



HAL
open science

Evaluer le risque associé à des agents phytopathogènes émergents transmis par des insectes : le cas de *Xylella fastidiosa*

Jean-Pierre Rossi, Martin Godefroid, Christian Burban, Marguerite Chartois, Xavier Mesmin, Pauline Farigoule, Jean-Claude Streito, Astrid Cruaud, Jean Yves Rasplus

► To cite this version:

Jean-Pierre Rossi, Martin Godefroid, Christian Burban, Marguerite Chartois, Xavier Mesmin, et al.. Evaluer le risque associé à des agents phytopathogènes émergents transmis par des insectes : le cas de *Xylella fastidiosa*. Innovations Agronomiques, 2019, 77, pp.87-97. 10.15454/pfz7-k907 . hal-02623239

HAL Id: hal-02623239

<https://hal.inrae.fr/hal-02623239>

Submitted on 9 Jun 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Evaluer le risque associé à des agents phytopathogènes émergents transmis par des insectes : le cas de *Xylella fastidiosa*

Rossi J.-P.¹, Godefroid M.², Burban C.³, Chartois M.¹, Mesmin X.^{1,4}, Farigoule P.¹, Streito J.-C.¹, Cruaud A.¹, Rasplus J.-Y.¹

¹ CBGP, INRA, CIRAD, IRD, Montpellier SupAgro, Montpellier, France

² Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, ICA-CSIC, 28006 Madrid, Espagne

³ BIOGECO, INRA Univ Bordeaux, Pierroton, France

⁴ AGAP, INRA, CIRAD, Montpellier SupAgro, San Giuliano, France

Correspondance : jean-pierre.rossi@inra.fr

Résumé

Evaluer le risque que représente un bioagresseur est un élément primordial pour mettre en place des mesures d'épidémiosurveillance et de gestion appropriées. A travers le cas de *Xylella fastidiosa*, nous montrons que cette évaluation nécessite une bonne connaissance du bioagresseur et de ses vecteurs éventuels, des techniques de détection fiables et efficaces ainsi qu'une bonne maîtrise des outils de modélisation. La connaissance du contexte économique et environnemental est également importante. Lorsqu'une crise sanitaire liée à un nouveau bioagresseur survient, il est rare que l'on dispose de l'ensemble de ces informations or la rapidité est un élément déterminant d'une gestion efficace. L'évaluation et l'anticipation des risques phytosanitaires représentent ainsi des éléments clés de la stratégie de gestion des bioagresseurs des cultures et des forêts.

Mots-clés : Risque phytosanitaire, Insectes vecteurs, Invasion biologique, Surveillance vectorielle

Abstract: Evaluating the risk associated with emerging plant pathogens transmitted by insects: the case of *Xylella fastidiosa*

Assessing the risk associated to a pest is a key aspect of management. Using *Xylella fastidiosa* as an example, we show that risk evaluation requires a good knowledge of the pest biology and its potential vectors, reliable and efficient detection techniques as well as a good experience of modeling tools. Knowledge of the economic and environmental context is also an important aspect of the problem. When a new pest occurs, authorities rarely have this information. Yet, speed is a determining factor in effective management of phytosanitary crises. The assessment and anticipation of pest risks are therefore key elements of the management strategy for pests and diseases of crops and forests.

Keywords: Pest risk, Vector insects, Biological invasion, Vector surveillance

Introduction

Les écosystèmes agricoles et forestiers sont soumis à diverses menaces parmi lesquelles les aléas climatiques, sanitaires, environnementaux ou économiques sont particulièrement redoutés. La gestion de tels risques se heurte à leur caractère intrinsèquement incertain, imprévisible et irrégulier (Eldin et Millevielle, 1989). Les risques sont de nature différente suivant les systèmes de production et se distinguent par leur origine, leur fréquence, leur intensité, les moyens de prévention envisageables et

l'échelle à laquelle une action est réalisable (Eldin, 1989). Ces différents risques sont également en interaction, ce qui amplifie parfois leurs effets et complique leur anticipation.

Nous nous concentrons ci-après sur les risques biotiques, c'est-à-dire associés à des bioagresseurs (insectes, acariens, nématodes, plantes adventices, champignons, bactéries, virus etc.) dont l'activité a des conséquences dommageables aux plantes cultivées (Oerke, 2006). Ces bioagresseurs constituent un risque pour l'agriculture et les forêts mais aussi pour les zones non agricoles avec des dégâts possibles sur des plantes d'ornement. Certains d'entre eux ont parfois une incidence sur la santé humaine ou animale, comme les chenilles processionnaires (*Thaumetopoea spp.*) dont les soies urticantes peuvent être responsables d'irritations et d'inflammations.

Les bioagresseurs indigènes posent des problèmes chroniques avec des conséquences variables selon les conditions climatiques (par exemple les champignons des céréales du genre *Fusarium*), les pratiques culturales ou d'autres facteurs environnementaux. Certaines espèces deviennent préoccupantes à la faveur du changement climatique qui provoque leur expansion géographique (Battisti et Larsson, 2015). Des espèces exotiques sont parfois introduites dans de nouvelles régions (invasion biologique) où elles peuvent proliférer et provoquer d'importants problèmes. Ainsi, la punaise diabolique, *Halyomorpha halys*, originaire d'Asie, a envahi l'Amérique du Nord y provoquant d'immenses dégâts. Son arrivée récente en Europe pourrait poser d'importants problèmes notamment en arboriculture (Streito et al., 2014). Enfin, de nombreux agents pathogènes sont transmis aux plantes par des organismes vecteurs. La dynamique des systèmes plantes-vecteurs-phytopathogènes est particulièrement complexe lorsque pathogènes et vecteurs exploitent chacun un large spectre de végétaux hôtes. Dans tous les cas, l'espèce vectrice joue un rôle central dans le système et doit être étudiée finement pour comprendre la dynamique épidémiologique du pathogène.

