Nº 69, enero-junio de 2018, pp. 55-72.
ISSN: 0213-4691. eISSN: 1989-9890.
DOI: 10.14198/INGEO2018.69.04

Investigaciones Geográficas
Instituto Interuniversitario de Geografía
Universidad de Alicante

Cita bibliográfica: Gutiérrez Hernández, O. & García, L. V. (2018). Incidencia de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares y distribución potencial en la península ibérica. *Investigaciones Geográficas,* (69), 55-72. https://doi.org/10.14198/INGEO2018.69.04

Incidencia de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares y distribución potencial en la península ibérica

Occurrence of Xylella fastidiosa in the Balearic Islands and potential distribution areas in the Iberian Peninsula

Oliver Gutiérrez Hernández[1]
Luis V. García[2]

Resumen

Las invasiones biológicas constituyen una de las principales amenazas a la economía y a la biodiversidad relacionadas con el cambio global. Recientemente, ha irrumpido en las Islas Baleares un organismo fitopatógeno muy dañino: *Xylella fastidiosa*. Es una bacteria confinada en el xilema de las plantas que causa mortalidad sin curación en un gran número de cultivos leñosos de gran importancia, entre los cuales se encuentran el olivo, la vid, el almendro y los cítricos. En este trabajo abordamos una aproximación al estudio de la distribución del patógeno en las Islas Baleares y desarrollamos un modelo de distribución potencial de *Xylella fastidiosa* en la península ibérica calibrado con registros de presencia colectados en el archipiélago. Los resultados preliminares apuntan a una alta incidencia del *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares y proyectan una amplia distribución potencial del patógeno en la península ibérica, especialmente allí donde las temperaturas mínimas del mes más frío son más son más suaves.

Palabras clave: Especies invasoras; Riesgos biológicos; Kernel; Maxent.

Abstract

Biological invasions are one of the main threats related to the economy and the biodiversity related to global change. Recently, a very harmful phytopathogenic organism has been detected in the Balearic Islands: *Xylella fastidiosa*. It is a plant pathogen that causes mortality without cure in a large number of important woody crops such as olives, grapevines, almonds and citrus trees. This paper discusses an approach to the study of the spatial distribution of the pathogen in the Balearic Islands and a potential distribution model of the pathogen in the Iberian Peninsula, which is developed and based on the records of its presence in the Balearic Islands. The preliminary results point to a high incidence of *Xylella fastidiosa* in the Balearic Islands and they forecast a wide potential distribution of *Xylella fastidiosa* in the Iberian Peninsula, especially where the minimum temperatures of coldest month of the year are milder.

Keywords: Invasive species; Biological risks; Kernel; Maxent.

1. Introducción

1.1. Las invasiones biológicas en un escenario de cambio global

El impacto de la huella humana en el planeta hace mucho que sobrepasó la escala de los fenómenos locales. Crece el consenso en torno al denominado Antropoceno, considerado una época funcional y

1 Departamento de Geografía. Universidad de Málaga, España. olivergh@uma.es
2 Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología (IRNAS – CSIC), España. ventura@cica.es

Recepción: 14/11/2017. **Aceptación:** 14/02/2018. **Publicación:** 13/06/2018.

Este trabajo se publica bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional.

estratigráficamente diferente del Hocoleno (Waters *et al.*, 2016). Una de las múltiples dimensiones en las cuales se sustenta esta idea es la recomposición en tiempo real de un nuevo mapa biogeográfico de la Tierra como consecuencia de la dispersión de especies exóticas inducida por las actividades humanas (Capinha, Essl, Seebens, Moser, y Pereira, 2015).

La globalización es una consecuencia de la apertura, la conectividad y la integración de los muy diversas regiones y economías del planeta (Arribas, Pérez y Tortosa-Ausina, 2009). Y en este contexto canalizado por los sistemas de transporte, el comercio desempeña un rol fundamental en la propagación de especies exóticas (Banks, Paini, Bayliss y Hodda, 2015). Más de 13.000 especies de plantas se han naturalizado más allá de su lugar de origen como consecuencia de las actividades humanas, una cifra que equivale aproximadamente a la flora nativa del continente europeo (van Kleunen *et al.*, 2015). Y estamos hablando sólo de plantas, pero también hay que sumar animales, insectos y un sinfín de microorganismos invisibles que viajan junto con estos. En la última centuria, los países desarrollados han sido importadores netos de nuevas especies y los modelos de distribución basados en los escenarios de cambio climático previstos auguran un aumento de las especies exóticas en Europa frente a un descenso de las mismas en las regiones tropicales (Casties, Seebens y Briski, 2016).

La terminología es compleja y se entremezclan nociones que adjetivan a las especies como "exóticas", "introducidas", "naturalizadas" o "invasivas", conceptos que tienen que ver con los procesos y los impactos positivos y negativos de las especies alóctonas (Colautti y MacIsaac, 2004). Los impactos de las especies exóticas son heterogéneos, de magnitudes muy desiguales y no unidireccionales (Vila *et al.*, 2011). Sin embargo, la mayor parte de los biólogos consideran que la propagación de especies exóticas debería controlarse lo máximo posible debido a que su impacto comporta, además, un gran componente de incertidumbre (Larson *et al.*, 2013). La European Food Safety Authority (EFSA) considera especie exótica toda especie —planta, animal o microorganismo— que ha sido introducida como resultado de una actividad humana en zonas que no podría haber alcanzado de manera natural. Obviamente, esta definición incluye a numerosas especies forestales y agrícolas. Por este motivo, se considera que las especies invasoras son aquellas que, además, alteran las comunidades vegetales nativas o aquellas producen daños en las plantas cultivadas (Mediterranean Plant Protection Organization, EPPO).

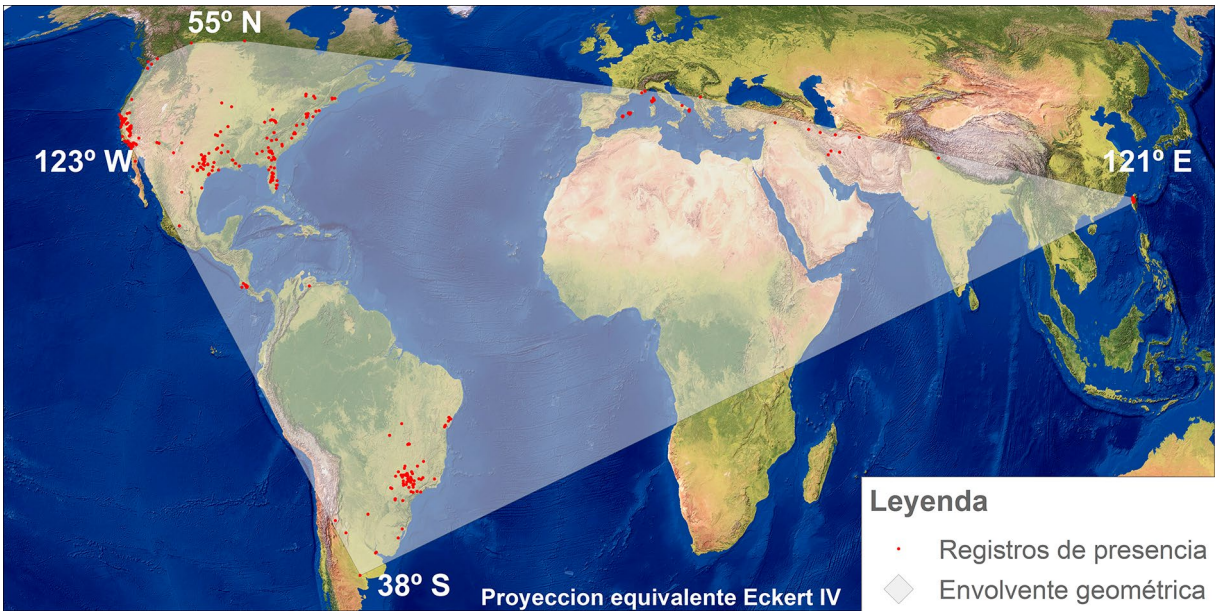
Los esfuerzos realizados para mitigar las invasiones biológicas no han sido efectivos y algunos autores sostienen que es una tarea de difícil solución (Seebens *et al.*, 2017a). Se ha estimado que en los Estados Unidos de América existen más de 50.000 especies exóticas, entre las cuales las especies invasivas provocan unas pérdidas económicas millonarias (Pimentel, Zuniga y Morrison, 2005). Buena parte de las especies invasoras proceden de áreas situadas a una distancia promedio de 10.000 km (Seebens, Essl y Blasius, 2017b). Además del transporte, el origen de las especies juegan un rol importante en el éxito de la invasión (Casties e*t al.*, 2016).

1.2. Alerta fitosanitaria en Europa: Xylella fastidiosa

Xylella fastidiosa es una de las bacterias fitopatógenas más peligrosas del mundo (Wells *et al.*, 1987). Se trata de una bacteria confinada en el xilema de las plantas y transmitida por insectos vectores cuya patogenicidad la convierte en un organismo potencialmente dañino en un gran número de cultivos leñosos (Hopkins, 1989; Janse y Obradovic, 2010). Su difusión constituye una gran amenaza, dado que se trata de un organismo altamente patógeno que afecta a numerosas especies de interés agrícola y de gran importancia económica y paisajística.

Con origen en el continente americano (Nunney, Ortiz, Russell, Sánchez y Stouthamer, 2014), *Xylella fastidiosa* se ha detectado, además, en Europa y Asia. Aparece en numerosos lugares Sudamérica y Norteamérica y, en Europa, ha hecho acto de presencia en países como Italia (región de Apulia), Francia (isla de Córcega), Serbia (Kosovo) y España (Islas Baleares). El potencial de dispersión de *Xylella fastidiosa* no sólo radica en la difusión de los insectos vectores, que realmente sólo son buenos dispersores a corta distancia, sino en el comercio y transporte del material vegetal infectado. Es una amenaza global (Purcell, 1997). Como se aprecia en la figura 1, la envolvente geométrica de su distribución geográfica es muy amplia, y abarca desde California hasta Taiwán, pasando por la cuenca Mediterránea y Oriente Medio, y desde Canadá hasta Argentina, pivotando en Centroamérica.

