



2022
Lleida

27·1
junio · juny
julio · juliol

Cataluña
Catalunya

8º CONGRESO FORESTAL ESPAÑOL

La **Ciencia forestal** y su contribución a
los **Objetivos de Desarrollo Sostenible**

8CFE

Edita: Sociedad Española de Ciencias Forestales
Cataluña | Catalunya · 27 junio | juny - 1 julio | juliol 2022
ISBN 978-84-941695-6-4
© Sociedad Española de Ciencias Forestales

Organiza



Riesgos forestales asociados a la introducción del patógeno *Xylella fastidiosa*

MONTESINOS, M.¹, PASCUAL, A.¹, NIETO, A.², GARZÓN, J. F.¹, OLMO, D.², JUAN, A.³, CLOSA, S.⁴. NUÑEZ, L.⁴ y MORALEJO, E.¹

¹ Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares, 07005 Palma de Mallorca, Spain.

² Serveis de Millora Agrària I Pesquera, SEMILLA, Govern Balear, 07009, Palma de Mallorca, Spain.

³ Servicio de Agricultura, Consejería de Agricultura, Govern Balear, 07006 Palma de Mallorca, Spain.

⁴ Sanidad Forestal, Consejería Medio ambiente, Agricultura y Pesca. Govern Balear.

Resumen

La bacteria *Xylella fastidiosa* (Xf) es conocida en el continente americano por producir daños económicos importantes en cultivos como la vid, cítricos y almendros, así como en plantas ornamentales y forestales. Hasta el 2013, Xf no había sido detectada en Europa, cuando fue relacionada por primera vez a una mortandad masiva de olivos en el sur de Italia. En 2016, Xf fue detectada por primera vez en España en Mallorca y al año siguiente en Alicante, asociado a almendros. Nuevas prospecciones han demostrado que el patógeno lleva décadas en el territorio balear y que éstas albergan una gran diversidad genética, habiéndose identificado hasta tres subespecies (*pauca*, *fastidiosa* y *multiplex*) y cuatro tipos de secuencia (ST1, ST7, ST81 y ST80). En un contexto evolutivo estamos, por tanto, ante uno de los mayores experimentos abiertos de Xf en Europa. Describimos aquí los resultados de este ‘experimento’ en el contexto forestal de las Baleares, haciendo un balance de la situación actual y proyecciones futuras en base a observaciones de campo, análisis genéticos y experimentos de inoculaciones. A partir de la información de los perfiles genéticos de Xf presentes en España, reflexionamos sobre los posibles riesgos hacia las masas forestales de la península ibérica.

Palabras clave

Enfermedades forestales, análisis de riesgo, patógenos invasores, spillover, diversidad genética, *Philaenus spumarius*, cadenas de transmisión.

1. Introducción

El comercio internacional de plantas y sus productos derivados está favoreciendo la entrada de un número cada vez mayor de patógenos invasivos que amenazan los cultivos y bosques de Europa y de otros continentes (MORALEJO et al., 2009; JUNG et al. 2016; SANTINI et al. 2013). Entre las plantas comercializadas, las plantas ornamentales han contribuido especialmente a la introducción de patógenos exóticos desde sus áreas de distribución nativas a nuevas zonas biogeográficas, con importantes repercusiones sobre la bioseguridad (BRASIER 2008). La reciente detección de la bacteria *Xylella fastidiosa* (Xf) en Europa ilustra estos riesgos, así como el impacto que pueden generar los patógenos exóticos a nivel de cultivo, paisaje y ecosistemas naturales.

Xf es el agente causal de importantes enfermedades vegetales como la enfermedad de Pierce, la clorosis variegada de los cítricos, o el chamuscado de las hojas de almendros (conocido en inglés como almond leaf scorch; ALSD), entre otras (ALMEIDA & NUNNEY 2015). Se transmite por insecto vectores (Homoptera; Cicadellidae) al alimentarse de la sabia bruta del sistema vascular de los hospedadores (CORNARA et al. 2017). La especie Xf es genéticamente diversa; está constituida por tres subespecies, *pauca*, *multiplex* y *fastidiosa*, y dentro de ellas una amplia variedad de genotipos (secuetipos; ST) con diversos rangos de hospedadores (DENANCÉ et al. 2019; VANHOVE et al. 2019). Aunque se conoce muy poco sobre el papel ecológico que juega la bacteria en los ecosistemas de

origen, parece claro que la especie es nativa del continente americano (GIAMPETRUZZI et al. 2017; SICARD et al. 2018).

En 1989, la Organización Europea y Mediterránea de Protección de las Plantas (EPPO) incluyó a Xf como una plaga cuarentenaria A1 para proteger a la industria vinícola europea de la enfermedad de Pierce (EP) de las vides procedente de los EE. UU. (EPPO/OEPP 1989). Desde entonces, a pesar de algunos reportes no confirmados (BERISHA et al. 1998), Europa permaneció libre del patógeno hasta 2013, cuando se notificó por primera vez un brote de Xf en olivos en la región italiana del Salento (SAPONARI et al. 2017). Pronto se observó una mortalidad masiva de olivos sin precedentes que aumentó la preocupación de que Xf se propagara al resto de Europa. La Comisión Europea obligó a los estados miembros a realizar prospecciones. Como consecuencia, se descubrió que la bacteria también se había establecido en Córcega, Provenza, los Alpes y la Costa Azul en Francia, y Alicante y las Islas Baleares en España (DENANCÉ et al. 2017; OLMO et al. 2017; MARCO-NOALES et al. 2021). La amenaza de Xf para Europa y la cuenca del Mediterráneo ha ido en aumento después de que se detectaran múltiples subespecies y genotipos en Italia, Francia, Portugal y España (LOCONSOLE et al. 2016; BERGSMA-VLAMI et al. 2017; LANDA et al. 2020).

En octubre de 2016 se detectó por primera vez Xf en las Islas Baleares (OLMO et al. 2017). Desde entonces, se han llevado a cabo por parte de las Conselleria de Agricultura i Medi Ambient del Gobierno Balear prospecciones pormenorizadas para conocer el alcance de la distribución del patógeno en las islas, la afección de plantas agrícolas y forestales, la diversidad genética del patógeno y los insectos vectores que lo transmiten. A día de hoy, se han realizado analíticas a más de 23.000 muestras de plantas, tanto asintomáticas como sintomáticas, de más de 453 especies incluidas en 96 familias botánicas (OLMO et al. 2021) y a cientos de insectos vectores (LÓPEZ-MERCADAL et al. 2021). Además, para conocer mejor la diversidad genética de las poblaciones de la bacteria, se han secuenciado el genoma de 24 aislados de *X. fastidiosa* pertenecientes a las tres subespecies principales *fastidiosa*, *multiplex* y *pauca* (LANDA et al. 2019; GOMILA et al. 2019; MORALEJO et al. 2020; L.F. ARIAS-GIRALDO, ROMÁN, MORALEJO y LANDA, sin publicar). De forma destacada, se ha podido reconstruir con datos sólidos la epidemiología de la enfermedad del ALSD en almendros, datar la introducción de los ST1 y ST81 a principios de la década de los 90s del siglo pasado y conocer el periodo medio de latencia desde la infección hasta que el almendro muere (MORALEJO et al. 2020). Esta información es de suma importancia porque permite situar en un contexto espacio-temporal la invasión del patógeno en las islas Baleares y evaluar su impacto sobre la agricultura y los ecosistemas forestales.

