

Título del Poster, La predicción de la evolución de la *Xylella* mediante deep learning

Autor, José Juan Cortés Plana (jjcp@alu.ua.es); Tutora, María Teresa Signes Pont

Departamento de Tecnología Informática y Computación

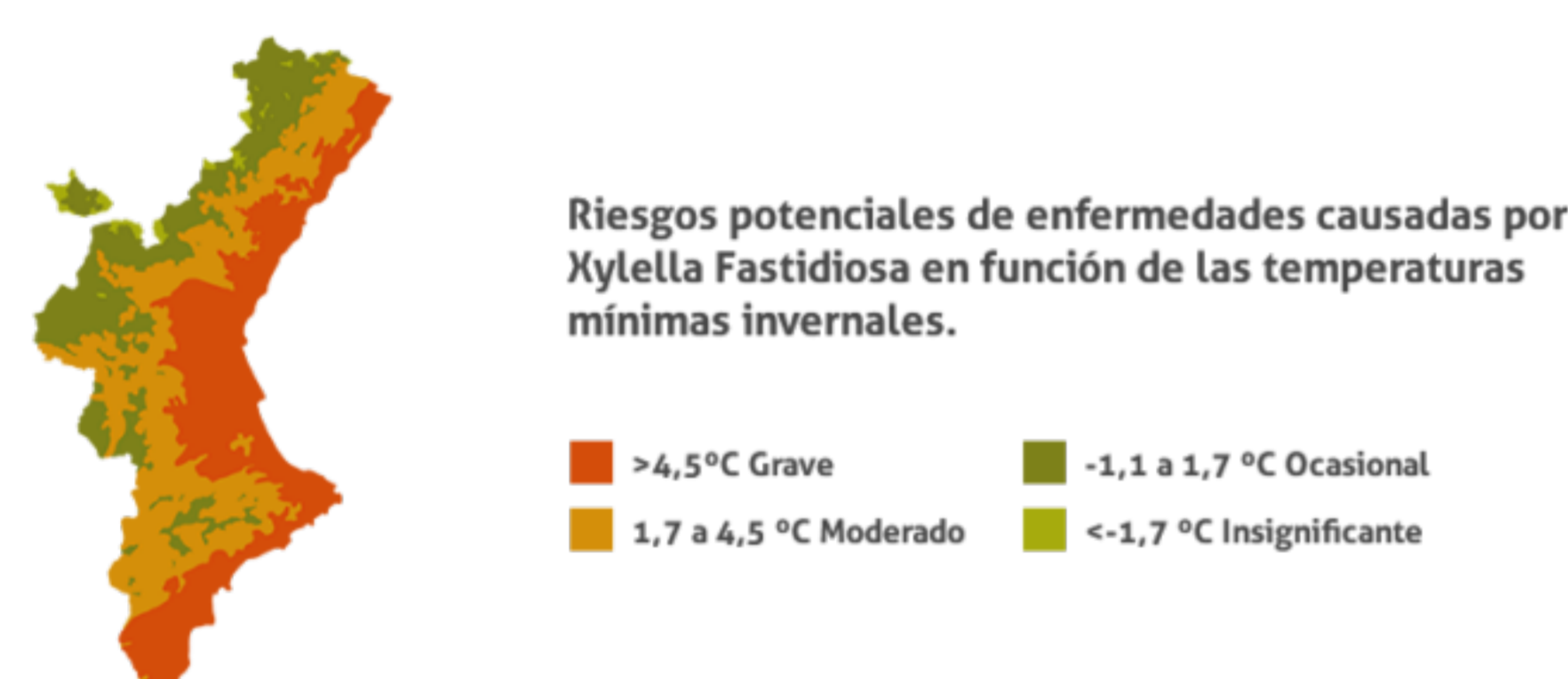
Introducción

Xylella fastidiosa (*X. fastidiosa*) es una bacteria Gram-negativa, aeróbica, y cuyo óptimo de crecimiento se sitúa entre los 26-28°C. Se encuentra en el xilema de las plantas 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. La transmisión de la bacteria se produce por medio de un insecto. El más común en la zona mediterránea es *Philaeus spumarius*. Este insecto no aguanta ni el calor ni el frío extremos y está especialmente activo en lugares con temperaturas suaves en invierno ya que su ciclo de vida parte de una ninfa que se desarrolla durante el invierno en vegetación espontánea y en primavera se alimenta chupando el xilema de las plantas. Si el insecto absorbe xilema de una planta infectada transportará la bacteria y la inoculará a la próxima planta sana que encuentre. Los vectores se desplazan saltando y realizando vuelos cortos, aunque también pueden desplazarse de forma pasiva si se introducen en algún vehículo [20], [11], [2]. La caracterización de *X. fastidiosa* culminó con la secuenciación del genoma completo de una cepa de cítricos [24], siendo la primera bacteria fitopatógena de la que se secuenció todo el genoma. En la actualidad no existe cura para las especies afectadas por *X. fastidiosa*. La dificultad de la lucha contra la bacteria radica en múltiples circunstancias que entorpecen su estudio. Primero, la bacteria es de crecimiento muy lento en medios de cultivo de laboratorio. Segundo, considerando su crecimiento en las especies afectadas, la dificultad se debe a que la concentración de bacterias en la planta puede ser muy baja, su distribución puede variar de una rama a la otra y la población de bacterias fluctúa a lo largo del año. Tercero, los síntomas que presenta la planta afectada no siempre son indicativos de la presencia de la bacteria, además, algunos