Figura 1. Registros de presencia de *Xylella fastidiosa* en el mundo



Fuente: EFSA (2016). Elaboración propia.

Xylella fastidiosa puede producir graves daños en cultivos como la vid (enfermedad de Pierce), el olivo, los cítricos (clorosis variegada) o el almendro (Almeida y Purcell, 2003; Araújo *et al.*, 2002; Loconsole *et al.*, 2014). También resulta patógena en cultivos como el aguacate, el peral o el arándano; en árboles como el olmo, el roble o el arce; y, en especies ornamentales ampliamente distribuidas como la adelfa o el plátano de sombra. A día de hoy, se conocen hasta 359 especies hospedantes (EFSA, 2016), y en muchas de las cuales la bacteria no provoca daños y pasa desapercibida, pero en las especies más susceptibles llega a producir un decaimiento acelerado que conduce a la seca y muerte del árbol, debido a que la multiplicación de la bacteria en el interior del xilema puede conducir la obstrucción del flujo de savia (Almeida, 2013; Redak *et al.*, 2004). Los síntomas varían según la especie y el estadio de la infección: clorosis, evidencias de marchitez, necrosis foliar, súbito aumento de hojas y ramas secas, hasta un decaimiento generalizado. La bacteria es transmitida por numerosos insectos vectores (cicadélidos y cercópidos), hemípteros chupadores que se alimentan del xilema (Almeida, 2013).

En 2013, se informó el primer registro de presencia de *Xylella fastidiosa* en un país miembro de la Unión Europea, en la región italiana de Apulia (Italia), donde se produjeron importantes daños en olivos (Carlucci, Lops, Marchi, Mugnai, y Surico, 2013; Mang, Frisullo, Elshafie, y Camele, 2016). En julio de 2015, las autoridades francesas detectaron la presencia de la bacteria en la isla de Córcega, donde se ha encontrado el patógeno en alcornoque, una especie también susceptible al patógeno según la EFSA. En 2016 aparece en un invernadero de Alemania, lo que pone en evidencia las medidas de control de estas instalaciones, que facilitan material biológico a trabajos de jardinería, agricultura y medio forestal. Previamente, en 2011, también había sido detectada en el país galo en plantas de café de un vivero. Volvieron a detectarse positivos en viveros de Holanda y Alemania. Desde 2015, las instituciones europeas comenzaron a tomar cartas en el asunto, informando, legislando y coordinando a los países miembros de la Unión. Recientemente, la presencia de *Xylella fastidiosa* ha sido detectada en las Islas Baleares (figura 2), donde se cree que el patógeno está presente desde 2012 (Sección de Sanidad Vegetal, Gobierno de Islas Baleares). En enero de 2017, el Gobierno Español publicó la Orden APM/21/2017, por la que se establecen medidas específicas de prevención en relación con la bacteria *Xylella fastidiosa*. Como medida provisional, se prohibió la salida de material vegetal (excepto semillas) procedente de las Islas Baleares hasta que se ultimen las investigaciones sobre la presencia real de la bacteria en el archipiélago. Pese a estas medidas, no se ha podido frenar la dispersión de *Xylella fastidiosa* hacia la península ibérica. El 30 de junio de 2017, la Consejería de Medio Ambiente, Cambio Climático y Desarrollo Rural de la Generalitat Valenciana, informó de la presencia del patógeno en una parcela agrícola de la provincia de Alicante.

Figura 2. Olivar afectado por *Xylella fastidiosa* en Mallorca. Seca de hojas y ramas de olivo

Fuente: Sección de Sanidad Vegetal. Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares.

1.3. Hipótesis y objetivos

En los últimos años, el estudio de los riesgos naturales constituye una de las ramas más activas de la geografía aplicada especialmente en el estudio de las inundaciones, los fenómenos geomorfológicos y los incendios forestales (Montz y Tobin, 2011). Sin embargo, el estudio geográfico de los riesgos biológicos asoma tímidamente como unos de los campos menos explorados entre la comunidad de geógrafos y ambientólogos.

Este trabajo pretende reivindicar la relevancia de la Geografía y el análisis de datos geoespaciales en el marco del estudio de la dinámica de las especies exóticas o invasoras que protagonizan los principales riesgos biológicos del momento.

En esta investigación, hemos centrado nuestra atención sobre los registros de presencia o casos positivos de *Xylella fastidiosa* detectados en las Islas Baleares por la Sección de Sanidad Vegetal de la Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares. A través de estos registros, estudiamos la distribución espacial del patógeno y realizamos una primera aproximación para conocer la influencia de los factores bioclimáticos que podrían favorecer la capacidad de acogida de un espacio geográfico.

Partimos de la hipótesis de que la aparición de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares podría responder a un patrón de incidencia en el que la bioclimatología juega un rol muy importante. En Europa, el patógeno ha sido detectado en Apulia y Córcega, regiones marítimas y templadas donde predominan ecosistemas y agrosistemas genuinamente mediterráneos. En Estados Unidos, la mayor parte de los casos positivos han sido registrados en California, Texas y Florida. Y en general, parece que la incidencia del patógeno es mayor en los espacios litorales de clima templado donde los contrastes termométricos no llegan a ser extremos.

Por este motivo, pensamos que podría proyectarse un patrón modelo basado en factores bioclimáticos hacia regiones donde el patógeno no ha sido detectado con ayuda de técnicas de modelización de patrones que también implementasen funciones de extrapolación más allá del rango de calibración de los datos. La virtud de la extrapolación reside en su capacidad para determinar la capacidad de acogida de un espacio ambiental hacia un nuevo organismo exótico.

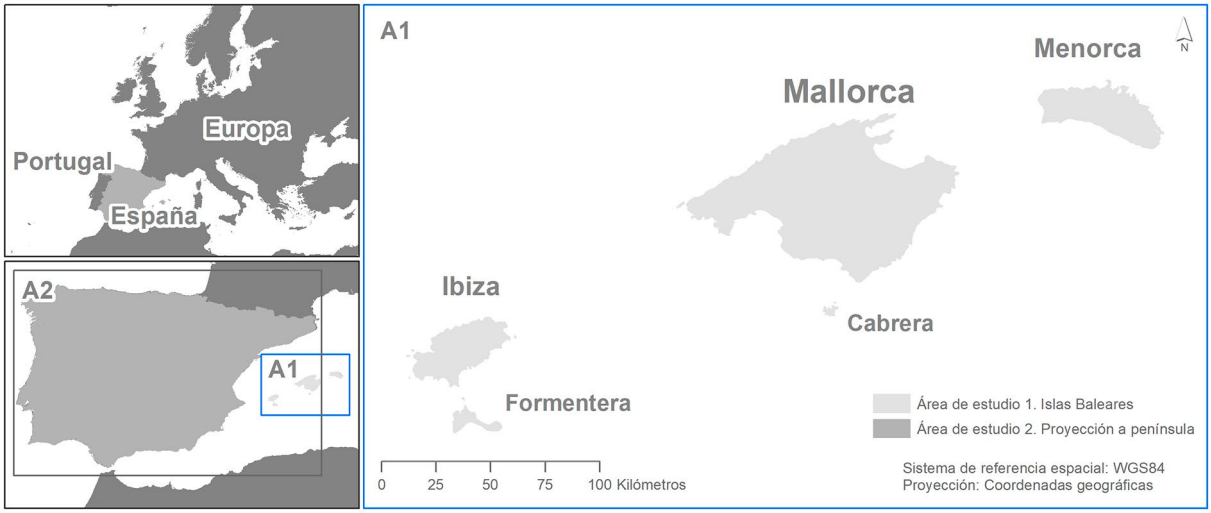
De modo que el objetivo específico del trabajo es:

1. Estudiar los patrones de distribución espacial de la incidencia de *Xylella fastidiosa* en Islas Baleares.
2. Generar modelos de distribución potencial basados en registros de presencia incompletos localizados en Islas Baleares a través de modelos máxima entropía siguiendo una triple aproximación:
   a. M1. Islas Baleares como área de calibración del modelo.
   b. M2. Islas Baleares y península ibérica como área de calibración.
   c. M3. Modelo de consenso basado en Superposición difusa de M1 y M2.

1.4. Área de estudio

Dividimos el área de estudio en dos partes (figura 3). Las Islas Baleares constituyen el área donde registramos la presencia de *Xylella fastidiosa* (A1). Es la región en la que se han estudiado los patrones espaciales de los registros de presencia (casos positivos de *X. fastidiosa*). Complementariamente, establecimos otra área de proyección y calibración (A2), la península ibérica, que es la región donde proyectamos los modelos basados en registros de presencia localizados en las Islas Baleares en el caso del modelo M1, pero que también empleamos como área de calibración en el caso del modelo M2, como se describe en los objetivos. Para evitar conflictos cartográficos relacionados con el sistema de referencia espacial, trabajamos conjuntamente (en A1 y A2) con el sistema de coordenadas geográficas WSG84, con la única salvedad de que, para el cálculo de superficies y mapas de densidades en el área de estudio principal (Islas Baleares), calculamos con datos proyectados en el sistema de referencia espacial ETRS89 Huso 31.

Figura 3. Área de estudio



Fuente: cartografía de referencia del Instituto Geográfico Nacional (IGN). Elaboración propia.