Aunque se ha avanzado bastante en el conocimiento de los insectos implicados en la transmisión de *X. fastidiosa* (MORALEJO 2019; ALOMAR 2020; LÓPEZ-MERCADAL et al. 2021), se necesita mayor información sobre el papel que juegan estos en la dinámica de transmisión. Superada la fase descriptiva inicial de la biología de los vectores, se necesitan estudios cuantitativos enfocados a parametrizar las variables que determinan la transmisión para poder modelizar la epidemiología de las enfermedades y mejorar su manejo. Recientemente, se ha desarrollado un modelo epidemiológico dinámico con base mecanicista para predecir en el presente y en futuro dónde se puede establecer la enfermedad de Pierce en todo el mundo (GIMÉNEZ-ROMERO et al. en revisión). Un enfoque parecido sería deseable para entender la transmisión en los hospedadores de ecosistemas naturales.

El esfuerzo e inversión en la investigación de la *X. fastidiosa* en las Baleares está dando sus frutos. Hoy en día, hay un conocimiento amplio de la situación. Se ha superado una primera fase inicial de prospección generalizada y se ha pasado a una fase en la que se está digiriendo la inmensa cantidad de datos obtenidos en campo y en experimentos. Es esta enorme colección de muestras y analíticas lo que nos permite evaluar con alta fiabilidad qué especies forestales están en peligro y cuáles no en la situación actual de distribución de las subespecies de *X. fastidiosa* en las islas. Las cepas de las dos subespecies introducidas en Mallorca están adaptadas al almendro (ST1 y ST81) y a la vid con las

que han coexistido en plantaciones de vid y almendros durante la mayor parte del siglo XX en California (ALMEIDA & PURCELL 2003). Recientemente, se ha confirmado las sospechas de que el acebuche ha jugado un papel destacable en la epidemiología y en la adaptación de la subsp. *multiplex* al entorno de la isla. Uno de los cuatro aislados de esta subespecie obtenidos de olivos en el sur de California, que mostraba el mismo perfil de ST81 que la población de Mallorca, ha sido secuenciado y ha resultado ser el ancestro más cercano en los análisis filogenéticos (O'LEARY et al. 2020). El acebuche además de ser el hospedador más abundante es también una de las plantas refugio del insecto vector *Philaenus spumarius* a principio de verano (ALOMAR 2020).

En las Baleares se ha producido un experimento evolutivo, no controlado, a escala regional con la introducción involuntaria de Xf (cf. BRASIER 2008). Durante los últimos cuatro años se han prospectado y examinado en campo las especies forestales infectadas, los síntomas que presentan y, lo que es más importante, qué plantas no están infectadas. Esta información va acompañada de experimentos de inoculación para confirmar las observaciones de campo.

1. Objetivos

Desde la primera detección de *Xylella fastidiosa* en Europa existe cierta preocupación sobre la posibilidad de que pueda afectar a ciertas especies forestales (DESPREZ-LOUSTAU et al. 2021). Debido a que la subespecie *multiplex* es la única que se conoce que infecta árboles en parques, zonas urbanas y algunos bosques del este de Estados Unidos, se ha puesto el foco principalmente sobre esta subespecie (HARRIS & BALCI 2015). A la pregunta de si existe cierto riesgo de que la variante ST81 de la subsp. *multiplex* pueda afectar a especies forestales de las Islas Baleares y en la península ibérica intentamos dar respuesta en este trabajo. Para ello, analizamos las observaciones de campo, los resultados de PCR sobre muestras vegetales, las inoculaciones en el túnel/invernadero de bioseguridad y los perfiles genéticos de las poblaciones de Xf. Uno de los objetivos es reproducir la sintomatología observada en campo mediante ensayos de inoculación de cepas de las subespecies *fastidiosa* (ST1) y *multiplex* (ST81) sobre las principales especies forestales leñosas de las Islas Baleares.

2. Metodología

3.1. Prospecciones.

Se realizaron prospecciones de Xf en diferentes viveros de las tres islas, muestreos de especies forestales y de especies vegetales que forman ecosistemas naturales entre octubre de 2016 y marzo de 2022. El diseño de las prospecciones se ha realizado en cumplimiento a los planes de contención de la Decisión de la Comisión Europea. Para ello se proyectaron a lo largo de la superficie de las islas una cuadrícula de 1km² y se intentó tomar muestras de plantas representativas que abarcaran el mayor número de cuadrículas. De cada una de las muestras se anotaron las coordenadas, y datos ecológicos de interés y se introdujeron en bolsas de plástico dentro de una nevera portátil refrigerada.

3.2 Análisis en laboratorio

Todas las muestras fueron procesadas en el laboratorio para análisis Xf qPCR y registradas en la base de datos del Laboratorio Oficial de Sanidad Vegetal de las Islas Baleares (LOSVIB). La extracción de ADN de la bacteria de plantas se realizó con un kit EZNA HP Plant Mini (Omega-Biotek, Norcross, Georgia, EE. UU.) basado en CTAB, , mientras que el ADN genómico de Xf se extrajo con el kit Wizard DNA Promega. Los extractos de ADN se analizaron para detectar la presencia de Xf mediante qPCR utilizando dos protocolos específicos de especies con los cebadores XF-F/XF-R y la sonda de doble marcaje XF-P (HARPER et al. 2010) y los cebadores HL5/HL6 y un TaqMan sonda (FRANCIS et al. 2006) utilizando termocicladores ECO (PCRmax, Staffordshire, Reino Unido) y qTOWER³ (Analytik

Jena, Jena, Alemania), . El ADN de Xf subsp. *pauca* cepa CoDiRo o Xf subsp. *fastidiosa* cepa Temecula se utilizaron como controles positivos.