árboles infectados son asintomáticos y no desarrollan la enfermedad y, por tanto, actúan como reservorios indetectables. Cuarto, la extracción de la bacteria desde el xilema es complicada o inviable y Quinto, los árboles afectados son muchos: ciruelos, olivos, almendros, vid, cítricos y algunas especies ornamentales, aproximadamente unas 500 especies en total. En éstas, *X. fastidiosa* presenta cepas que pertenecen a subespecies y a tipos genéticos diferentes. Por ello, cada subespecie va a tener una determinada gama de especies vegetales a las que pueda infectar, causando síntomas que pueden ser similares o diferentes. Se han descrito 4 subespecies: *fastidiosa*, *multiplex*, *sandyi* y *pauca*. La subespecie *multiplex* propia de la provincia de Alicante (ST6) está presente también en California (EEUU) (ST7) y en Mallorca (ST81).

| Los datos de temperaturas con los que se trabaja | min | max |
|--|------|-------|
| Daños severos | > | 4.5º |
| Daños raros | 4.5º | 1,7º |
| Daños mínimos | -1.1 | 1.7º |
| Daños nulos | < | -1.1º |

Table 1:Temperatura

Figure 1:Riesgos potenciales de enfermedades causadas por *X. fastidiosa* en función de la temperatura (Comunidad Valenciana)[10]



Aunque se trata todavía de resultados preliminares, los mapas desarrollados por el Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) proporcionan una primera aproximación de las áreas con clima potencialmente más favorable para el desarrollo de esta enfermedad Figura 1. Con lo que hay un mapa a nivel de comunidad valencia de riesgo en función de la temperatura Tabla 1.

Estado del arte

De momento, dentro de las líneas de investigación existentes, el modelado matemático/computacional no es el que más resultados está aportando, probablemente porque no existe a día de hoy un número suficiente de trabajos realizados en este campo. Tal vez, la naturaleza biológica del problema y la urgencia por encontrar solución a un problema grave no han propiciado una reflexión más sosegada que pudiera apuntar hacia el campo de la informática, que a priori, parece alejado del tema.