2. Material y métodos

2.1. Registros de presencia, patrones de densidad y estrategia de muestreo

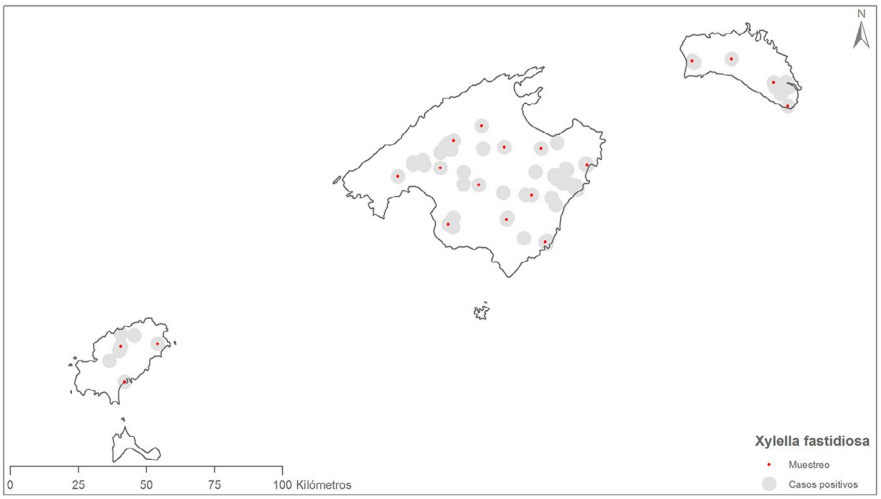
Utilizamos los registros de presencia de *Xylella fastidiosa* facilitados por la Sección de Sanidad Vegetal de la Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares. Los archivos originales registraban un conteo de casos positivos en cada localización. Convertimos los datos en registros de presencia binarios, y registramos sólo los casos positivos con el código "1". Graficamos los datos a través de un mapa de densidad de los registros de presencia basado en las densidades de Kernel en el que consideramos todos los casos positivos.

No usamos casos negativos (0) por diferentes motivos. En primer lugar, no tuvimos acceso a posibles negativos muestrales; en segundo lugar, no conocemos la naturaleza de la estrategia de muestreo llevada a cabo; en tercer lugar, aun contando con registros negativos y un muestreo sistemático, en el marco de los estadios iniciales de un proceso de invasión biológica, los registros de ausencia pueden estar influenciados por múltiples causas (ambientales, espacio-temporales, muestrales) (Lobo, Jiménez-Valverde y Hortal, 2010), y de ninguna manera pueden equipararse a los registros de presencia. Desde el punto de vista empírico, en el campo de la modelización de nichos ecológicos, es muy difícil justificar una relación de antagonismo entre presencias y ausencias de una especie invasora como variable respuesta influenciada por el medio abiótico, el medio biótico y el contexto biogeográfico. Por este motivo, sólo trabajamos con registros de presencia y una selección aleatoria de datos de fondo o background.

Sobre la base de los casos positivos de *Xylella fastidiosa* registrados por la Sección de Sanidad Vegetal de la Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares, realizamos un muestreo sistemático regular donde seleccionamos registros de presencia situados a una distancia mínima

de 10 Km para reducir los efectos de la autocorrelación espacial y los patrones de agregación de puntos (Boria, Olson, Goodman y Anderson, 2014) Este muestreo se utilizó para calibrar los modelos descritos en el apartado 3.4 (figura 4).

Figura 4. Diseño de muestreo



Fuente: casos positivos detectados por la Sección de Sanidad Vegetal. Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares. Elaboración propia.

2.2. Predictores del nicho bioclimático del patógeno

Diecinueve de las variables utilizadas fueron bioclimáticas, procedentes del repositorio Worldclim 2 (Fick y Hijmans, 2017). La resolución de los datos ambientales y territoriales fue de 30 segundos (0,93 x 0,93 km = 0,86 km^2 en el ecuador) acorde con el sistema de coordenadas geográficas WGS84 (tabla 1).

Tabla 1. Conjunto de variables bioclimáticas empleadas inicialmente

Cod	*Variable*
Bio1	Temperatura media anual
Bio2	Amplitud media diurna
Bio3	Isotermicidad (bio2/bio7) (* 100)
Bio4	Temperatura estacional (desviación estándar * 100)
Bio5	Temperatura máxima del mes más cálido
Bio6	Temperatura mínima del mes más frío
Bio7	Amplitud térmica anual (bio5-bio6)
Bio8	Temperatura media del trimestre más húmedo
Bio9	Temperatura media del trimestre más seco
Bio10	Temperatura media del trimestre más cálido
Bio11	Temperatura media del trimestre más frío
Bio12	Precipitación anual
Bio13	Precipitación del mes más lluvioso
Bio14	Precipitación del mes más seco
Bio15	Precipitación estacional (coeficiente de variación)
Bio16	Precipitación del trimestre más húmedo
Bio17	Precipitación del trimestre más seco
Bio18	Precipitación del trimestre más cálido
Bio19	Precipitación del trimestre más frío

Fuente: Wordlclim 2 (Fick y Hijmans, 2017). Elaboración propia.

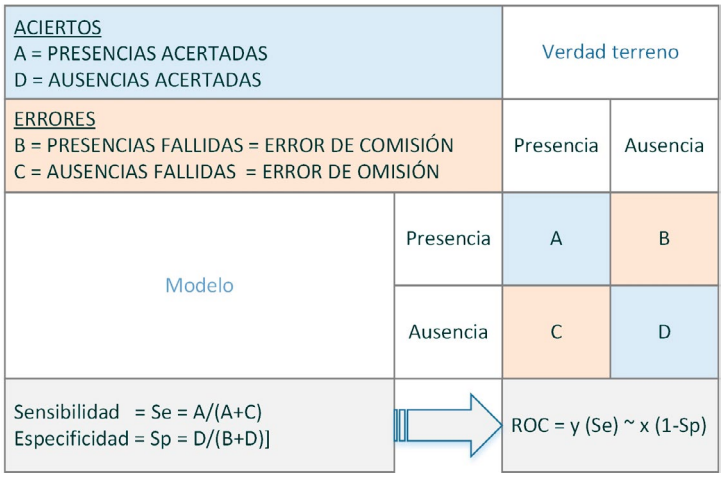
Como el uso de todas las variables bioclimáticas en los modelos estadísticos comportaría problemas de multicolinealidad debido que buena parte de las variables derivadas de temperatura y precipitación están correlacionadas entre sí, analizamos las correlaciones entre variables, agrupamos las variables más correlacionadas en familias y graficamos los resultados en un dendrograma. Definimos un umbral de corte (0,5), seleccionamos la variable no correlacionada automáticamente y, entre las agrupadas en el mismo clúster, siguiendo un criterio supervisado, elegimos la más adecuada.

2.3. Modelización predictiva del nicho bioclimático

Utilizamos un algoritmo (Maxent) procedente del campo de la inteligencia artificial que produce buenos resultados reconstruyendo señales degradadas o registros incompletos de información. En efecto, Maxent es un algoritmo que maximiza la entropía bajo las restricciones de los factores en busca de la distribución más uniforme posible, y resulta especialmente útil cuando se dispone de pocos registros de presencia (Phillips y Dudi, 2008). En nuestro análisis, empleamos la versión de Maxent 3.4.1 (Phillips, Anderson, Dudík, Schapire y Blair, 2016) con la siguiente configuración: Features: linear y quadratic, para reducir la complejidad del modelo; Output: Cloglog, una aproximación a la probabilidad de presencia: Regularization multiplier = 1.5, con el que suavizamos la predicción para producir un ligero sobreajuste. Desactivamos la opción "Clamping" y "Extrapolate". Generamos 25 réplicas del modelo, reservando un 30 % de los datos para evaluación, y en cada iteración se remuestrearon los datos mediante Bootstrapping. Los mapas con las predicciones de M1 y M2 se basaron en la media de las 25 réplicas.

Evaluamos la capacidad discriminante de los modelos con la matriz de confusión (figura 5), según la cual calculamos sensibilidad y especificidad (Fielding y Bell, 1997).

Figura 5. Matriz de confusión

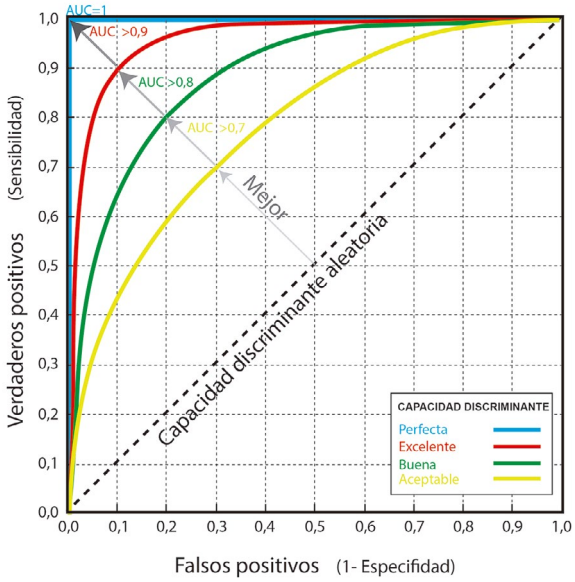


Elaboración propia.

Con estos parámetros trazamos la curva ROC (Receiver Operating Characteristic) y calculamos el Área Bajo la Curva (AUC, del inglés AREA Under the Curve) (figura 6).

Es importante aclarar que un modelo evaluado sólo con registros de presencia no calcula una verdadera especificidad, ni tampoco un verdadero AUC, porque para ello se requieren datos reales de ausencia. No obstante, esto no significa que el AUC sea inútil, sólo que tiene otro significado. Desafortunadamente, en muchos artículos científicos no se manifiesta con la suficiente claridad este matiz y se expone una interpretación errónea de la capacidad discriminante de los modelos. Un AUC calculado con presencias y ausencias reales indica la capacidad del modelo para discriminar una presencia sobre una ausencia. En nuestro caso, el AUC indicó la capacidad del modelo para discriminar una presencia de un valor aleatorio y su utilidad es relativa, en tanto que no podemos conocer su verdadera capacidad discriminante, pero sí una aproximación al grado de ajuste de cada modelo generado con las mismas variables. Ante las limitaciones para evaluar la capacidad discriminante de los modelos, calculamos la desviación estándar de las predicciones espaciales basada en la media de las 25 iteraciones réplicas de cada modelo (M1 y M2). Ello nos permitió conocer además una aproximación a la distribución espacial de la dispersión en las predicciones.

Figura 6. Curva ROC



Elaboración propia.