3.3 Inoculaciones

Se realizaron los ensayos de inoculaciones de *Xylella fastidiosa* sobre las principales especies forestales de las Islas Baleares, entre 2018 y 2021, en los invernaderos de bioseguridad de la Conselleria de Agricultura del Govern de les Illes Balears. Las especies forestales se seleccionaron en función de los resultados de las prospecciones y de su importancia forestal (TABLA 1). Todas las plantas de 2 a 5 años de edad fueron suministradas por el vivero forestal Menut perteneciente a la Conselleria de Medi Ambient del Govern Balear, localizado a unos 500 m de altura en la Serra de Tramuntana (Mallorca). Las plantas en macetas de plástico de 20 L con una mezcla estándar de tierra se dispusieron en hileras durante el invierno y se regaron con goteo a capacidad de campo a lo largo de los ensayos. Las macetas se distribuyeron aleatoriamente en hileras de 12 plantas a lo largo de un túnel a prueba de insectos expuesto a la temperatura del aire. Las plantas se fertilizaron mensualmente con un fertilizante granulado de liberación lenta y se trataron con insecticidas y fungicidas según necesidad hasta el final del experimento. Dos semanas antes del inicio de la prueba de inoculación, se recogieron muestras de hojas de todas las plantas y se analizaron por qPCR para detectar la presencia de Xf. Para los experimentos de inoculación se utilizaron tres cepas de la subespecie *fastidiosa* (XYL 2055/17; XF 3865/18 y XYL 2017/18) y de la subespecie *multiplex* (XYL 1752/17; XF 3960/18 y XYL 1981/18), cuyos genomas habían sido secuenciado recientemente (MORALEJO et al. 2020). Los aislados se cultivaron en medio BYCE a 28 °C durante 7-10 días, siguiendo el protocolo EPPO PM7/24. Las células se recogieron raspando las colonias y suspendiéndolas en solución salina tamponada con fosfato (PBS) hasta obtener una suspensión turbia (10^8 - 10^9 células ml⁻¹). Las plantas fueron inoculadas mecánicamente por punción con ligeras modificaciones (ALMEIDA & PURCELL 2002). Se pipeteó una gota de 10 µl de la suspensión bacteriana en la axila de la hoja y se pinchó la axila de la hoja cinco veces con una aguja entomológica. Se inocularon ocho repeticiones por combinación especie-cepa de *Xylella* con la suspensión bacteriana y tres-cuatro plantas por especie, con una gota de PBS como control. Las inoculaciones se repitieron dos semanas después perforando la siguiente axila de la hoja por encima de la previamente inoculada. Las plantas sintomáticas y asintomáticas se analizaron mediante qPCR para la infección por Xf a los tres meses posteriores a la inoculación, tomando el pecíolo de la segunda y quinta hojas por encima del segundo punto de inoculación. Se utilizaron cinco hojas de todas las plantas inoculadas para el aislamiento de Xf, siguiendo el protocolo EPPO.

3.4 Origen de las cepas de Xf

Para establecer las relaciones de parentesco genético entre los genotipos de Xf detectados en las Baleares con las del resto del mundo, se compararon las secuencias de los genomas de una selección de aislados disponibles en GenBank. Los genomas ensamblados de los aislados de las subespecies *fastidiosa* (ST1) y *multiplex* (ST81) provienen de trabajos publicados anteriores (MORALEJO et al. 2020). Los contigs ensamblados se reordenaron usando la función de movimiento de contigs de Mauve (RISSMAN et al. 2009) con el ensamblado completo de Temecula1 disponible públicamente (GCA_000007245.1) y utilizado como referencia. Posteriormente, los genomas ensamblados y reordenados se anotaron individualmente utilizando el pipeline de Prokka (SEEMANN 2014). Se utilizó Roary v3.11.2 (PAGE et al. 2015) para calcular el número de genes en el núcleo (genes compartidos entre el 99 y el 100 % de las cepas). Se creó una alineación del genoma central de todos los genomas incluidos en el análisis filogenético utilizando las banderas -e (alineación multiseuencia consciente de codones de genes centrales) y -n (alineación rápida de nucleótidos) en Roary. Esta alineación del genoma central se utilizó para construir un árbol de máxima verosimilitud (ML) con RAxML (STAMATAKIS 2014). El modelo de sustitución GTRCAT se utilizó en la construcción

del árbol, mientras que la topología del árbol y el soporte de las ramas se evaluaron con 1000 réplicas de arranque. El árbol filogenético resultante se visualizó con FigTree (RAMBOUT 2009).

3. Resultados

4.1 *Xylella fastidiosa* en plantas forestales

Se han analizado un total de 14,674 muestras de plantas recogidas en ecosistemas naturales y de plantas ornamentales en las islas de Mallorca ($n = 5,697$), Menorca ($n = 5,005$), Ibiza ($n = 3,011$) y Formentera ($n = 961$) desde octubre de 2016. Un 7.8% de las muestras fueron PCR+, entre las que se encuentran 27 especies forestales como hospedadores de Xf, pertenecientes a 13 familias botánicas. Destaca el acebuche como hospedador que representa el 83.9% de las muestras positivas. En la TABLA 1 se incluye la lista de hospedadores, las subespecies y secuetipos de Xf que los infectan.

Sólo 37 especies vegetales de 454 taxones analizados que forman parte de la flora balear ($n = 1,729$) han dado positivo a Xf (TABLA 2). Estas cifras nos dan una pista del impacto relativo de Xf sobre los ecosistemas naturales y del esfuerzo realizado en la prospección del patógeno. Con mucha frecuencia los lindes entre la agricultura y la vegetación silvestre en las islas quedan difuminados por la presencia masiva de acebuche como principal colonizador competitivo de suelos no cultivados (Figura 1a). Los acebuches sirven en muchos casos como especies corredoras que conectan los asentamientos agrícolas con la vegetación de matorrales y los bosques y, por lo tanto, son propensos a la exposición a Xf.

El acebuche un arbusto muy abundante en Mallorca y Menorca está muy afectado por Xf. subsp. *multiplex* ST81. Si bien la severidad de la infección no es letal, su prevalencia es muy importante. A falta de una cuantificación rigurosa, la incidencia de Xf sobre acebuches debe estar muy por encima del 50% ($> >1$ millón de ejemplares infectados). La misma cepa infecta muy esporádicamente a los olivos en Mallorca, sin causar casi daños, al igual que ocurre en California (KRUGNER et al. 2014). El hecho de que el acebuche es un componente muy abundante tanto en el entorno agrícola como forestal sugiere que la mayoría de las plantas sobre las que el vector *Philaenus spumarius* suele alimentarse han debido estar en contacto con la bacteria desde que se introdujo casi hace tres décadas. En los cuatro años de vigilancia sobre árboles forestales, sólo se ha observado, además del acebuche, plantas sintomáticas de *Fraxinus angustifolia* (Figura 1c). No se han observado síntomas ni en pinos ni encinas atribuibles a la bacteria.

