es *Philaenus spumarius*), eliminación química o mecánica de malezas y otra vegetación espontánea, riego, fertilización y poda adecuados, control químico del vector (EPPO, 2017).

En Apulia, la poda severa de olivos infectados dio lugar a la emisión de nuevos brotes de la base del árbol pero, hasta ahora, no se ha demostrado que esto cure las plantas ni evite su muerte. La estrategia de lucha tiene que centrarse en el insecto vector y en la eliminación de los vegetales infectados que, si se dejan en el campo, pueden actuar como reservorio del inóculo bacteriano. Para el control de la población del vector, hay que aplicar tratamientos fitosanitarios adecuados, tales como la eliminación de las malas hierbas necesarias para completar el ciclo de vida del insecto, y también hay que recurrir al uso específico de productos fitosanitarios, en particular antes de la eliminación de las plantas infectadas. Tales tratamientos tienen que aplicarse junto con unas prácticas agrícolas adecuadas. Es importante señalar que los hospedadores asintomáticos, las infecciones asintomáticas y las infecciones de baja intensidad pueden pasar desapercibidos si las inspecciones se basan únicamente en exámenes visuales o incluso en pruebas de laboratorio, dada la posibilidad de infección inicial o de distribución heterogénea de la bacteria en la planta.

Control

No existen métodos efectivos para controlar la bacteria y las enfermedades que causa, ni para lograr su erradicación (ej., la eliminación total de la bacteria) ya que solo se trata de una estrategia operativa dado un brote inicial muy localizado, siendo poco probable que dicha erradicación sea efectiva una vez que se ha establecido en un área, debido a la amplia gama de plantas huésped y de insectos vectores que posee. Cuando la bacteria está establecida el manejo se orienta hacia estrategias de minimización del impacto de daños y se asume la convivencia con su presencia, como se lleva haciendo durante décadas en Brasil con los cítricos y en California con la vid.

Control terapéutico: hasta el momento no existe una estrategia terapéutica de control aplicable en el campo para combatir la enfermedad. Por lo tanto, se explora a nivel experimental la forma de mitigación de la infección en olivo. Ensayos realizados en plantaciones de olivo con alta, media, baja y nula incidencia de la enfermedad mediante la aplicación por un lado, de elicitores (compuestos estructurales que aplicados externamente, actúan como moléculas que inducen o estimulan los mecanismos naturales de defensa de la planta) de resistencia de la planta

como fosetilaluminio y acibenzolar-S-metil, y por el otro, de N-acetilcisteína (NAC), acompañados de la incorporación de sustancias orgánicas al suelo, determinaron una mejora notable de los síntomas solo en el tratamiento con NAC. Ninguno de los elicitors produjo algún efecto positivo en los árboles enfermos (Dongiovanni *et al.*, 2017). Otras investigaciones están orientadas al desarrollo y evaluación de péptidos antibacterianos contra las subespecies (Badosa *et al.*, 2013). Los péptidos lineales como BP100, BP15, BP178 y cíclicos como BPC194 están siendo probados *in vitro* por su actividad bactericida contra diferentes subespecies. La selección de los péptidos con capacidad controladora frente a la bacteria deberán ser evaluados por su toxicidad para el cultivo y por su comportamiento frente a diferentes formas de aplicación (foliar e inyección en el tronco) (Montesinos *et al.*, 2017).

Control biológico: la determinación de microorganismos como potenciales agentes de control biológico está focalizada en el estudio de bacterias endófitas debido a su capacidad de producir y secretar reguladores del crecimiento de las plantas y antagonizar a los fitopatógenos mediante la inducción de mecanismos de resistencia y el suministro de elementos nutricionales (Arauco *et al.*, 2002; Azevedo *et al.*, 2016). Resultados preliminares indican que, en condiciones de campo, el nivel de población de bacterias endófitas cultivables es muy variable, y se ve afectado principalmente por el genotipo y la edad del hospedero y la severidad de los síntomas. Entre los diferentes grupos se encuentran *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Lysinibacillus*, *Pantoea*, *Microbacterium*, *Stenotrophomonas* y *Methylobacterium* spp (Nigro *et al.*, 2017). Las bacterias del género *Methylobacterium* se encontraron ocupando el mismo nicho ecológico de subsp. *pauca* en plantas con clorosis variegada en cítricos, siendo su población más alta en las plantas con síntomas leves de la enfermedad (Arauco *et al.*, 2002).

