



Restos digestivos delatan potenciales depredadores del vector de *Xylella fastidiosa* en el olivar



La bacteria *Xylella fastidiosa* causa la muerte de más de 350 especies diferentes de vegetales entre los que destacan la vid, el almendro y el olivo. La transmisión de este patógeno desde plantas enfermas a sanas está mediada por insectos vectores. En la búsqueda de alternativas sostenibles para frenar la expansión de la enfermedad, un equipo de investigadoras de la Universidad Complutense de Madrid ha diseñado una técnica molecular capaz de detectar ADN del vector en el tracto digestivo de artrópodos, lo que revelaría los potenciales depredadores para así controlar su expansión.



La bacteria es responsable de la muerte de centenares de especies, entre ellas el olivo. / D. Murgia

UCC-UCM, 10 de octubre.- A partir de una técnica molecular aplicada al contenido gástrico de artrópodos, un equipo de investigación de la facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid (UCM) y del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) es capaz de detectar cuáles pueden ser potenciales depredadores del insecto vector que transmite la bacteria *Xylella fastidiosa*, responsable de la muerte de más de 350 especies vegetales, entre ellas el olivo, la vid o el almendro.

Esta bacteria se transmite de plantas enfermas a sanas mediante vectores fitófagos de la familia de insectos Aphrophoridae, habiéndose confirmado la especie *Philaenus spumarius* como vector en la Unión Europea.

Hasta ahora, el control de las poblaciones de insectos se ha basado fundamentalmente en tratamientos con productos químicos, sin embargo, en



su contra juegan los efectos indeseados para la fauna beneficiosa del olivar, el medio ambiente e incluso la salud humana.

“Una de las opciones que podría reducir el empleo de estos productos químicos es el control biológico mediado por potenciales depredadores presentes en los agro-ecosistemas. Y el primer paso es conocer los enemigos naturales, qué artrópodos se alimentan del vector de *Xylella fastidiosa*”, explica Beatriz Matallanas, investigadora del departamento de Genética, Fisiología y Microbiología de la UCM.

La investigación, publicada en *Sustainability*, permite abordar el problema de la detección específica del ADN de *P. spumarius* en el tracto digestivo de otros artrópodos. De esta manera se pueden identificar de forma fiable los potenciales depredadores de esta especie, algo prácticamente imposible de determinar con la simple observación del contenido gástrico.

Mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es posible detectar cantidades ínfimas del ADN del vector. “Esta técnica es fiable incluso en situaciones en las que esperamos que el ADN esté muy degradado, como ésta, debido al proceso digestivo”, añade Carmen Callejas.

Hasta especies inmaduras

Una vez diseñada la técnica molecular, se probó su eficacia en condiciones reales. Para ello, las investigadoras de la UCM muestrearon más de 60 arañas, potenciales predadores abundantes durante la primavera, en olivares del suroeste de Madrid, cerca de Villarejo de Salvanés, donde se produjo un brote de *X. fastidiosa*.

Los resultados mostraron que el 6.34% de las arañas se habían alimentado de *P. spumarius*, una muestra “destacable teniendo en cuenta que la abundancia de ejemplares adultos del vector era baja dadas las condiciones climáticas de la primavera de este año 2018”.

Entre las ventajas del método desarrollado destacan la fiabilidad y la rapidez, esenciales en las acciones rápidas de gestión en las zonas de cuarentena. Tradicionalmente, la identificación del vector *P. spumarius* se ha basado en las características morfológicas de los ejemplares adultos, pero en los estadios tempranos estas características no permiten distinguirlos fácilmente de otras especies estrechamente emparentadas.

“Los resultados obtenidos con esta técnica permiten identificar inequívocamente *P. spumarius* también en los estadios inmaduros, distinguiéndolo rápidamente de otros géneros cercanos”, apunta Esther Lantero.

Este estudio supone una buena noticia para la agricultura y la economía del estado. La llegada de la bacteria *Xylella fastidiosa* a Europa en 2013 ha supuesto un reto para los países mediterráneos productores de aceite de oliva y aceituna de mesa. A las enormes pérdidas agrarias se suman las estrictas medidas de control que incluyen la eliminación de todo vegetal en un perímetro de 100 metros respecto a la planta afectada y los severos tratamientos con