En el ámbito de arbustos que forman el maquis mediterráneo, podría haber alguna afectación importante en garrigas donde el género *Cistus*, *Rhamnus alaternus* (Figuras 1b y d) y las labiadas son un componente importante del matorral, aunque el número detectado de positivos en los qPCR no es muy grande. No hay tampoco evidencias cuantitativas del impacto que Xf pueda haber tenido sobre otras especies forestales, independientemente de que se hayan detectado con PCR.

Para comprender el posible impacto de Xf en los ecosistemas forestales es importante fijarse en el número de análisis que se han realizado en los diferentes taxones y también en la captura de insectos vectores sobre estas plantas. Así, por ejemplo, se ha observado en verano que los pinos son un refugio importante de *P. spumarius*. Sin embargo, se han realizado 59 análisis de PCR y todas han sido negativas. Lo mismo se puede decir de la otra especie forestal, la encina (*Quercus ilex*), dominante de la isla de Mallorca y Menorca. Unas 342 muestras de encinas y otras quercineas con diferentes tipos de decaimientos han sido analizadas y en ningún caso ha dado positivo, a pesar de que la encina está en contacto frecuente con acebuches y almendros en la parte central de isla de Mallorca y en Menorca. Además, tampoco se visualizaron síntomas cuando se inocularon plantas de *Q. ilex* con aislamientos de ST1 y ST81 durante un ensayo de dos años, lo que confirma que la encina

no es hospedante de estas cepas (TABLA 1). Parece existir una fuerte barrera genética a la infección de encinas por las cepas ST1 y ST81, ya que el vector *P. spumarius* es frecuentemente capturado en su copa. Menos se sabe sobre la resistencia de las encinas a la cepa ST80 de la subespecie *pauca*, ya que las encinas son muy escasas en Ibiza. Otras especies de árboles y arbustos comunes en las tres islas y que, por lo tanto, han estado expuestas al espectro genético de Xf durante muchos años, como *Ulmus palvifolia* ($n = 271$), el algarrobo ($n = 37$). *Pistacia lentiscus* ($n = 307$), *Myrtus communis* ($n = 209$), *Juniperus oxycedrus* ($n = 69$) y *Juniperus phoenicia* ($n = 87$) parecen no hospedar a ninguno de los tres tipos de secuencias de Xf detectados en Mallorca.

4.2 Ensayo de inoculaciones

En ninguno de los ensayos se observaron síntomas de clorosis de hojas, necrosis marginales de hojas, muertes retrogresivas de ramillas o algún tipo de decaimiento atribuible a la infección de Xf durante el seguimiento de estas. Las inoculaciones confirman, en general, las observaciones de campo, aunque con alguna excepción importante. Se han realizado inoculaciones sobre 8 especies forestales entre 2018 y 2021 con cepas de las subespecies *multiplex* (XYL 1752/17; XF 3960/18 y XYL 1981/18) y *fastidiosa* (XYL 2055/17; XF 3865/18 y XYL 2017/18). Todas han dado negativo incluyendo el acebuche (TABLA 1). No se ha podido demostrar los postulados de Koch sobre *Fraxinus angustifolia* y *Olea europaea* var. *sylvestris* lo que resta fiabilidad a los resultados sobre las otras especies. En los mismos experimentos, sin embargo, en cada año se han inoculado almendros y vides que han dado en muchos casos positivo y han mostrado síntomas característicos de la enfermedad de Pierce y ALSD, indicando que no es problema que se pueda atribuir a una pérdida de virulencia. Los problemas para reproducir las infecciones en especies leñosas en inoculaciones sobre plantas jóvenes es un hecho conocido. Para la enfermedad del olivo en Apulia, por ejemplo, costó un gran esfuerzo reproducir los síntomas en planta joven, aun siendo la cepa de la subespecie *pauca* muy virulenta en campo sobre árbol maduro. El hecho de inocular plantas jóvenes puede ser una de las causas, ya que por ejemplo se ha observado que los acebuches jóvenes raramente muestran síntomas en campo.

4.3 Origen de los genotipos de Xf encontrados en las Baleares

Se han analizado las relaciones de parentesco con nuevos genotipos cuyos genomas está disponibles en GenBank que complementan la cronología y origen de la introducción de las subespecies *fastidiosa* y *multiplex* estudiados anteriormente (MORALEJO et al. 2020). Tanto el ST1 como el ST81 tienen su origen en el valle central de California y están emparentados con cepas de Xf relacionadas con el cultivo de almendros que causan el ALSD (Fig. 1). Es destacable la relación de la cepa Fillmore aislado de olivos en el sur de California, y que también pertenece al ST81 (O'LEARY et al. 2020). Esta cepa comparte con los aislados ST81 de Mallorca y Menorca un 99.81 % del genoma. Los nuevos genomas publicados de la ST1 en California no hacen más que confirmar el origen de las cepas ST1 encontradas en Mallorca y que causan además del ALSD

4. Discusión

Con muy pocas excepciones, las analíticas de muestras de plantas asintomáticas mediante PCR confirman las observaciones de campo. Ninguna muestra de pino de Alepo, encina, olmo y algarrobo, por ejemplo, han dado positivo a pesar que el número de capturas de insectos infectados con Xf sobre estas plantas es mayor que en las vides y en los campos de almendros (ALOMAR 2021). Tampoco se ha detectado Xf sobre mata (*Pistacea lentiscus*), una de las plantas preferidas del vector. De plantas arbustivas de maquia se han detectado positivos en *Genista lucida*, *Phillyrea angustifolia*, *Rhamnus alaternus* (Figura 1), *Rosmarinus officinalis*, *Lavandula dentata* y *L. angustifolia*, aunque el número de especímenes infectados es pequeño en comparación con el acebuche. En términos

epidemiológicos quizás estas plantas actúan como sumideros y se está sobredimensionado la importancia que pueden tener estos hospedadores. Este punto requiere una investigación especial.