Germoplasma resistente: si bien se han descrito diferentes fuentes de resistencia natural a en vides y cítricos, no existe información sólida sobre posibles fuentes de resistencia / tolerancia en los cultivares que caracterizan al amplio germoplasma de olivo. Las observaciones preliminares de campo y los análisis de laboratorio de algunos cultivares han demostrado que existen respuestas diferenciales a las infecciones por la bacteria. Para confirmar estos hallazgos, se están investigando específicamente una gran cantidad de cultivares de olivo. Actualmente, el procedimiento de selección se basa en observaciones de campo en busca de sujetos asintomáticos (árboles de cultivares conocidos / plantas de semillero) en zonas de alta incidencia de la enfermedad), inoculaciones mecánicas, ensayos de diagnóstico cualitativos y cuantitativos (ELISA y qPCR) y, en casos seleccionados, perfiles transcriptómicos comparativos (Giampetruzzi *et al.*, 2016; Boscia *et al.*, 2017).

Control de vectores: en la actualidad, en la UE, se llevan a cabo ensayos para determinar la eficacia de diferentes productos para el control de *Philaenus spumarius*. Entre las formulaciones con acción insecticida se encuentran sustancias naturales o inertes (extracto de aceite de cítricos, caolín, zeolita) y productos sintéticos (deltametrina, buprofenzina, imidacloprid). En resultados preliminares, los neonicotinoides y piretroides mostraron la mayor eficacia tanto para el control de estados juveniles como adultos (Dongiovanni *et al.*, 2017). Entre los enemigos naturales, para el control del vector *P. spumarius*, el insecto *Zelus renardii* (Hemiptera; Reduviidae) resulta promisorio como agente de control biológico (Salerno *et al.*, 2017).

ESTADO ACTUAL DE *Xylella fastidiosa* EN ARGENTINA

En Argentina, la bacteria *Xylella fastidiosa* se encuentra infectando cultivos de importancia productiva como almendro, cítrico y recientemente olivo. La escaldadura de la hoja del almendro (ALS) se la encuentra principalmente en Catamarca; en cítricos, la clorosis variegada (CVC) está difundida en la zona del NEA. Respecto al quemado de la hoja del olivo (OSL), fue detectado en zonas productivas de Córdoba, La Rioja, Catamarca y Buenos Aires.

En el cultivo de olivo, la bacteria fue detectada por primera vez en diciembre de 2013 en plantas de más de 50 años de edad principalmente cultivar Arauco en las provincias de La Rioja (Aimogasta) y Córdoba (Cruz del Eje) (Haelterman *et al.*, 2015, Tolocka *et al.*, 2017).

Xylella fastidiosa al ser una plaga cuarentenaria en el país, se halla bajo control oficial del Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA).

SINTOMAS Y DAÑOS

En las plantas afectadas se observaron decaimiento lento: coloración verde mate, enrollado y necrosis de las hojas; defoliación parcial muerte de brotes, ramas con hojas cloróticas en la parte superior y hojas basales con quemaduras apicales (“punta de flecha”). Dentro de los cultivares de olivo con mayor incidencia de la bacteria, se encuentra Arauco, ampliamente cultivado en el país debido a sus atributos de alta producción y doble propósito (Haelterman *et al.*, 2015; 2017).

No se cuenta con datos de Incidencia y Severidad de la enfermedad. Las prospecciones realizadas por el momento están orientadas a la detección y diagnóstico de la bacteria.

DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN

El Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA), en conjunto con el Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), llevan adelante un sistema de monitoreo para determinar la presencia de la bacteria en las principales regiones olivícolas del país centrado en recorrer plantaciones con toma de muestras sintomáticas y posterior análisis de las mismas mediante pruebas serológica (ELISA) y molecular (PCR). Hasta el momento, se tomaron 299 muestras de olivo provenientes de plantaciones tradicionales e intensivas. Las muestras presentaban síntomas sospechosos, resultando un número de 52 positivas para la bacteria. El monitoreo permitió confirmar la presencia de la misma en las provincias de: La Rioja, en departamentos Arauco, Chilecito y Capital; en Catamarca, en el departamento Andalgalá y Valle Viejo; en Córdoba, en el departamento Cruz del Eje; y en Buenos Aires, en los partidos de Coronel Dorrego, Villarino, Puán y Saavedra. También se destaca que en Mendoza y San Juan no fue hallada la bacteria (Von Baczko *et al.*, 2017).

DESCRIPCIÓN DE LA BACTERIA

Las diferentes cepas se caracterizaron a través del sistema de tipificación de secuencia Multilocus (MLST, en inglés “Multilocus Sequence Typing”) que permite identificar y agrupar aislamientos bacterianos mediante la amplificación de 7 genes consecutivos “housekeeping”. Se encontró que las cepas de la bacteria presente en cítricos y olivo pertenecen a la secuencia de tipificación 69 (ST69) mientras que se identificó una nueva secuencia tipo (ST78) en almendros, ambas correspondientes a la subespecie *pauca* no se detectó en los cítricos de la región noroeste, por lo que la presencia de la ST69 en olivo constituye un peligro potencial para los cítricos de esa región. Se están realizando estudios para determinar si la nueva cepa de almendro podría transmitirse a cítricos y olivos (Tolocka *et al.*, 2017; Haelterman *et al.*, 2017).

EPIDEMIOLOGÍA DE LA ENFERMEDAD

Hasta el momento, los mayores avances se lograron en el diagnóstico y caracterización de la bacteria tanto a nivel de subespecie como de secuencia tipo en diferentes cultivos (olivo, cítrico y almendro). Sin embargo, para la prevención y el manejo de la enfermedad es imprescindible el conocimiento de los factores que favorecen su

dispersión y posterior desarrollo. Líneas de investigación referidas a vectores y hospedantes alternativos se ejecutan actualmente:

- Monitoreo de chicharritas y salivazos (INSECTA-HEMIPTERA-CICADELLIDAE-CERCOPIIDAE) asociados al agroecosistema olivícola: detección de especies portadoras de *Xylella fastidiosa* en el Departamento Chilecito, La Rioja.
- Diversidad de Cicadélidos “chicharritas” (INSECTA-HEMIPTERA-AUCHENORRHYNCHA) potenciales vectores de *Xylella fastidiosa* asociados a los agroecosistemas de olivo y almendro en el NOA (Zona de Arauco y Catamarca).

A su vez, otras líneas vinculadas a la caracterización de la bacteria y su bioecología se trabajan:

- Caracterización de *Xylella fastidiosa* en plantaciones de olivo del país.
- Dinámica estacional en olivo y su relación con otros microorganismos patógenos en la provincia de La Rioja.

Las malezas, los arbustos y los árboles formando parte de la vegetación espontánea deben investigarse como huéspedes y potenciales fuentes de inóculo, relevantes para la propagación del patógeno e importante para establecer estrategias de manejo de la enfermedad.

CONSIDERACIONES FINALES

Basados en la información contenida en esta revisión y en la propia experiencia sobre la temática, podemos decir que *Xylella fastidiosa* constituye una gran amenaza para los olivares de la Argentina como así también para los cítricos del NOA.