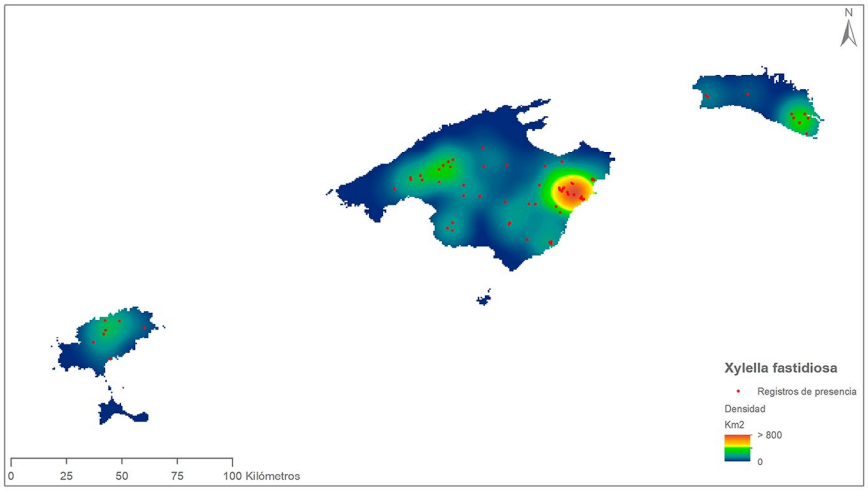
Finalmente, para producir el modelo de consenso M3 basado en conjuntos de pertinencia borrosa, realizamos una Suma difusa de los modelos M1 y M2. Suma difusa es una función creciente donde se considera que la combinación de múltiples evidencias es más importante que cualquiera de las dos evidencias por separado.

3. Resultados

3.1. Incidencia del patógeno en Islas Baleares

La mayor parte de los positivos se localizaron en la isla de Mallorca, concentrados entre Manacor, Sant Llorenç des Cardassar y Son Servera (figura 7). También destacó el entorno metropolitano de Palma de Mallorca hasta el municipio de Alaró. Las mayores densidades se produjeron en zonas agrícolas y residenciales próximas a las principales vías de comunicación: autovías y ferrocarril. Este patrón se repitió en la isla de Menorca, donde la mayor parte de los positivos se concentraron en Mahón y Ciudadela. En Ibiza, encontramos las mayores densidades en áreas agrícolas próximas a la carretera principal.

Figura 7. Densidad Kernel de *Xylella fastidiosa*



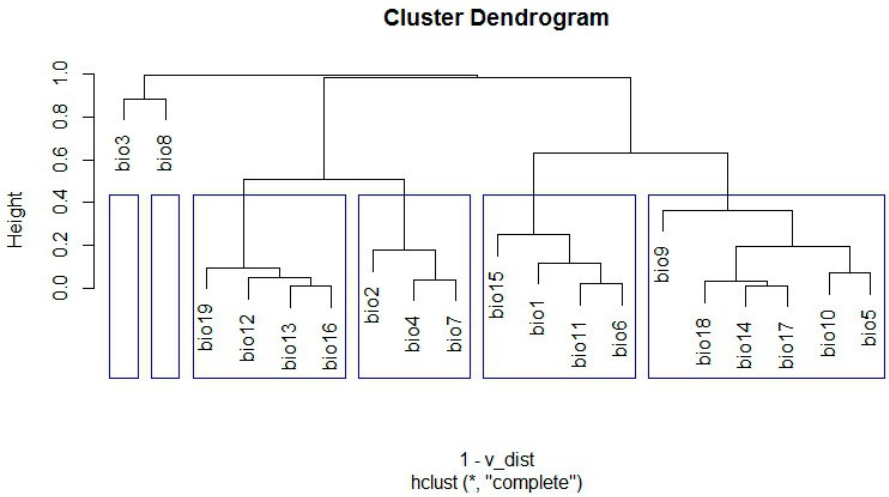
Elaboración propia.

Inferir una relación causal entre los patrones observados puede conducir a error, en tanto desconocemos la naturaleza de la estrategia de muestreo llevada a cabo por los técnicos de la Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares. Es posible que zonas agrícolas y residenciales más pobladas y accesibles comporten mayores movimientos de material biológico y una mayor dispersión de los vectores y colonización del patógeno sobre nuevo material vegetal. Pero no puede descartarse que los muestreos se hayan realizado, preferentemente, en esas zonas más accesibles.

3.2. Selección de los predictores del modelo

Detectamos una elevada multicolinealidad entre las variables bioclimáticas. El análisis clúster de correlaciones clasificó las variables en seis ramas (figura 8). Dos ramas estaban formadas por una variable cada una: Bio 3 (Isotermicidad) y Bio 8 (Temperatura media del trimestre más húmedo). El resto de ramas estuvieron formadas por varias variables muy correlacionadas. Entre estas, elegimos Bio 12 (Precipitación anual) en la rama de precipitaciones; Bio 2 (Amplitud media diurna) en la rama de amplitudes térmicas; Bio 6 (Temperatura mínima del mes más frío) y Bio5 (Temperatura máxima del mes más cálido) en ramas donde predominaron variables de temperatura, y en las que buscamos principalmente, valores extremos.

Figura 8. Dendrograma de variables bioclimáticas



Elaboración propia.

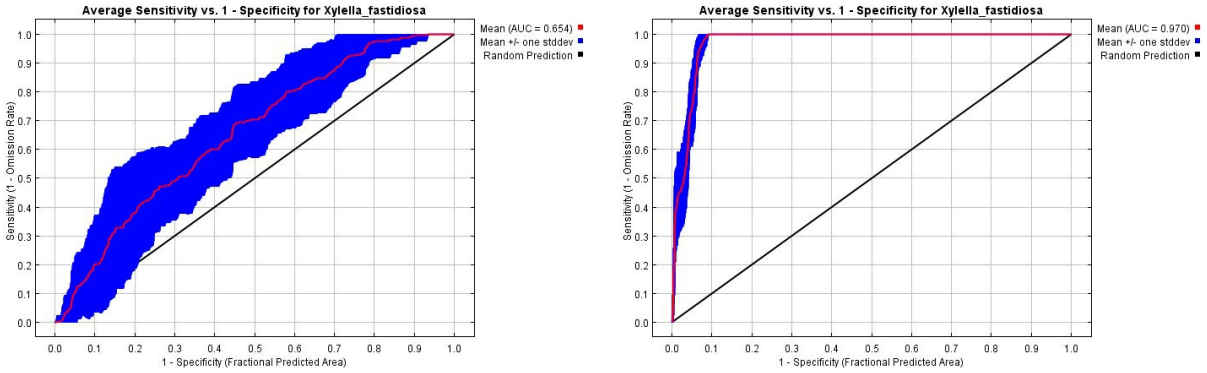
3.3. Aproximación al modelo de distribución potencial bioclimático del patógeno

El AUC promedio del modelo de consenso calibrado en Islas Baleares fue de 0,65 y el AUC del modelo de consenso calibrado en la península ibérica e Islas Baleares fue de 0,97. En la figura 9 se muestra la curva ROC de ambos modelos ensamblados con 25 réplicas con datos remuestreados aleatoriamente. De acuerdo con una intrerpretación general del AUC, el modelo calibrado con todos los datos en las Islas Baleares, mostró una capacidad discriminante que apenas rondó lo aceptable, umbral que se sitúa entorno a 0,7; por el contrario, el modelo calibrado con datos de presencia en Islas Baleares, pero con el Background y predictores del conjunto península ibérica e Islas Baleares, mostró valores propios de una capacidad discriminante excelente. Sin embargo, esto no es exactamente así.

Como describimos en el apartado de metodología, el AUC que hemos calculado para los datos empleados, sólo informa sobre la capacidad que tiene el modelo para discriminar una presencia de un dato aleatorio. Sigue siendo un parámetro útil, pero en su contexto.

Las oscilaciones que mostraron las diferentes réplicas del modelo calibrado sólo con datos de Islas Baleares y la consecuente inestabilidad del modelo, que además descubrió unos intervalos de confianza muy amplios y unos valores de AUC relativamente bajos, se debieron a que el área de calibración del modelo es muy reducida y, en conjunto, poco heterogénea en relación con las variables bioclimáticas empleadas. Todo se complica aún más cuando estamos considerando una especie invasora que acaba de irrumpir en el archipiélago de la cual no tenemos un inventario lo suficientemente exhaustivo.

Figura 9. Curva ROC basada en las 25 réplicas con datos remuestreados aleatoriamente de los modelos M1 (izquierda) y M2 (derecha)



Elaboración propia.

Por el contrario, el buen ajuste del modelo calibrado para el conjunto de la península ibérica e Islas Baleares se debió a que empleamos un área de estudio excesivamente grande de acuerdo con el rango bioclimático en el que se movieron los registros de presencia emergentes en un contexto de desequilibrio propio del proceso invasivo. Desde el punto de vista de la operativa de Maxent, esto supone una mayor presencia de datos de fondo o background que extraen información sobre áreas bioclimáticas muy diferentes de las encontradas en los registros de presencia en Islas Baleares, por lo que consecuentemente, el modelo tendió a discriminar mejor una presencia, en nuestro caso sólo disponible en un reducido espacio relativamente homogéneo desde el punto de vista bioclimático, de un dato aleatorio, disperso en un área de calibración muy grande que incluye sólo una reducida porción de áreas litorales con características bioclimáticas similares a las del archipiélago balear y una gran superficie peninsular con características bioclimáticas muy diferentes. Sin embargo, insistimos en el hecho de que estamos trabajando con una especie invasora de la cual no conocemos cuál sería el límite de su rango bioclimático considerando sólo los datos empleados. Cabe destacar que el modelo, aunque aparentemente muy ajustado, fue menos preciso calibrando la especificidad.