Las inoculaciones confirman las observaciones de campo, aunque con alguna excepción. Se han realizado inoculaciones sobre 8 especies forestales entre 2018 y 2021 con cepas de las subespecies *multiplex* (XYL 1752/17; XF 3960/18 y XYL 1981/18) y *fastidiosa* (XYL 2055/17; XF 3865/18 y XYL 2017/18). Solo en una ocasión se ha detectado mediante PCR una planta positiva después de 3 meses de incubación. Todas las demás han dado negativo incluyendo el acebuche. No se ha podido demostrar los postulados de Koch sobre *Fraxinus angustifolia* y *Olea europaea* var. *sylvestris* lo que resta fiabilidad a los resultados sobre las otras especies. En los mismos experimentos en cada año se han inoculado almendros y vides que han dado en muchos casos positivo y han mostrado síntomas característicos de la PD y ALSD, indicando que no es problema que se pueda atribuir a una pérdida de virulencia. Los problemas para reproducir las infecciones en especies leñosas en inoculaciones sobre plantas jóvenes es un hecho conocido. Para la enfermedad del olivo en Apulia, costó un gran esfuerzo reproducir los síntomas en planta joven, aun siendo la cepa *pauca* muy virulenta en campo sobre árbol maduro (SAPONARI et al. 2017). El hecho de inocular plantas jóvenes puede ser una de las causas ya que por ejemplo se ha observado que los acebuches jóvenes raramente muestran síntomas en campo.

Habitualmente se escucha que las cepas de la bacteria pueden acumular mutaciones puntuales y cambiar con el tiempo el rango de hospedadores y la virulencia sobre estos. Aunque no se puede descartar, no es la forma conocida de microevolución de Xf. Al ser una bacteria que coloniza los vasos xilemáticos que están constituidas por células muertas, no se produce la habitual carrera armamentística entre las defensas del hospedador y los factores de virulencia del patógeno. La otra forma de salto entre hospedadores es debido a la recombinación de trozos de la secuencia de ADN entre cepas diferentes. La mayoría de recombinaciones entre la subsp. *multiplex* y *fastidiosa* que se encuentran en la población de Mallorca son anteriores a su introducción en los 90s. Por ello creemos poco probable que con el tiempo la acumulación de mutaciones o recombinaciones puedan causar un cambio de hospedadores en Mallorca y Menorca. El juntar las variedades *multiplex* y *fastidiosa* con la hasta ahora aislada subespecie *pauca* en Ibiza podría ser un problema de mucho mayor riesgo. Se sabe que la recombinación de genomas entre subespecies o subtipos alopatricos, pueden cambiar sus propiedades patogénicas como se ha comprobado en Sur América. A nuestro juicio la introducción de *pauca* en Mallorca o cualquiera de las subespecies de Mallorca en Ibiza supone el mayor riesgo para los ecosistemas forestales de las Islas Baleares.

5.1 Riesgos de infección de masas forestales por *Xylella fastidiosa* en la península ibérica

Los secuetipos de las tres subespecies encontradas en las Islas Baleares no parecen tener capacidad de infectar y producir síntomas en especies de *Quercus*. Tampoco, y eso del todo esperable, tienen capacidad de infectar y causar daños en coníferas, ya que no se conoce casos de especies de coníferas que muestren sintomatología debido a infecciones de Xf en los EEUU. Aunque no hemos realizado experimentos de inoculación con la cepa ST6 de la subespecie *multiplex* de Alicante, no hay razones para pensar que pueda infectar y dañar a estas especies en condiciones naturales. Hasta donde podemos llegar, no tenemos conocimiento de ninguna notificación de detección de *multiplex* en *Quercus* en la península ibérica. Además, ya ha pasado suficiente tiempo desde la introducción de esta cepa (estimada a principios del 2000) para que se hubiera hecho visible en el caso de algún tipo de virulencia. Al igual que las cepas de XF *multiplex* de las Baleares, la cepa ST6 de Alicante es muy probablemente originaria de California y está adaptada al cultivo del almendro (LANDA et al. 2020; MORALEJO et al. 2020). En California, aunque hay algún reporte esporádico de detección por métodos moleculares en alguna quercinea, lo cierto es que no hay casos de enfermedades transmisibles causadas por Xf en ese estado.

Por otro lado, aunque Xf *multiplex* probablemente pueda soportar en plantas leñosas infectadas temperaturas más bajas que la subespecie *fastidiosa*, las condiciones climáticas para que se pueda

establecer el patógeno están bastante limitadas a situaciones costeras, con temperaturas relativamente suaves y con cierta humedad primaveral. Si a esto sumamos que el vector principal, *Philaenus spumarius*, soporta mal la sequedad ambiental extremas, se reducen apreciablemente la posibilidad de transmisión del patógeno. No obstante, siempre hay el riesgo de introducción de nuevos genotipos o la aparición de cepas recombinantes que muestren un rango de hospedadores diferentes y virulencia mayor a una determinada especie vegetal. Sin embargo, no hay que olvidar que hasta donde hemos podido averiguar no hay ningún caso de daños apreciables causado por Xf en masas forestales en el mundo. El caso más importante quizás es la infección de acebuches por la cepa ST81 en Mallorca y Menorca, y en ningún caso se ha visto muertes de arbustos. Los acebuches están adaptados a suelos poco profundos y a condiciones de sequía estival extremas.

5. Conclusiones

En las Baleares se ha producido un ejemplo clásico de “spillover” de un patógeno introducido, generalista desde los cultivos principales, como el almendro, viña y olivos, hacia la vegetación natural, actuando los acebuches como principal reservorio y puente de transmisión hacia la vegetación silvestre a través del insecto vector *Philaenus spumarius*. Las infecciones en acebuches son muy generales ($>>10^6$ pies infectados) y están ampliamente distribuidas en Mallorca y Menorca, aunque estas son subletales. La cadena de transmisión de acebuches a otras plantas silvestres todavía no está bien estudiada. De la frecuencia de estas transmisiones inter-específicas, así como de las transmisiones intra-específicas de las 20 especies forestales hospedadoras conocidas dependerá el grado de penetración de Xf en los ecosistemas naturales. De especial preocupación son las infecciones de especies forestales relictuales, como *Fraxinus angustifolia*, cuyas poblaciones parecen estar afectadas por varios patógenos además de Xf. También otras especies vulnerables con poblaciones pequeñas en peligro de extinción requieren cierta atención, aunque no hay evidencia de afecciones significativas. Hasta el momento y a falta de un análisis más detallado parece que la cadena de transmisión se diluye rápidamente desde los ecosistemas agrícolas en dirección a la vegetación en mosaico colindante hasta llegar muy residualmente a los ecosistemas naturales. La movilidad y comportamiento del principal insecto vector podría explicar este patrón general.

6. Bibliografía

MORALEJO, E.; PÉREZ-SIERRA, A.M.; ÁLVAREZ, L.A.; BELBAHRI, L.; LEFORT, F.; DESCALS, E. 2009. Multiple alien *Phytophthora* taxa discovered on diseased ornamental plants in Spain. *Plant Pathol.*, 58, 100–110.