Se trata de un patógeno poco estudiado en el olivo y actualmente no se dispone de ninguna técnica eficiente de control.

Por tal motivo, es de suma importancia continuar reforzando y sumando líneas de investigación sobre la biología y epidemiología de la enfermedad, donde la coordinación interinstitucional juega un papel fundamental.

A continuación, se consideran algunos puntos considerados como clave para su abordaje:

- Estudios sobre el vector: especies, capacidad de transmisión, etc.
- Estudios de variedades tolerantes y/o resistentes.
- Estudios sobre hospedantes alternativos.
- Estudios de sinergismo con otros patógenos.
- Marco legal: planes de contingencia, barreras fitosanitarias, etc. (SENASA).

BIBLIOGRAFÍA CONSULTADA:

- Almeida R. 2017. *Xylella fastidiosa*, new risks from an old threat. European Conference on Xylella 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 6. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts/> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Alvarez-Mena, A. (2017). Xylella fastidiosa, una nueva amenaza patógena para el olivar. <http://www.encuentrosenlabiologia.es/2017/07/xylella-fastidiosa-una-nueva-amenaza-patogena-para-el-olivar/> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Araujo WL, Marcon J, Maccheroni W Jr, Van Elsas JD, Van Vuurde JWL & Azevedo JL. 2002 Diversity of endophytic bacterial populations and their interaction with *Xylella fastidiosa* in citrus plants. Applied Environmental Microbiology 68:4906–4914.
- Azevedo J.L., Araújo W.L. & Lacava P.T. 2016. The diversity of citrus endophytic bacteria and their interactions with *Xylella fastidiosa* and host plants. Genetics and Molecular Biology, 39, 4, 476-491 (2016) doi: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0056.
- Badosa E., Moiset G., Montesinos L., Talleda M., Bardaji E., Feliu L., Planas M., Montesinos E. 2013. Derivatives of the antimicrobial peptide BP100 for expression in plant systems. PLoS ONE. 8(12):e85515.
- Beaulieu, E.D., Ionescu, M., Chatterjee, S., Yokota, K., Trauner, D. & Lindow, S. (2013). Characterization of a Diffusible Signaling Factor from *Xylella fastidiosa*. Mbio 4.
- Boscia D, Altamura G, Di Carolo M, Dongiovanni C, Fumarola G, Giampetruzzi A, Greco P, La Notte P, Loconsole G, Manni F, Melcarne G, Montilon V, Morelli M, Murrone N, Palmisano F, Pollastro P, Potere O, Roseti V, Saldarelli P, Saponari A, Saponari M, Savino V, Silletti MR, Specchia F, Susca L, Tauro D, Tavano D, Venerito P, Zicca S & Martelli GP, 2017. Resistenza a *Xylella fastidiosa* in olivo: stato dell'arte e prospettive. Informatore Agrario, 11, 59–63.
- Chatterjee, S., Almeida, R.P.P. & Lindow, S. (2008). Living in two worlds: The plant and insect lifestyles of *Xylella fastidiosa*. In Annual Review of Phytopathology, pp. 243-271.
- Cruz, L.F., Cobine, P.A. & De La Fuente, L. Calcium increases *Xylella fastidiosa* surface attachment, biofilm formation, and twitching motility. Applied and Environmental Microbiology 78, 1321-1331 (2012).
- Cruz, L.F., Parker, J.K., Cobine, P.A. & De la Fuente, L. Calcium-Enhanced Twitching Motility in *Xylella fastidiosa* Linked to a Single PilY1 Homolog. Applied and Environmental Microbiology 80, 7176- 7185 (2014).
- De la Fuente L.; Kandel P.; Chen H.; Parker J.; Cruz L.; Navarrete J.; Traore S.; Oliver J. & Cobine P. 2017. Factores que afectan la virulencia y la evolución de la bacteria patógena *Xylella fastidiosa*. IV Argentine Congress of Phytopathology. Mendoza., Argentina. Pp 81.
- Dongiovanni E.*, Di Carolo M., Fumarola G., Ciniero A., Tauro D., Palmisano F., Silletti M.R., Pollastro P., Altamura G., Morelli M., Coletta-Filho H.D., de Souza A.A., Saldarelli P., Boscia D., Saponari M., Faretra F. Evaluation of field treatments to reduce the impact of *Xylella fastidiosa* infections in olive trees. European Conference on Xylella 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 16. Recuperado de:

<https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.