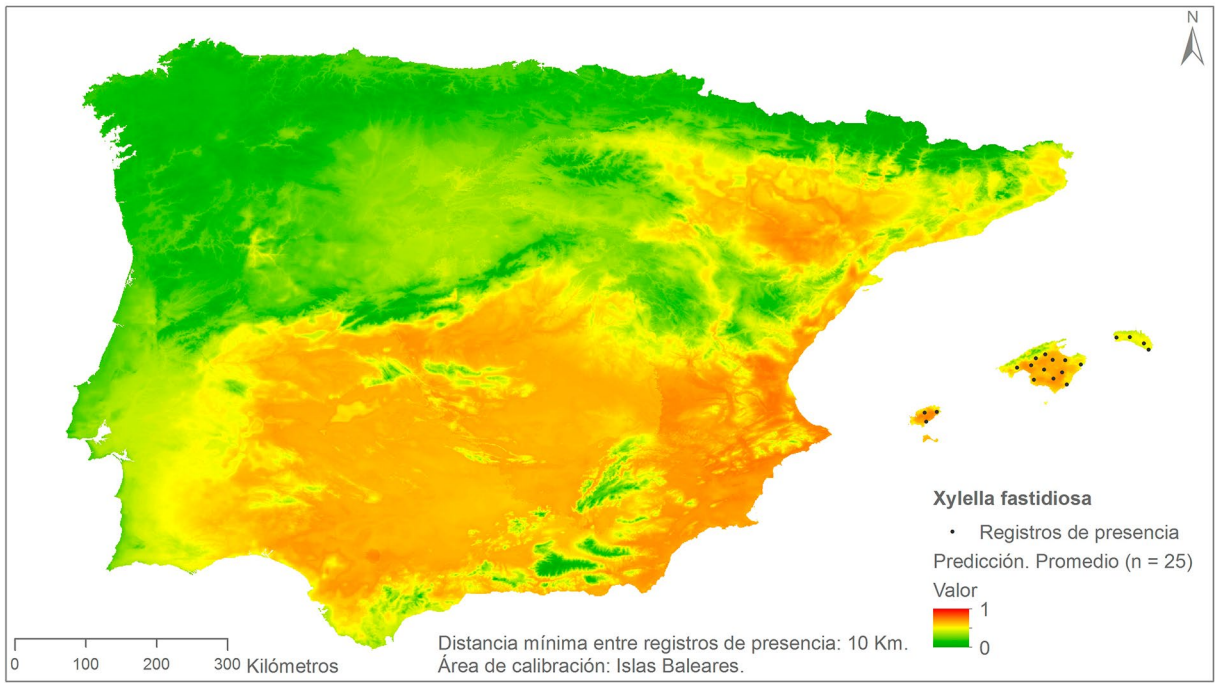
Estas diferencias en el grado de ajuste de los modelos en relación con los datos empleados, evidentemente tuvieron su correspondencia en una desigual distribución geográfica de las predicciones espaciales de nuestros modelos (figura 10). De este modo, el modelo calibrado sólo con datos de Islas Baleares proyectó un área de distribución potencial muy amplia para el conjunto de la península, pero con unos valores de idoneidad medios. Por el contrario, el modelo calibrado con datos de Islas Baleares y península ibérica, proyectó una distribución potencial ceñida a los espacios litorales con valores de idoneidad del patógeno muy elevados en estos espacios.

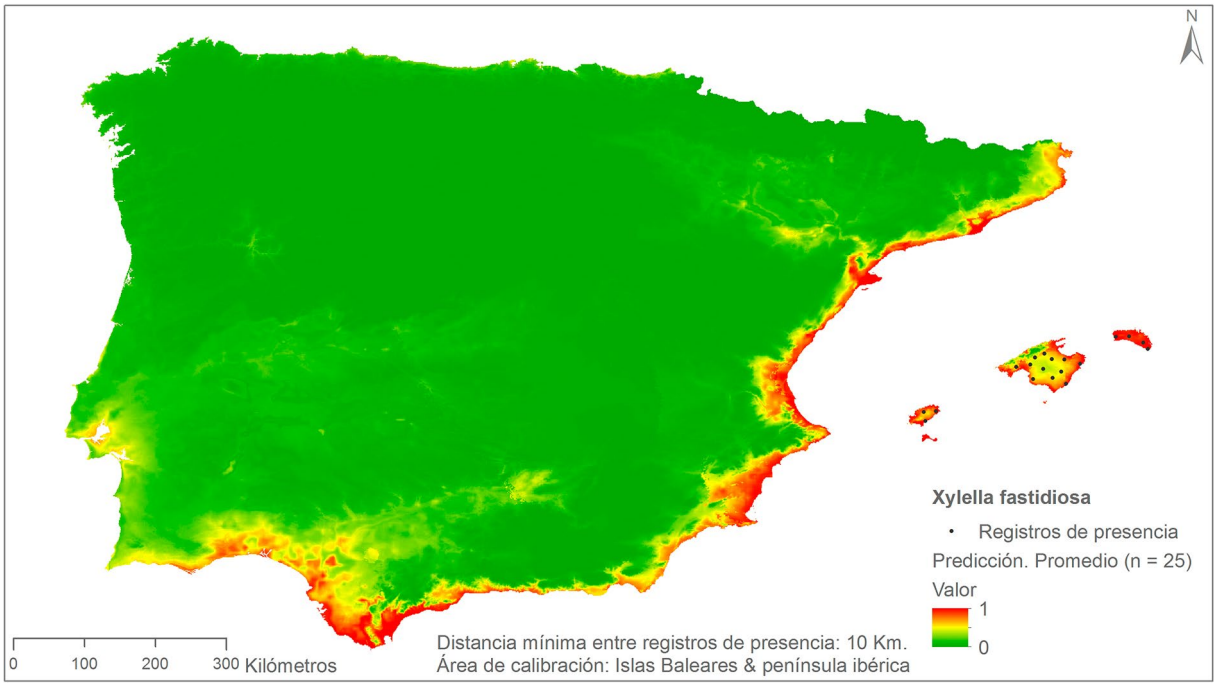
Como los modelos estuvieron basados en 25 réplicas de datos remuestreados aleatoriamente, pudimos calcular la desviación estándar de las predicciones espaciales (figura 11). Un modelo más inestable como el M1 proyectó espacialmente unas desviaciones mayores, todo lo contrario que el modelo M1, más ajustado desde el punto de vista de la calibración.

Así, encontramos notables diferencias entre ambos modelos y sus propias réplicas. Pero también semejanzas, es decir, un patrón. La principal semejanza: los valores de idoneidad más elevados se dieron en los espacios litorales.

En la búsqueda de un mapa más útil desde el punto de vista operativo, pero basado en datos empíricos, ensamblamos los modelos M1 y M2 de acuerdo a una Superposición difusa basada en una función creciente (figura 12). Este mapa constituye una solución de compromiso que indirectamente maximiza la sensibilidad del modelo. La idea es que, para la modelización del riesgo de invasión biológica, de acuerdo con el principio de precaución, resultan más significativos los valores máximos que describen el rango potencial de un organismo invasor que los valores medios.

Figura 10. Predicción espacial del modelo M1 (arriba) y M2 (abajo)



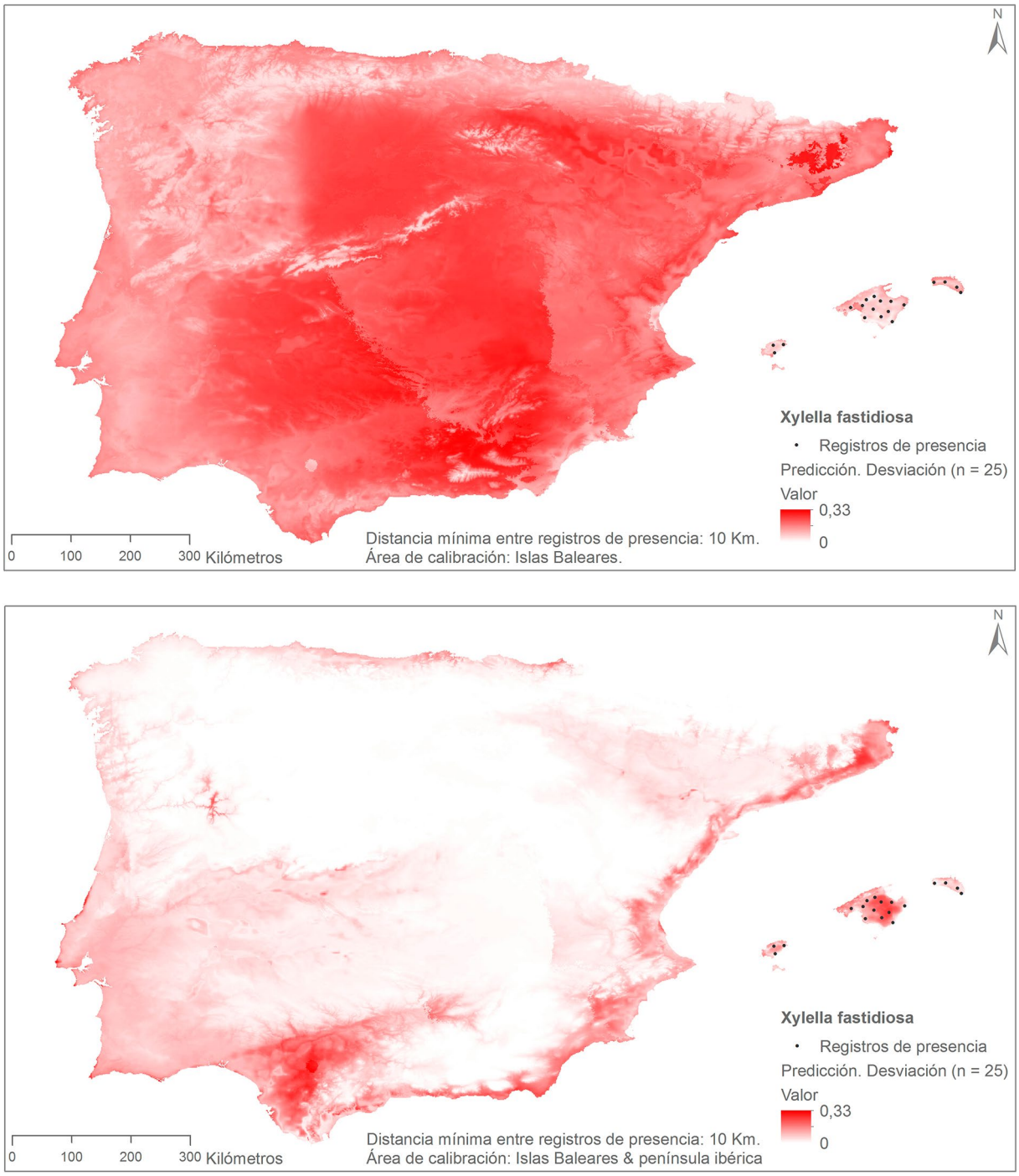


Elaboración propia.