JUNG, T.; ORLIKOWSKI, L.; HENRICOT, B.; ABAD-CAMPOS, P.; ADAY, A.G.; AGUÍN CASAL, O.; BAKONYI, J.; CACCIOLA, S.O.; CECH, T.; CHAVARRIAGA, D.; ET AL. 2016. Widespread *Phytophthora* infestations in European nurseries put forest, semi-natural and horticultural ecosystems at high risk of *Phytophthora* diseases. *For. Pathol.* 2016, 16, 134–163.

SANTINI, A.; GHELARDINI, L.; DE PACE, C.; DESPREZ-LOUSTAU, M.L.; CAPRETTI, P.; CHANDELIER, A.; CECH, T.; CHIRA, D.; DIAMANDIS, S.; GAITNIEKIS, T.; ET AL. 2013. Biogeographical patterns and determinants of invasion by forest pathogens in Europe. *New Phytol.* 197, 238–250.

BRASIER, C.M. 2008. The biosecurity threat to the UK and global environment from international trade in plants. *Plant Pathol.*, 57, 792–808.

ALMEIDA, R.P.P.; NUNNEY, L. 2015. How do plant diseases caused by *Xylella fastidiosa* emerge? *Plant Dis.*, 99, 1457–1467.

CORNARA, D.; SAPONARI, M.; ZEILINGER, A.R.; DE STRADIS, A.; BOSCIA, D.; LOCONSOLE, G.; BOSCO, D.; MARTELLI, G.P.; ALMEIDA, R.P.P.; PORCELLI, F. 2017. Spittlebugs as vectors of *Xylella fastidiosa* in olive orchards in Italy. *J. Pest Sci.*, 90, 521–530.

VANHOVE, M.; RETCHLESS, A.C.; SICARD, A.; RIEUX, A.; COLETTA-FILHO, H.D.; DE LA FUENTE, L.; STENGER, D.C.; ALMEIDA, R.P.P. 2019. Genomic diversity and recombination among *Xylella fastidiosa* subspecies. *Appl. Environ. Microbiol.*, 85, 85.

DENANCÉ, N.; BRIAND, M.; GABORIEAU, R.; GAILLARD, S.; JACQUES, M.-A. 2019. Identification of genetic relationships and subspecies signatures in *Xylella fastidiosa*. *BMC Genom.*, 20, 239.

GIAMPETRUZZI, A.; SAPONARI, M.; LOCONSOLE, G.; BOSCIA, D.; SAVINO, V.N.; ALMEIDA, R.P.P.; ZICCA, S.; LANDA, B.B.; CHACÓN-DIAZ, C.; SALDARELLI, P. 2017. Genome-Wide Analysis Provides Evidence on the Genetic Relatedness of the Emergent *Xylella fastidiosa* Genotype in Italy to Isolates from Central America. *Phytopathology*, 107, 816–827.

SICARD, A.; ZEILINGER, A.R.; VANHOVE, M.; SCHARTEL, T.E.; BEAL, D.J.; DAUGHERTY, M.P.; ALMEIDA, R.P.P. 2018. *Xylella fastidiosa*: Insights into an Emerging Plant Pathogen. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 56, 181–202.

BERISHA, B.; CHEN, Y.D.; ZHANG, G.Y.; XU, B.Y.; CHEN, T.A. 1998. Isolation of Peirce's disease bacteria from grapevines in Europe. *Eur. J. Plant Pathol.*, 104, 427–433.

SAPONARI, M.; BOSCIA, D.; ALTAMURA, G.; LOCONSOLE, G.; ZICCA, S.; D'ATTOMA, G.; MORELLI, M.; PALMISANO, F.; SAPONARI, A.; TAVANO, D.; ET AL. 2017. Isolation and pathogenicity of *Xylella fastidiosa* associated to the olive quick decline syndrome in southern Italy. *Sci. Rep.*, 7, 1–13.

DENANCÉ, N.; LEGENDRE, B.; BRIAND, M.; OLIVIER, V.; DE BOISSESON, C.; POLIAKOFF, F.; JACQUES, M.A. 2017. Several subspecies and sequence types are associated with the emergence of *Xylella fastidiosa* in natural settings in France. *Plant Pathol.*, 66, 1054–1064.

MARCO-NOALES, E. ; BARBÉ, S., MONTERDE, I. NAVARRO-HERRERO, A. FERRER, V. DALMAU, C. M. AURE, M. L. DOMINGO-CALAP, B. B. LANDA, AND M. ROSELLÓ. 2021. Evidence that *Xylella fastidiosa* is the Causal Agent of Almond Leaf Scorch Disease in Alicante, Mainland Spain (Iberian Peninsula). *Plant Dis.*105,

OLMO, D., NIETO, A., ADROVER, F., URBANO, A., BEIDAS, O., JUAN, A., MARCO-NOALES, E., LÓPEZ, M.M., NAVARRO, I., MONTERDE, A. AND MONTES-BORREGO, M., 2017. First detection of *Xylella fastidiosa* infecting cherry (*Prunus avium*) and *Polygala myrtifolia* plants, in Mallorca Island, Spain. *Plant Dis*, 101(10),1820-1820.

BERGSM-VLAMI, M.; VAN DE BILT, J.L.J.; TJOU-TAM-SIN, N.N.A.; HELDERMAN, C.M.; GORKINK-SMITS, P.P.M.A.; LANDMAN, N.M.; VAN NIEUWBURG, J.G.W.; VAN VEEN, E.J.;

WESTENBERG, M. 2017. Assessment of the genetic diversity of *Xylella fastidiosa* in imported ornamental *Coffea arabica* plants. *Plant Pathol.*, 66, 1065–1074.

LOCONSOLE, G.; SAPONARI, M.; BOSCIA, D.; D'ATTOMA, G.; MORELLI, M.; MARTELLI, G.P.; ALMEIDA, R.P.P. 2016. Intercepted isolates of *Xylella fastidiosa* in Europe reveal novel genetic diversity. *Eur. J. Plant Pathol.*, 146, 85–94.

OLMO, D.; NIETO, A.; ADROVER, F.; URBANO, A.; BEIDAS, O.; JUAN, A.; MARCO-NOALES, E.; LÓPEZ, M.M.; NAVARRO, I.; MONTERDE, A.; ET AL. 2017. First detection of *Xylella fastidiosa* infecting cherry (*Prunus avium*) and *Polygala myrtifolia* plants in Mallorca island Spain. *Plant Dis.*, 101, 1820.

LANDA, B.B.; CASTILLO, A.I.; GIAMPETRUZZI, A.; KAHN, A.; ROMÁN-ÉCIJA, M.; VELASCO-AMO, M.P.; NAVAS-CORTÉS, J.A.; MARCO-NOALES, E.; BARBÉ, S.; MORALEJO, E.; ET AL. 2020. Emergence of a plant pathogen in Europe associated with multiple intercontinental introductions. *Appl. Environ. Microbiol.*, 86, e01521-19.