Las aportaciones finales del proyecto POnTE, proyecto ya finalizado, se presentaron los días 29-30 de octubre 2019 en Ajaccio. Con éstas se ha cubierto un amplio espectro de conocimiento relativo a la naturaleza de la propia bacteria *X. fastidiosa* [22] [5], a su incidencia según las particularidades del árbol afectado [25], [6], [13], [7], a las estrategias de control de los brotes [9], [17], al análisis de la epidemiología y el papel desempeñado por los vectores [4], [16], [23], [15], así como a su tratamiento [8], [21] y a su detección e identificación [19], [14], [3]. Asimismo, algunos trabajos se refieren a la predicción de futuras propagaciones basándose en modelos matemáticos (ecuaciones diferenciales, modelos estocásticos, técnicas de regresión, clasificación, machine learning,...) [1], [18], [26].

El grueso de trabajos de investigación se han realizado bien a partir de los casos endémicos de la enfermedad de Pierce en California o de la clorosis variegada de los cítricos en Brasil, bien a partir las recientes plagas de Italia y Francia. El caso de Alicante corresponde a la *X. fastidiosa* ST6, de la que todavía no se dispone de su genoma y que es distinta a las variedades encontradas en Europa y en Baleares. Además, la plaga que se considera establecida en Italia, en la Isla de Córcega (Francia) y en Baleares, se considera en Alicante como estando en estado transitorio - zona de erradicación según el protocolo - donde se está intentando frenar la extensión [12] con unos resultados mejorables. Por todas estas razones que marcan diferencias sustanciales entre las comarcas alicantinas y el resto conocido, convendría profundizar en el estudio de este caso con un interés particular.

Objetivos y Metodología

El objetivo de este trabajo es modelizar la evolución de la plaga a fin de hacer una predicción basándola en factores medioambientales. Utilizando el corpus la base de datos meteorológicos MARS (stands for Monitoring Agricultural Resources de la Unión Europea (UE)) del JRC (Joint Research Centre de la UE) contiene observaciones meteorológicas diariamente desde 1979 hasta el hoy en día, para la Unión Europea y los países vecinos. <https://agri4cast.jrc.ec.europa.eu/> Brotes publicados en el Diario Oficial de la Comunidad Valenciana. Liberías de geolocalización de Google para obtener latitud y longitud de lugares asociados con brotes y con la proximidad de un áreas poblada.

La idea es modelar a través de deep learning para la previsión de avance, en función de los datos existentes. Para la simulación de la expansión usará una implementación con Python3 y la librerías keras.

Conclusión

Por todas estas razones que marcan diferencias sustanciales entre las comarcas alicantinas y el resto conocido, convendría profundizar en el estudio de este caso con un interés particular. Estas conclusiones junto con la importancia económica y cultural que tiene el cultivo del almendro en las comarcas alicantinas hacen atractiva la vía del modelado matemático/computacional para ahondar en el conocimiento y llegar a diseñar una solución eficaz, asumible por todos para el caso de los almendros del interior de la provincia de Alicante