- Dongiovanni E.*, Di Carolo M., Fumarola G., Tauro D., Cavalieri V., Altamura G., Saponari M., Porcelli F. 2017. Preliminary evaluation of different insecticides against *Philaenus spumarius*. European Conference on Xylella 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 22. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Giampetruzzi A, Morelli M, Saponari M, Loconsole G, Chiumenti M, Boscia D, Savino V, Martelli GP & Saldarelli P, 2016. Transcriptome profiling of two olive cultivars in response to infection by the CoDiRO strain of *Xylella fastidiosa* subsp. pauca. BMC Genomics, 17, 475. doi: 10.1186/s12864-016-2833-9.
- Haelterman, R. M.; Tolocka, P. A.; Roca, M. E.; Guzmán, F. A.; Fernández, F. D. & Otero, M. L. 2015. First presumptive diagnosis of *Xylella fastidiosa* causing Olive scorch in Argentina. Journal of Plant Pathology, 97(2): 393. DOI:104454/JPP.V97I2.023
- Haelterman, R. 2017. Xylella fastidiosa. En Jornadas Abiertas “Problemas fitosanitarios en olivo y vid” INTA AER Tinogasta, Catamarca. Recuperado de: <https://inta.gob.ar/documentos/problemas-fitosanitarios-en-olivo-y-vid>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Ionescu, M., Yokota, K., Antonova, E., García, A., Beaulieu, E., Hayes, T., Iavarone, A.T. & Lindow, S.E. (2016). Promiscuous Diffusible Signal Factor Production and Responsiveness of the *Xylella fastidiosa* Rpf System. MBio 7.
- Ionescu, M., Zaini, P.A., Baccari, C., Tran, S., da Silva, A.M. & Lindow, S.E. (2014). *Xylella fastidiosa* outer membrane vesicles modulate plant colonization by blocking attachment to surfaces. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 111, E3910- E3918.
- Junta de Andalucía. Síntomas de *Xylella fastidiosa* en olivo. Recuperado de <http://www.juntadeandalucia.es/organismos/agriculturapescaydesarrollorural/areas/agricultura/sanidad-vegetal/paginas/sintomas-xylella-fastidiosa-olivar.html>. Ultimo acceso: noviembre 2017.
- Landa del Castillo, B; Montes Borrego, M. & Navas Cortes, J. (2017). *Xylella fastidiosa* y su situación actual en la UE. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/press-review/xylella-fastidiosa-y-su-situacion-actual-en-la-ue/>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medioambiente, 2017a. Plan de Contingencia de *Xylella fastidiosa* (Well y Raju). Recuperado de: http://www.EPPO.gob.es/es/agricultura/temas/sanidadvegetal/plandecontingenciaxyellafastidiosa2017_tcm7-459848.pdf. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medioambiente, 2017b. Buenas prácticas agronómicas para la prevención de *Xylella fastidiosa*. Recuperado de: http://www.EPPO.gob.es/es/agricultura/temas/sanidadvegetal/plandecontingenciaxyellafastidiosa2017_tcm7-459848.pdf. Ultimo acceso: noviembre de 2017.