OLMO, D., NIETO, A., BORRÀS, D., MONTESINOS, M., ADROVER, F., PASCUAL, A., GOST, P.A., QUETGLAS, B., URBANO, A., GARCÍA, J.D.D. AND VELASCO-AMO, M.P., 2021. Landscape epidemiology of *Xylella fastidiosa* in the Balearic Islands. *Agronomy*, 11(3), p.473.

MORALEJO, E.; BORRÀS, D.; GOMILA, M.; MONTESINOS, M.; ADROVER, F.; JUAN, A.; NIETO, A.; OLMO, D.; SEGUÍ, G.; LANDA, B.B. 2019. Insights into the epidemiology of pierce's disease in vineyards of Mallorca, Spain. *Plant Pathol.*, 68, 1458–1471.

LÓPEZ-MERCADAL, J., DELGADO, S., MERCADAL, P., SEGUÍ, G., LALUCAT, J., BUSQUETS, A., GOMILA, M., LESTER, K., KENYON, D.M., RUIZ-PÉREZ, M. AND PAREDES-ESQUIVEL, C., 2021. Collection of data and information in Balearic Islands on biology of vectors and potential vectors of *Xylella fastidiosa* (gp/efsa/alpha/017/01). EFSA supporting publications, 18(10), p.6925e.

LANDA, B.B.; VELASCO-AMO, M.P.; MARCO-NOALES, E.; OLMO, D.; LÓPEZ, M.M.; NAVARRO, I.; MONTERDE, A.; BARBÉ, S.; MONTES-BORREGO, M.; ROMÁN-ÉCIJA, M.; ET AL. 2018. Draft genome sequence of *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa* strain IVIA5235, isolated from *Prunus avium* in Mallorca island, Spain. *Microbiol. Resour. Announc.*, 7, e01222-18.

GOMILA, M.; MORALEJO, E.; BUSQUETS, A.; SEGUI, G.; OLMO, D.; NIETO, A.; JUAN, A.; LALUCAT, J. 2019. Draft genome resources of two strains of *Xylella fastidiosa* XYL1732/17 and XYL2055/17 isolated from Mallorca vineyards. *Phytopathology*, 109, 222–224.

MORALEJO, E.; GOMILA, M.; MONTESINOS, M.; BORRÀS, D.; PASCUAL, A.; NIETO, A.; ADROVER, F.; GOST, P.A.; SEGUÍ, G.; BUSQUETS, A.; ET AL. 2020. Phylogenetic inference enables reconstruction of a long-overlooked outbreak of almond leaf scorch disease (*Xylella fastidiosa*) in Europe. *Commun. Biol.*, 3, 1–13.

ALOMAR OLIVER, M., 2021. Estudi de l'epidemiologia de xylella fastidiosa a Mallorca sobre cultius susceptibles mitjançant l'anàlisi molecular de vectors.

O'LEARY, M.L., BURBANK, L.P., KRUGNER, R. AND STENGER, D.C., 2020. Complete genome sequence data of three *Xylella fastidiosa* subsp. *multiplex* strains isolated from olive trees in California, USA. *Phytopathology*, 110(11), pp.1759-1762.

DESPREZ-LOUSTAU, M.L., BALCI, Y., CORNARA, D., GONTHIER, P., ROBIN, C. AND JACQUES, M.A., 2021. Is *Xylella fastidiosa* a serious threat to European forests?. forestry: an International *J. of For. Res.*, 94(1), pp.1-17.

HARRIS, J.L. AND BALCI, Y., 2015. Population structure of the bacterial pathogen *Xylella fastidiosa* among street trees in Washington DC. *Plos one*, 10(3), p.e0121297.

PM 7/24 (3). 2018. *Xylella fastidiosa*. EPPO Bull. 48, 175–218.

HARPER, S.J.; WARD, L.I.; CLOVER, G.R.G. 2010. Development of lamp and real-time PCR methods for the rapid detection of *Xylella fastidiosa* for quarantine and field applications. *Phytopathology*, 100, 1282–1288.

FRANCIS, M.; LIN, H.; ROSA, J.C.-L.; DODDAPANENI, H.; CIVEROLO, E.L. 2006. Genome-based PCR Primers for Specific and Sensitive Detection and Quantification of *Xylella fastidiosa*. *Eur. J. Plant Pathol.*, 115, 203–213.

ALMEIDA, R. P. P. & PURCELL, A. H. 2003. Biological traits of *Xylella fastidiosa* strains from grapes and almonds. *Appl. Environ. Microbiol.* 69, 7447–7452.

RISSMAN AI, MAU B, BIEHL BS, DARLING AE, GLASNER JD, PERNA NT. 2009. Reordering contigs of draft genomes using the Mauve Aligner. *Bioinformatics* 25:2071–2073.

SEEMANN T. 2014. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics* 30:2068–2069.

PAGE AJ, CUMMINS CA, HUNT M, WONG VK, REUTER S, HOLDEN MTG, FOOKES M, FALUSH D, KEANE JA, PARKHILL J. 2015. Roary: rapid large-scale prokaryote pan genome analysis. *Bioinformatics* 31:3691–3693.

STAMATAKIS A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30:1312–1313.

Tabla 1. Resultado de las inoculaciones de *Xylella fastidiosa* sobre especies forestales de las Islas Baleares.

Espece forestal	Genotipo	Fecha inoculación (n = 8)	Fecha de análisis PCR y resultados
<i>Pinus halepensis</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Juniperus phoenicea</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Olea europea</i> var. <i>sylvestris</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Olea europaea</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Quercus ilex</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2021 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Phillyrea latifolia</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Fraxinus angustifolia</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)
<i>Ulmus minor</i>	Subsp. <i>multiplex</i> (ST81)	07/2018	12/2018 (negativo)
		07/2019	07/2020 (negativo)
	Subsp. <i>fastidiosa</i> (ST1)	07/2018	12/2018 (negativo)

Tabla 2. Lista de hospedadores de *Xylella fastidiosa* en las Baleares. Los datos están desgregados en islas, subespecies y genotipos del patógeno.