Referencias

- [1] Abboud C.*, Parent E., S. S. (2017). Model and data based prediction of the future dynamics of x. fastidiosa in france.
- [2] Almeida, R. P., Blua, M. J., Lopes, J. R., and Purcell, A. H. (2005). Vector transmission of xylella fastidiosa: applying fundamental knowledge to generate disease management strategies. *Annals of the Entomological Society of America*, 98(6):775–786.
- [3] Bergsma-Vlami M.*, Van De Bilt J.L.J., T.-t.-s. N. H. C. W. M. (2017). Towards an efficient sampling procedure for early detection of xylella fastidiosa in asymptomatic plants.
- [4] Bodino N.*, Plazio E., P. L. C. V.-D. E. D. C. M. T. D. V. S. S. M. R. V. P. F. G. G. B. D. (2017). Phenology population dynamics and host plants of philaeus spumarius in italian olive groves.
- [5] De La Fuente L.*, Hongyu C., S. T.-P. J. K. C. L. F. O. J. E. and A., C. P. (2017). Calcium has multiple roles during the interactions between xylella fastidiosa and host plants.
- [6] de Souza A.A.;, M. T. P. M. F. L. L. J. O. L. S. N. (2017). Xylella fastidiosa in olive trees in brazil: survey, host susceptibility, and inoculation tests.
- [7] Delbianco A.*, Czwienzek E., K. S. K. T. B. A. G. I. M. S. G. T. S. (2017). A global database on the host plants of xylella spp.
- [8] Dongiovanni E.*, Di Carolo M., F. G. T. D. C. V. A. G. S. M. P. F. (2017). Preliminary evaluation of different insecticides against philaeus spumarius.
- [9] D'Attoma G., Morelli M.*, C. S. S. M. and P., S. (2017). Attempts to develop sustainable biocontrol strategies of xylella fastidiosa infections in olive.
- [10] IVIA (2019). Mapa de riesgo de la xylella.
- [11] Krugner, R., Ledbetter, C., Chen, J., and Shrestha, A. (2012). Phenology of xylella fastidiosa and its vector around california almond nurseries: an assessment of plant vulnerability to almond leaf scorch disease. *Plant disease*, 96(10):1488–1494.
- [12] Landa, B. (2018). Hay que convivir con la xylella.
- [13] Lippens M.*, Van Vaerenbergh J., M. M. (2017). Study of plant growth conditions influencing xylella fastidiosa disease in different plant species.
- [14] Loconsole G.*, Olivier V., C. A. P. F. E. S. P. O. B. D. S. M. (2017). First international proficiency testing for laboratory performance on xylella fastidiosa detection.
- [15] Marqués A.*, Sureda T., A. A. J. A. M. M. (2017). Polymorphism of potential insect vectors of x. fastidiosa in majorca, balearic islands.
- [16] Miranda M.A.*, Marqués A., S. T. A. A. P.-E. C. L. M. B. O. O. D. M. M. F. A. and A., J. (2017). Seasonal pattern hosts and abundance of the potential vectors of xylella fastidiosa in mallorca.
- [17] Montesinos E.*, Cabrefiga J., M. I. M. L. B. E. L. B. (2017). Antibacterial and plant defence elicitor peptides against xylella fastidiosa.
- [18] Navas-Cortés, J. (2017). Assessing the global potential distribution of x. fastidiosa using species distribution models.
- [19] Petter F.*, G. B. (2017). From transnational research collaboration to regional standards: the eppo diagnostic protocol for xylella fastidiosa.
- [20] Purcell, A. (1980). Almond leaf scorch: leafhopper and spittlebug vectors. *Journal of Economic Entomology*, 73(6):834–838.
- [21] Salerno M., Russo V., S. V. L. F. B. N. V. V. P. F. (2017). Zelus renardii an assassin bug candidate for philaeus spumarius biocontrol.
- [22] 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. *Scientific reports*, 7(1):1–13.
- [23] Saponari, M., Loconsole, G., Cornara, D., Yokomi, R. K., De Stradis, A., Boscia, D., Bosco, D., Martelli, G. P., Krugner, R., and Porcelli, F. (2014). Infectivity and transmission of xylella fastidiosa by philaeus spumarius (hemiptera: Aphrophoridae) in apulia, italy. *Journal of economic entomology*, 107(4):1316–1319.
- [24] Simpson, A. J. G., Reinach, F. d. C., Arruda, P., Abreu, F. A. d., Acencio, M., Alvarenga, R., Alves, L. C., Araya, J. E., Baia, G. S., Baptista, C., et al. (2000). The genome sequence of the plant pathogen xylella fastidiosa. *Nature*, 406(6792):151–157.
- [25] Walker A.*, Riaz S., T. A. A. C. R. N. and D., P. (2017). Controlling pierce's disease with molecular and classical breeding.
- [26] White, S. M., Bullock, J. M., Hooftman, D. A., and Chapman, D. S. (2017). Modelling the spread and control of xylella fastidiosa in the early stages of invasion in apulia, italy. *Biological Invasions*, 19(6):1825–1837.