De acuerdo con nuestro modelo de consenso (M3), las áreas litorales del sur de la península, desde Faro hasta Gerona, serían las más favorables para el establecimiento de *Xylella fastidiosa*. Esta alta favorabilidad bioclimática penetraría por el interior de los principales valles intramontañosos del litoral, alcanzando zonas muy alejadas de la costa en el interior de la Depresión del Guadalquivir y Bajo Ebro. Las variables explicativas o predictores más influyentes fueron los relacionados con las temperaturas, especialmente Bio 6 (Temperatura mínima del mes más frío). En menor medida, destaca la contribución de Bio 12 (Precipitación anual), aunque en este caso consideramos que no se trata de un factor limitante,

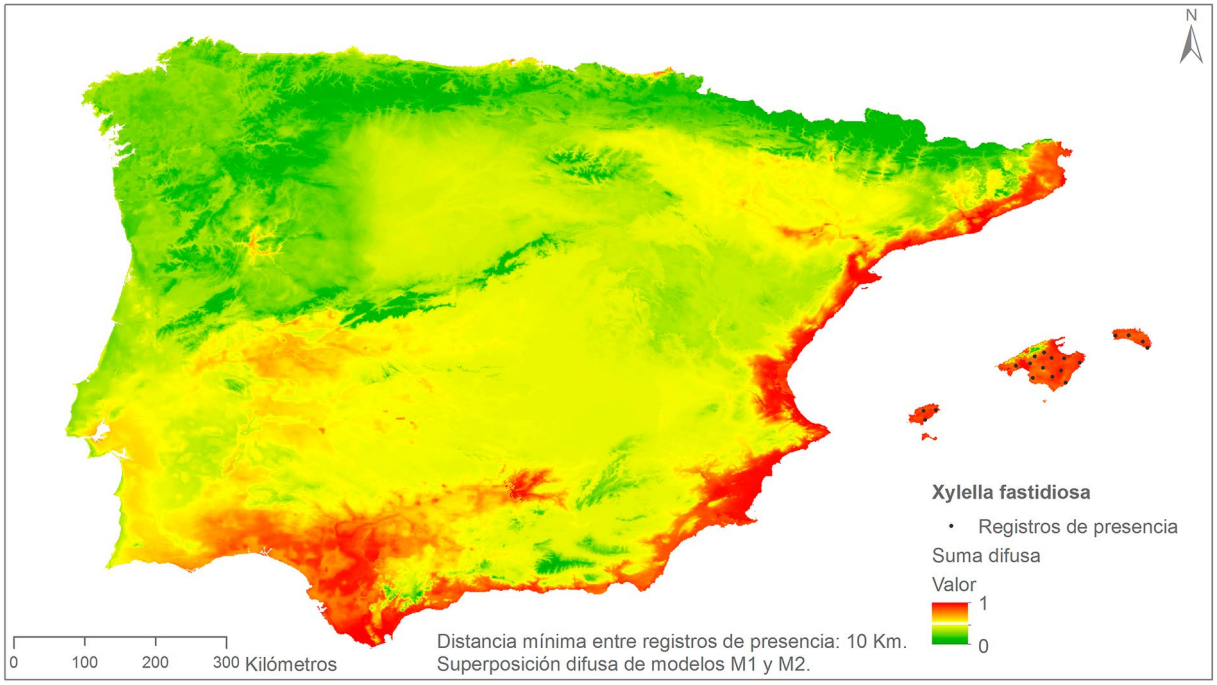
sino más bien una servidumbre del modelo con respecto a las limitaciones de los datos empleados. *Xylella fastidiosa* encontraría en amplias zonas del interior de la península áreas con favorabilidad intermedia. Esta favorabilidad estaría más o menos limitada por la tendencia futura de las temperaturas mínimas. En este sentido, el litoral cantábrico no está ni estaría exento de una posible incidencia de *X. fastidiosa*, valorando además que se encuentra dentro de la envolvente geométrica de la distribución mundial del patógeno, y se han detectado presencias en zonas más septentrionales y también pluviosas de Europa y Norteamérica.

Figura 11. Desviación estándar en M1 (Arriba) y M2 (Abajo)



Elaboración propia.

Figura 12. Superposición borrosa de M1 y M2 basada en la función Suma difusa



Elaboración propia.

4. Discusión

La modelización del nicho ecológico de las especies invasoras supone un auténtico desafío metodológico en tanto que estos organismos están fuera del equilibrio que se le presupone en el rango nativo de su distribución geográfica, y la dificultad es mayor cuando se pretende modelizar la distribución potencial y desarrollar modelos basados exclusivamente en datos procedentes de los estadios iniciales de una invasión biológica en un lugar determinado (Václavík y Meentemeyer, 2012).

No cabe duda de que los mapas de densidad son útiles y facilitan una primera aproximación para abordar la incidencia del fenómeno a escala local. Además, estos mapas pueden nutrir las primeras hipótesis acerca de las causas de los patrones de distribución observados, con todas precauciones posibles cuando se desconoce el diseño de muestreo. Sin embargo, el análisis de la densidad de un fenómeno local no es suficiente para generalizar los resultados más allá del rango local e intentar predecir hasta dónde puede llegar un organismo, para lo cual un modelo estadístico de nicho ecológico resulta, en principio, más apropiado (Gallien, Münkemüller, Albert, Boulangeat y Thuiller, 2010).

En efecto, la inferencia estadística aporta una base para generalizar y proyectar los resultados más allá del área en la que calibramos los modelos (Peterson *et al.*, 2011). En nuestro caso nos basamos en un conjunto de datos acerca de la presencia de un organismo invasor recientemente localizado en un área muy reducida con el objetivo de proyectar su distribución potencial en el conjunto de la península ibérica. Muchos trabajos operan en esta dirección, pero conviene establecer claramente los conceptos y las limitaciones de unos modelos que a menudo distan mucho de ser infalibles (Jiménez-Valverde, Lobo y Hortal, 2008).

En un artículo recientemente publicado (Bosso, Russo, Di Febbraro, Cristinzio y Zoina, 2016), los autores calibraron un modelo de máxima entropía con registros de presencia localizados en la región italiana de Apulia y predicciones proyectadas hacia el conjunto de Italia, y obtuvieron un AUC del 0.971. En otro artículo, los mismos autores hicieron lo propio proyectando las predicciones para el conjunto de la Cuenca Mediterránea (Bosso, Di Febbraro, Cristinzio, Zoina y Russo, 2016). En parte, estamos ante un caso similar al que describimos para nuestros modelos. Sin embargo, diferimos en el modo en el que interpretamos los datos y formulamos las conclusiones. Por otra parte, nosotros trabajamos con una triple aproximación para evidenciar la naturaleza de las diferencias de acuerdo con los datos empleados. En su

artículo, estos autores hablan de una "excelente capacidad predictiva de los modelos" y una "fuerte validación estadística de los modelos". El AUC o el TSS son métricas que se emplean para medir la capacidad discriminante de los modelos. Cuando se evalúa la capacidad discriminante de un modelo, no se trata de buscar el valor más elevado, porque es relativamente sencillo encontrarlo, basta con ampliar el área de estudio; sino de justificar cómo se ha hecho y para qué se ha obtenido. Por otra parte, las métricas discriminantes quizás no sean las más adecuadas para trabajar con registros incompletos de especies invasoras en el nuevo rango de invasión cuando estas se encuentran en los estadios iniciales. Esta fue una de las razones por las que trabajamos con diferentes áreas de calibración de los modelos. No hay que olvidar que Maxent es un algoritmo que no sólo opera con registros de presencia, sino además con datos de fondo (background) en todo el área de calibración, por lo que es sensible al tamaño y configuración del área de estudio (Elith *et al.*, 2011). Como también son obsecuentes con respecto a la misma, las métricas discriminantes. Finalmente, no podemos ponderar de la misma manera sensibilidad y especificidad cuando tratamos de discriminar el nicho ecológico fundamental de un organismo invasor en sus estadios iniciales, porque desconocemos hasta qué punto las presencias están ofreciendo una señal más o menos incompleta del rango ecológico potencial, y tenemos más incertidumbre si cabe sobre las ausencias.

A menudo se emplea el término validación con un uso que no es el estrictamente correcto, porque es imposible validar integralmente el modelo numérico de un sistema natural (Oreskes, Shrader-Frechette y Belitz, 1994). Los modelos son siempre aproximaciones y su valor es eminentemente heurístico. Siguiendo a Oreskes (2010), abogamos por el uso de la expresión "evaluación de modelos", porque, a diferencia de la lógica del lenguaje implícita en el concepto de validación, que cierra el debate en torno a la incertidumbre, la discusión científica debe estar abierta hacia el campo de la medición y predicción sistemática del error.

En el campo de la modelización de nichos ecológicos, conviene que el extent o área de calibración de los modelos esté plenamente justificada (Barve *et a*l., 2011). Como hemos puesto de manifiesto, se producen importantes diferencias cuando calibramos los modelos con diferente tamaño y configuración del área de calibración. Estas diferencias afectan decisivamente tanto al modo en que debemos interpretar la evaluación de los modelos —en este caso, con métricas discriminantes— como a la propia proyección espacial de los mismos.