Isla	Planta hospedante	Subespecie y ST
Mallorca	<i>Acacia</i> sp. (Acacia) <i>Ficus carica</i> (Higuera) <i>Fraxinus angustifolia</i> (Fresno) <i>Genista valdes-bermejoien</i> <i>Lavandula angustifolia</i> (Lavanda) <i>Lavandula dentata</i> (Lavanda) <i>Olea europaea</i> var. <i>europaea</i> (Olivo) <i>Olea europaea</i> var. <i>sylvestris</i> (Acebuche) <i>Phillyrea angustifolia</i> (Labiérnago blanco) <i>Polygala myrtifolia</i> (Polígala) <i>Prunus domestica</i> (Ciruelo) <i>Prunus dulcis</i> (Almendro) <i>Rhamnus alaternus</i> (Aladierno) <i>Rosmarinus officinalis</i> (Romero) <i>Salvia officinalis</i> (Salvia) <i>Spartium junceum</i> (Retama macho) <i>Cistus albidus</i> (Estepa blanca)	<i>X. fastidiosa</i> subsp. <i>multiplex</i> ST81
Mallorca	<i>Polygala myrtifolia</i> (Polígala) <i>Prunus dulcis</i> (Almendro)	<i>X. fastidiosa</i> subsp. <i>multiplex</i> ST 7
Mallorca	<i>Calicotome spinosa</i> (Aliaga) <i>Cistus mospeliensis</i> (Jaguarzo negro) <i>Genista lucida</i> (Retama) <i>Polygala myrtifolia</i> (Polígala) <i>Prunus avium</i> (Cerezo) <i>Prunus dulcis</i> (Almendro) <i>Rhamnus alaternus</i> (Aladierno) <i>Vitis vinifera</i> (Viña) <i>Juglans regia</i> (Nogal común) <i>Teucrium capitatum</i> (Tomillo macho) <i>Ruta chalepensis</i> (Ruda)	<i>X. fastidiosa</i> subsp. <i>fastidiosa</i> ST 1
Mallorca	<i>Helichrysum stoechas</i> (Manzanilla bastarda) <i>Nerium oleander</i> (Adelfa) <i>Phagnalon saxatile</i> (Manzanilla yesquera) <i>Santolina chamaecyparissus</i>	Por determinar

Isla	Planta hospedante	Subespecie y ST
Ibiza	<i>Acacia sp. (Acacia)</i> <i>Cistus albidus (Estepa blanca)</i> <i>Lavandula angustifolia (Lavanda)</i> <i>Lavandula dentata (Lavanda)</i> <i>Olea europaea var. europaea (Olivo)</i> <i>Olea europaea var. sylvestris (Acebuche)</i> <i>Polygala myrtifolia (Polígala)</i> <i>Prunus dulcis (Almendro)</i> <i>Rosmarinus officinalis (Romero)</i> <i>Ulex parviflorus Pourr. (Aliaga morisca)</i>	<i>X. fastidiosa</i> subsp. <i>pauca</i> ST 80
Ibiza	<i>Genista hirsuta</i> <i>Nerium oleander (Adelfa)</i> <i>Thymus vulgaris (Tomillo)</i>	Por determinar

Isla	Planta hospedante	Subespecie y ST
Menorca	<i>Cistus albidus (Estepa blanca)</i> <i>Clematis cirrhosa (Atragene balearica)</i> <i>Ficus carica (Higuera)</i> <i>Helichrysum stoechas (Manzanilla bastarda)</i> <i>Olea europaea var. europaea (Olivo)</i> <i>Olea europaea var. sylvestris (Acebuche)</i> <i>Prunus dulcis (Almendro)</i> <i>Polygala myrtifolia (Polígala)</i> <i>Rosmarinus officinalis (Romero)</i> <i>Rhamnus alaternus (Aladierno)</i> <i>Santolina chamaecyparissus</i> <i>Santolina magonica (Camamilla de muntanya o de Maó)</i>	<i>X. fastidiosa</i> subsp. <i>multiplex</i> ST81
Menorca	<i>Vitex agnus-castus (Gatillo casto)</i> <i>Phlomis itálica</i>	Por determinar

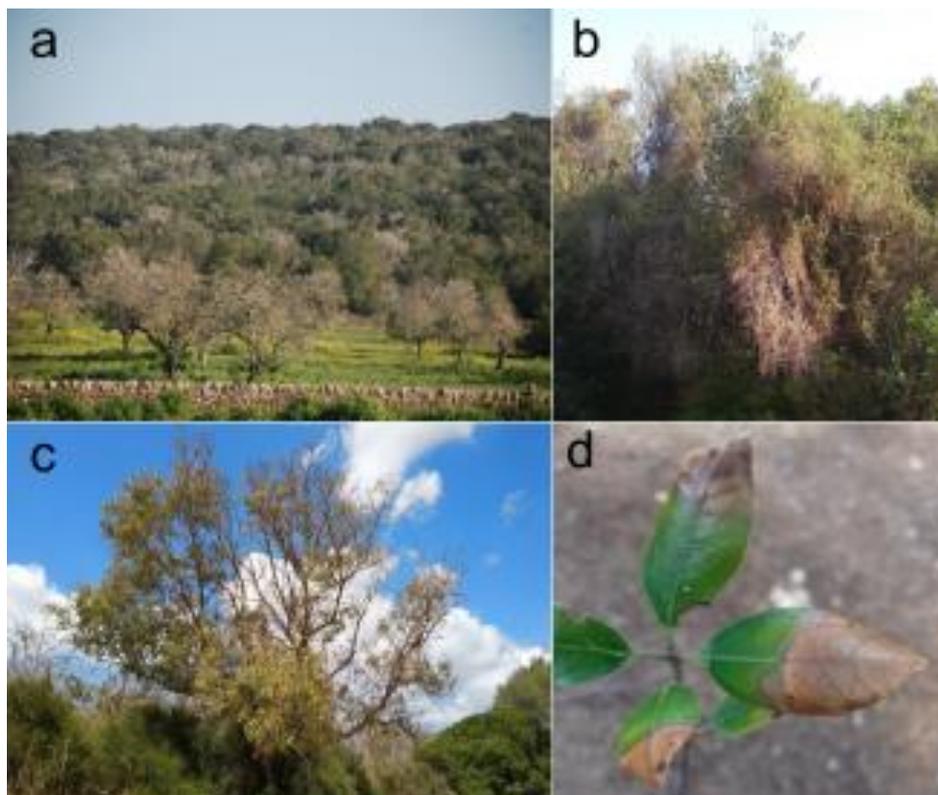


Figura 1. Sintomatología de infecciones de *Xylella fastidiosa*. (a) ejemplo de transición de almendros a paisaje silvestre formado por acebuches mostrando una afección importante. (b) *Rhamnus alaternus* con ramas peladas y con socarrado de hojas. (c) *Fraxinus angustifolia* con síntomas claros de decaimiento. (d) detalle de hojas de *Rhamnus alaternus* infectado por *Xylella fastidiosa*.



Figura 2. Relación filogenética de los aislados de Mallorca de la subespecie fastidiosa con el resto de genomas públicos en GenBank ($n=234$). El subclado de Mallorca (en rojo) está anidado con el resto de aislados de la zona sur del valle central de California.