- Montesinos E., Cabrefiga J., Mora I., Montesinos L., Badosa E., Landa B. 2017. Antibacterial and plant defence elicitor peptides against *Xylella fastidiosa*. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 16. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Nigro F., Antelmi I., Sion V., Morelli M., Altamura G. 2017. The endophytic bacterial community of healthy and *Xylella*-infected olive sapwood. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 16. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Olmo-García, D. 2015. *Xylella fastidiosa*: biología, patogénesis y diagnóstico. Recuperado de: [file:///C:/Users/fvg/Downloads/PONENCIA_XYLELLA_FASTIDIOSA_2a_Parte%20\(2\).pdf](file:///C:/Users/fvg/Downloads/PONENCIA_XYLELLA_FASTIDIOSA_2a_Parte%20(2).pdf) .Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Olmo D., Montes-Borrego M., Nieto A., Adrover F., Urbano A., Beidas O., Juan A., Marco E., López M.M., Moran F., Monterde A., Navas-Cortés J.A. & Landa B.B. 2017. Emergence of *Xylella fastidiosa* in Balearic Islands, Spain: Current situation. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 7. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Parker, J.K., Chen, H.Y., McCarty, S.E., Liu, L.Y. & De La Fuente, L. Calcium transcriptionally regulates the biofilm machinery of *Xylella fastidiosa* to promote continued biofilm development in batch cultures. *Environmental Microbiology* 18, 1620-1634 (2016).
- Poliakoff F., Legendre B., Olivier V.; Dousset C., Paillard S., Molusson D., Sainte-Luce A., Juteau V. & Cunty A. 2017. *Xylella fastidiosa* in France: current situation in Corsica and in the region of Provence-Alpes-Côte d'Azur. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 7. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Rodríguez-Murillo N., Badilla-Lobo A., González-Espinoza G. & Chacón-Díaz C. 2017. *Xylella fastidiosa* in Costa Rica: understanding of the pathogen and containment through collaborative approach. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 8. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Salerno M., Russo V., Sefa V., Lamaj F., Basher N., Verrastro V., Porcelli F. 2017. *Zelus renardii* an assassin bug candidate for *Philaenus spumarius* biocontrol. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 23. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts>. Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Saponari M., Boscia D., Altamura G., Loconsole G., Zicca S., D'Attoma G., Morelli M., Palmisano F., Saponari A., Dongiovanni E., Cavalieri V., Savino V.N. & Martelli G.P. 2017. Biology and pathogenicity of *Xylella fastidiosa* associated to olive quick decline syndrome. European Conference on *Xylella* 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 6. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.

- Tolocka, P. A.; Mattio, M.F.; Otero, M. L.; Paccioretti, M. D.; Roca, M. E.; Guzmán F.A. & Haelterman R.M. 2017a. New type sequence of *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* ST78, obtained from an isolation of almond tree from Argentina. IV Argentine Congress of Phytopathology. Mendoza., Argentina. Pp 176.
- Tolocka P. A., Mattio M. F.; Oter M. L.; Paccioretti M. A.; Roca M. E.; Canteros B. I.; Guzmán F. A., Haelterman, R. M. 2017b. Characterization of from different hosts in Argentina. European Conference on Xylella 2017. Palma de Mallorca, España. Pp. 44. Recuperado de: <https://www.ponteproject.eu/scientific-publications/european-conference-xylella-fastidiosa-2017-book-abstracts> . Ultimo acceso: noviembre de 2017.
- Von Baczkó, O.H.; Aguirre, F.; Roca, M. E.; Battaglia, M.J.; Flores, F.; Kroneberger, E.; Tolocka, P. A.; Paccioretti, M. & Haelterman, R.M. 2017. Monitoring of *Xylella fastidiosa* in olive growing areas of Argentina. IV Argentine Congress of Phytopathology. Mendoza, Argentina. Pp. 168.



Secretaría de Investigación y Vinculación Tecnológica

Av. Belgrano y Mtro. Quiroga s/n - Campus Universitario
San Fernando del V. de Catamarca - Argentina
TE: 03834 – 430504 /03834 – 435955- int 101
Editor responsable: Ing. Juan Ramón SEQUI
Email: sivitecfca@gmail.com