Otro aspecto que hemos abordado en nuestro trabajo, es la diferente proyección de la distribución potencial cuando los datos han sido calibrados en diferentes conjuntos de calibración. Cuando calibramos los modelos en un lugar y proyectamos en otro, como hicimos en el modelo M1, debemos considerar hasta qué punto podemos confiar en la extrapolación y el ajuste de las curvas de respuesta. En nuestro caso, como se expone en el apartado de metodología, desactivamos las opciones "Extrapolate" y "Clamping" porque no tenemos evidencias lo suficientemente consistentes como para confiar en la extrapolación y el ajuste de las curvas de respuesta. En este sentido, consideramos necesario que se informe sobre la configuración de los parámetros de los algoritmos para evitar las cajas negras (Morales, Fernández y Baca-González, 2017). Los parámetros "default" de Maxent tienen a producir un modelo muy complejo y sobreajustado (Merow, Smith y Silander, 2013), un aspecto que no tanto interesa cuando tratamos de conocer el rango potencial de un organismo invasor donde debemos ponderar más la sensibilidad que la especificidad (Anderson, 2003). Hemos trabajado con el algoritmo más popular en el campo de la modelización de nichos ecológicos, Maxent, un algortimo que resulta especialmente útil cuando se tiene pocos registros de presencia, una cualidad que no debería hacernos renunciar a una correción del sesgo de muestreo (Fourcade, Engler, Rödder y Secondi, 2014). Por otra parte, existen diferentes algoritmos que funcionan con distintos datos de entrada y cuyas predicciones debemos considerar valorando las posibilidades de un modelo de consenso (Zhu y Peterson, 2017). Conscientes de las limitaciones de nuestros modelos, desarrollamos un ensamblaje ponderando mediante una función de Suma difusa en el marco de las operaciones de superposición borrosa.

Algunos autores recomiendan trabajar con el más amplio conjunto de datos disponible sobre la especie invasora, tanto en el rango nativo de su distribución como en el área dónde aparece como organismo invasor (Jiménez-Valverde *et al.*, 2011). El problema es que no siempre están disponibles esos datos y en muchos casos las administraciones públicas no facilitan el acceso a los mismos, lo que difulta el desarrollo de trabajo cuando éste resulta más necesario, esto es, antes de que una potencial especie invasora haya producido un daño irreparable.

5. Conclusiones

Xylella fastidiosa se encuentra ampliamente distribuida en las Islas Baleares. Nuestros mapas de densidad proyectaron varios focos de concentración del patógeno. A través de los modelos de distribución proyectados hacia la península ibérica, detectamos un gran potencial bioclimático en la misma para el establecimiento de *Xylella fastidiosa*, especialmente en las áreas litorales, desde la costa de Faro hasta la de Gerona, penetrando en amplias zonas del interior en la Depresión del Guadalquivir, Bajo Ebro y Extremadura, y ya con valores intermedios en zonas interiores más continentalizadas. En general, encontramos zonas más favorables para el patógeno allí donde las temperaturas mínimas fueron más suaves, hecho que pone de manifiesto que un posible aumento de la temperatura redundaría en una mayor distribución potencial del patógeno en la península ibérica.

Los resultados obtenidos son Maxent difieren según el área de calibración y proyección de los modelos, pero son complementarios. El modelo de consenso basado en conjuntos de pertinencia borrosa parece una solución de compromiso equilibrada. La dispersión del patógeno avanza en esta dirección. *Xylella fastidiosa* ya se encuentra ampliamente distribuido en las Islas Baleares y su reciente aparición en las comarcas alicantinas de la Marina Baja y Montaña de Alicante vendría a confirmar el patrón observado hasta el momento. El patógeno requiere unas condiciones bioclimáticas para prosperar, más allá de los factores que intervienen en los procesos de dispersión.

La dispersión del patógeno en la península ibérica tendría un impacto muy negativo sobre el conjunto de componentes de los agrosistemas. Buena parte de la superficie agrícola en el interior de la península está dominada por unos cuántos monocultivos, entre los que se encuentran especies hospedantes y muy vulnerables a *Xylella fastidiosa*, como el olivo, la vid o el almendro. Recientemente, *Xylella fastidiosa* ha sido detectado en cerezos, también en Mallorca (Olmo *et al.*, 2017) Los procesos de decaimiento observados en los agrosistemas de otras regiones se han producido en cortos periodo de tiempo, y de producirse de la misma manera en la península ibérica, se potenciaría el impacto del patógeno sobre la economía y la población de los espacios rurales. Pero el impacto puede ir más allá de los agrosistemas, pues *Xylella fastidiosa* se ha detectado en especies del género *Quercus*, como la encina y el alcornoque, que constituyen el pilar básico de la dehesa y el monte mediterráneo.

No cabe duda de que un buen seguimiento de la dispersión de *Xylella fastidiosa* y una completa monitorización del estado fitosanitario serán factores claves en la gestión de la problemática. Llamamos la atención acerca de la utilidad que tiene la difusión de los datos sobre la localización de los casos positivos (y negativos) de *Xylella fastidiosa*. La propia Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA) difunde una base de datos donde se integran parte de los registros de presencia. En Italia, el gobierno regional de Apulia ha desarrollado un activo observatorio fitosanitario sobre *Xilella fastidiosa* donde se comparte todo tipo de información sobre la bacteria fitopatógena y su impacto en los cultivos de la región, incluidos datos georreferenciados. La Consejería de Agricultura, Medio Ambiente, Cambio Climático y Desarrollo Rural de la Generalitat Valenciana, través del Diario Oficial, está publicando datos georreferenciados sobre la aparición de nuevos brotes de *Xylella fastidiosa*. Todo ello evidencia la utilidad de la información espacial y sitúa a la geografía (y la Geografía, como disciplina) en el centro de la escena entorno a la problemática de los procesos de contagio espacial en el contexto de la gestión de los riesgos biológicos. Los modelos predictivos pueden resultar de gran utilidad en labores de gestión y planificación de las estrategias de control y prevención de los organismos invasores.

Trabajos futuros deberían estar enfocados hacia una mejora del esfuerzo de muestreo y en la comparativa de los resultados obtenidos en diferentes áreas de estudio relativamente próximas a escala regional (clima zonal), para conseguir una mayor precisión, exactitud y consistencia de los modelos. Conjuntamente, la generalización de los resultados sería más coherente si se trabajara a escala global calibrando los modelos con el conjunto de datos más amplio posible. Calibrado un buen modelo de distribución potencial del patógeno, sería el momento de implementar nuevas variables relacionadas con los motores (o drivers) que participan en la diáspora de los organismos invasores con el objeto de producir modelos con una mayor capacidad para explicar tanto el nicho ecológico fundamental de un organismo invasor como los drivers que promueven su dispersión. En este sentido, también sería necesario conocer el nicho ecológico fundamental y los patrones de dispersión de los organismos vectores que dispersan *Xylella fastidiosa*, en tanto que estos podrían facilitar una rápida propagación del patógeno en la península ibérica (Lopes, Landa y Fereres, 2014).

Agradecimientos

Agradecemos a la Sección de Sanidad Vegetal. Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca del Gobierno de las Islas Baleares, por facilitar los datos sobre distribución del patógeno.

Referencias

Almeida, R. P. P. (2013). *Xylella fastidiosa. Manual of Security Sensitive Microbes and Toxins*, 841-850.

Almeida, R. P. P., & Purcell, A. H. (2003). Biological Traits of Xylella fastidiosa Strains from Grapes and Almonds. *Applied and Environmental Microbiology*, *69*(12), 7447-7452. https://doi.org/10.1128/AEM.69.12.7447-7452.2003

Anderson, R. P. (2003). Real vs. artefactual absences in species distributions: tests for Oryzomys albigularis (Rodentia: Muridae) in Venezuela. *Journal of Biogeography*, *30*(4), 591-605. https://doi.org/10.1046/j.1365-2699.2003.00867.x

Araújo, W. L., Marcon, J., Maccheroni, W., Van Elsas, J. D., Van Vuurde, J. W. L., & Azevedo, J. L. (2002). Diversity of endophytic bacterial populations and their interaction with Xylella fastidiosa in citrus plants. *Applied and Environmental Microbiology*, *68*(10), 4906-4914. https://doi.org/10.1128/AEM.68.10.4906-4914.2002

Arribas, I., Pérez, F., & Tortosa-Ausina, E. (2009). Measuring Globalization of International Trade: Theory and Evidence. *World Development*, *37*(1), 127-145. https://doi.org/10.1016/j.worlddev.2008.03.009

Banks, N. C., Paini, D. R., Bayliss, K. L., & Hodda, M. (2015). The role of global trade and transport network topology in the human-mediated dispersal of alien species. *Ecology Letters*. https://doi.org/10.1111/ele.12397

Barve, N., Barve, V., Jiménez-Valverde, A., Lira-Noriega, A., Maher, S. P., Peterson, A. T., … Villalobos, F. (2011). The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling*, *222*(11), 1810-1819. https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2011.02.011

Boria, R. A., Olson, L. E., Goodman, S. M., & Anderson, R. P. (2014). Spatial filtering to reduce sampling bias can improve the performance of ecological niche models. *Ecological Modelling*, *275*, 73-77. https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2013.12.012

Bosso, L., Di Febbraro, M., Cristinzio, G., Zoina, A., & Russo, D. (2016). Shedding light on the effects of climate change on the potential distribution of Xylella fastidiosa in the Mediterranean basin. *Biological Invasions*, *18*(6), 1759-1768. https://doi.org/10.1007/s10530-016-1118-1

Bosso, L., Russo, D., Di Febbraro, M., Cristinzio, G., & Zoina, A. (2016). Potential distribution of Xylella fastidiosa in Italy: a maximum entropy model. *Phytopathologia Mediterranea*, *55*(1), 62-72. http://dx.doi.org/10.14601/Phytopathol_Mediterr-16429

Capinha, C., Essl, F., Seebens, H., Moser, D., & Pereira, H. M. (2015). The dispersal of alien species redefines biogeography in the Anthropocene. *Science*, *348*(6240), 1248-1251. https://doi.org/10.1126/science.aaa8913

Carlucci, A., Lops, F., Marchi, G., Mugnai, L., & Surico, G. (2013). Has Xylella fastidiosa "chosen" olive trees to establish in the mediterranean basin? *Phytopathologia Mediterranea*, *52*(3), 541-544. http://dx.doi.org/10.14601/Phytopathol_Mediterr-13623

Casties, I., Seebens, H., & Briski, E. (2016). Importance of geographic origin for invasion success: A case study of the North and Baltic Seas versus the Great Lakes?St. Lawrence River region. *Ecology and Evolution*, *6*(22), 8318-8329. https://doi.org/10.1002/ece3.2528

Colautti, R. I., & MacIsaac, H. I. (2004). A neutral terminology to define "invasive" species. *Diversity and Distributions*, *10*(2), 135-141. https://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2004.00061.x

European Food Safety Authority (EFSA) (2016). Update of a database of host plants of Xylella fastidiosa: 20 November 2015. *EFSA Journal*, *14*(2). https://doi.org/10.2903/j.efsa.2016.4378

Elith, J., Phillips, S. J., Hastie, T., Dudík, M., Chee, Y. E., & Yates, C. J. (2011). A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Diversity and Distributions*, *17*, 43-57. https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x

Fick, S., & Hijmans, R. (2017). Worldclim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, *37*(12), 4302-4315. https://doi.org/10.1002/joc.5086

Fielding, A. H., & Bell, J. F. (1997). A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental Conservation*, *24*(1), 38-49. https://doi.org/10.1017/S0376892997000088

Fourcade, Y., Engler, J. O., Rödder, D., & Secondi, J. (2014). Mapping species distributions with MAXENT using a geographically biased sample of presence data: a performance assessment of methods for correcting sampling bias. *PloS One*, *9*(5). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097122

Gallien, L., Münkemüller, T., Albert, C. H., Boulangeat, I., & Thuiller, W. (2010). Predicting potential distributions of invasive species: where to go from here? *Diversity and Distributions*, *16*(3), 331-342. https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00652.x

Hopkins, D. L. (1989). Xylella Fastidiosa: Xylem-Limited Bacterial Pathogen of Plants. *Annual Review of Phytopathology*, *27*, 271-290. https://doi.org/10.1146/annurev.py.27.090189.001415

Instituto Geográfico Nacional (IGN). (2017). Información Geográfica de Referencia. Madrid: Centro Nacional de Información Geográfica, Instituto Geográfico Nacional, Ministerio de Fomento. Gobierno de España. Disponible en: http://centrodedescargas.cnig.es/

Janse, J. D., & Obradovic, A. (2010). Xylella fastidiosa: Its biology, diagnosis, control and risks. *Journal of Plant Pathology*. https://doi.org/10.4454/JPP.V92I1SUP.2504

Jiménez-Valverde, A., Lobo, J. M., & Hortal, J. (2008). Not as good as they seem: the importance of concepts in species distribution modelling. *Diversity and Distributions*, *14*(6), 885-890. https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2008.00496.x

Jiménez-Valverde, A., Peterson, A. T., Soberón, J., Overton, J. M., Aragón, P., & Lobo, J. M. (2011). Use of niche models in invasive species risk assessments. *Biological Invasions*, *13*(12), 2785-2797. https://doi.org/10.1007/s10530-011-9963-4

Larson, B. M. H., Kueffer, C., Brock, A., Edwards, P., Gross, M., Hall, M., … Wynne, B. (2013). Managing invasive species amidst high uncertainty and novelty. *Trends in Ecology and Evolution*, *28*(5), 255-256. https://doi.org/10.1016/j.tree.2013.01.013

Lobo, J. M., Jiménez-Valverde, A., & Hortal, J. (2010). The uncertain nature of absences and their importance in species distribution modelling. *Ecography*, *33*(1), 103-114. https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2009.06039.x

Loconsole, G., Potere, O., Boscia, D., Altamura, G., Djelouah, K., Elbeaino, T., … Saponari, M. (2014). Detection of Xylella fastidiosa in olive trees by molecular and serological methods. *Journal of Plant Pathology*. https://doi.org/10.4454/JPP.V96I1.041

Lopes, J. R. S., Landa, B. B., y Fereres, A. (2014). A survey of potential insect vectors of the plant pathogenic bacterium *Xylella fastidiosa* in three regions of Spain. Spanish Journal of Agricultural Research, 12(3), 795-800. https://doi.org/10.5424/sjar/2014123-5613

Mang, S. M., Frisullo, S., Elshafie, H. S., & Camele, I. (2016). Diversity evaluation of Xylella fastidiosa from infected olive trees in Apulia (Southern Italy). *Plant Pathology Journal*, *32*(2), 102-111. https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.08.2015.0153

Merow, C., Smith, M. J., & Silander, J. A. (2013). A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter. *Ecography*, *36*(10), 1058-1069. https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2013.07872.x

Montz, B. E., & Tobin, G. A. (2011). Natural hazards: An evolving tradition in applied geography. *Applied Geography*, *31*(1), 1-4. https://doi.org/10.1016/j.apgeog.2010.06.005

Morales, N. S., Fernández, I. C., & Baca-González, V. (2017). MaxEnt's parameter configuration and small samples: are we paying attention to recommendations? A systematic review. *PeerJ*, *5*, e3093. https://doi.org/10.7717/peerj.3093

Nunney, L., Ortiz, B., Russell, S. A., Sánchez, R. R., & Stouthamer, R. (2014). The complex biogeography of the plant pathogen xylella fastidiosa: Genetic evidence of introductions and subspecific introgression in central America. *PLoS ONE*. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112463

Olmo, D., Nieto, A., Adrover, F., Urbano, A., Beidas, O., Juan, A., Landa, B. B. (2017). First Detection of *Xylella fastidiosa* Infecting Cherry (*Prunus avium*) and Polygala myrtzfolia Plants, in Mallorca Island, Spain. Plan Disease, 101(10), 1820. https://doi.org/10.1094/PDIS-04-17-0590-PDN

Oreskes, N., Shrader-Frechette, K., & Belitz, K. (1994). Verification, Validation, and Confirmation of Numerical Models in the Earth Sciences. *Science*, *263*(5147), 641-646. https://doi.org/10.1126/science.263.5147.641

Oreskes, N. (2010). Evaluation (Not Validation) Models Quantitative. Environmental Health, 106, 1453-1460.

Peterson, A. T., Soberón, J., Pearson, R. G., Anderson, R. P., Martínez-Meyer, E., Nakamura, M., & Bastos Araujo, M. (2011). *Ecological niches and geographic distributions* (Vol. 49). Princeton, NJ: Princeton University Press.

Phillips, S. J., Anderson, R. P., Dudík, M., Schapire, R. E., & Blair, M. E. (2016). Opening the black box: an open-source release of Maxent. *Ecography*. https://doi.org/10.1111/ecog.02537

Phillips, S. J., & Dudi, M. (2008). Modeling of species distributions with Maxent : new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*, *31*, 161-175. https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2008.5203.x

Pimentel, D., Zuniga, R., & Morrison, D. (2005). Update on the environmental and economic costs associated with alien-invasive species in the United States. *Ecological Economics*. https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2004.10.002

Purcell, A. H. (1997). Xylella fastidiosa, a regional problem or global threat? *Journal of Plant Pathology*, *79*(2), 99-105.

Redak, R. A., Purcell, A. H., Lopes, J. R. S., Blua, M. J., Mizell III, R. F., & Andersen, P. C. (2004). The biology of xylem fluid-feeding insect vectors of Xylella fastidiosa and their relation to disease epidemiology. *Annual Review of Entomology*, *49*(1), 243-270. https://doi.org/10.1146/annurev.ento.49.061802.123403

Sección de Sanidad Vegetal (2017). *Xylella fastidiosa*. Mallorca: Sección de Sanidad Vegetal, Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca. Gobierno de las Islas Baleares, Disponible en: http://www.caib.es/sites/sanitatvegetal

Seebens, H., Blackburn, T. M., Dyer, E. E., Genovesi, P., Hulme, P. E., Jeschke, J. M., Essl, F. (2017a). No saturation in the accumulation of alien species worldwide. *Nature Communications*, *8*, 14435. https://doi.org/10.1038/ncomms14435

Seebens, H., Essl, F., y Blasius, B. (2017b). The intermediate distance hypothesis of biological invasions. Ecology Letters, 20(2), 158-165. https://doi.org/10.1111/ele.12715

Václavík, T., & Meentemeyer, R. K. (2012). Equilibrium or not? Modelling potential distribution of invasive species in different stages of invasion. *Diversity and Distributions*, *18*(1), 73-83. https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2011.00854.x

van Kleunen, M., Dawson, W., Essl, F., Pergl, J., Winter, M., Weber, E., … Pyšek, P. (2015). Global exchange and accumulation of non-native plants. *Nature*, *525*(7567), 100-103. https://doi.org/10.1038/nature14910

Vila, M., Espinar, J. L., Hejda, M., Hulme, P. E., Jarosik, V., Maron, J. L., … Pysek, P. (2011). Ecological impacts of invasive alien plants: A meta-analysis of their effects on species, communities and ecosystems. *Ecology Letters*, *14*(7), 702-708. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2011.01628.x

Waters, C. N., Zalasiewicz, J., Summerhayes, C., Barnosky, A. D., Poirier, C., Ga uszka, A., … Wolfe, A. P. (2016). The Anthropocene is functionally and stratigraphically distinct from the Holocene. *Science*, *351*(6269), 137-148. https://doi.org/10.1126/science.aad2622

Wells, J. M., Raju, B. C., Hung, H.-Y., Weisburg, W. G., Mandelco-Paul, L., & Brenner, D. J. (1987). *Xylella fastidiosa* gen. nov.: gram-negative, xylem-limited, fastidious plant bacteria related to *Xanthomonas* spp. *International Journal of Systematic Bacteriology*, *37*(2), 136-143. https://doi.org/10.1099/00207713-37-2-136

Zhu, G. P., & Peterson, A. T. (2017). Do consensus models outperform individual models? Transferability evaluations of diverse modeling approaches for an invasive moth. *Biological Invasions*, *19*(9), 2519-2532. https://doi.org/10.1007/s10530-017-1460-y