Dans cet article nous précisons la notion de risque biologique en agriculture avec un focus particulier sur les agents phytopathogènes transmis par des insectes aux plantes. La bactérie endophyte *Xylella fastidiosa* et ses vecteurs ont été retenus comme illustration du système pathogène-vecteur et l'évaluation du risque associé car ils permettent d'aborder tous les thèmes évoqués : bioagresseurs, réchauffement climatique, invasion biologique, impacts. Nous discutons comment une meilleure connaissance des différents aspects du risque peuvent participer à une épidémiosurveillance améliorée.

1. Notion de risque

Chevassus-au-Louis (2007) définit le risque comme un phénomène non inéluctable ayant des effets considérés comme dommageables pour la société. Notons que la notion de dommage, et avec elle l'idée de risque, reposent ici sur une appréciation sociale de la situation. Le GIEC (Groupe International d'Experts sur le Climat) rejoint cette vision en définissant un risque comme la probabilité d'occurrence d'un événement dangereux croisée avec un terme d'impact. Il envisage la notion de risque comme résultante de l'interaction entre aléas, exposition et vulnérabilité du système considéré (IPCC, 2014). La Figure 1 illustre cette vision dans le cadre des risques liés aux bioagresseurs.

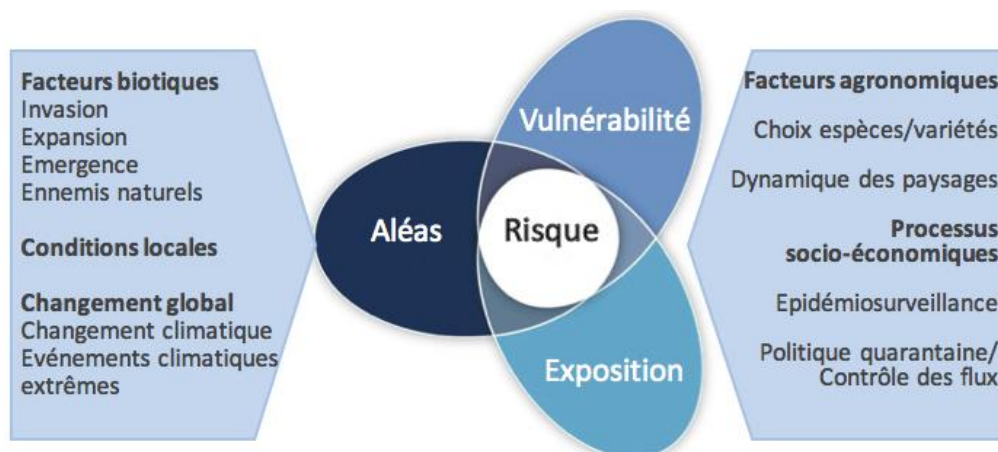


Figure 1 : Schéma conceptuel des risques biotiques (modifié d'après GIECC, 2014).

Ainsi, les principaux **aléas** concernent l'invasion, l'expansion et l'émergence d'organismes impactant les cultures, mais aussi les changements climatiques, y compris la survenue d'événements extrêmes, qui les modulent. Le terme d'**exposition** rend compte notamment de facteurs agronomiques, tels que le choix des espèces ou variétés cultivées, ainsi que de la dynamique des paysages qui y sont associés. Ainsi, l'exposition associée à un organisme ravageur augmente lorsque les surfaces cultivées sensibles à ce ravageur augmentent. Ces facteurs sont aussi importants pour la **vulnérabilité** du système dont les capacités de résilience dépendent de l'ensemble des conditions abiotiques et biotiques locales. Celles-ci se déclinent en termes de typologie stationnelle (qui affecte par exemple l'état physiologique des plantes et donc leur sensibilité face à des problèmes phytosanitaires), et de biodiversité (notamment par la présence d'organismes auxiliaires). Elles peuvent être fortement liées aux pratiques agronomiques en vigueur.

On constate que des **interactions multiples** affectent la quantification du risque : les aléas climatiques vont, par exemple, jouer un rôle direct sur l'émergence d'un ravageur, mais également modifier la vulnérabilité de la culture concernée en agissant sur son état physiologique, voire sur son exposition en modulant sa phénologie. Enfin, au-delà des pratiques agronomiques, les processus socio-économiques agissent sur tous les éléments modulant les risques liés aux bioagresseurs. L'importance économique d'une culture affecte directement le terme d'exposition et l'importance des échanges commerciaux peut potentiellement moduler la probabilité d'introduction de nouveaux ravageurs. L'épidémiosurveillance et le contrôle des flux ainsi que les politiques de quarantaine vont avoir un effet direct sur le risque. Au-delà de ces mesures préventives, l'efficacité des mesures curatives existantes ou l'effort de recherche consenti pour les améliorer vont également impacter le risque encouru.

2. La bactérie *Xylella fastidiosa*

2.1 Taxonomie, distribution, plantes hôtes et impacts phytosanitaires

Xylella fastidiosa (*Xf*) (Xanthomonadaceae) est une bactérie vivant dans le xylème des plantes. *Xf* peut se développer dans un grand nombre d'espèces végétales (près de 600 ligneuses ou herbacées appartenant à 82 familles ; EFSA, 2018) et causer de graves maladies sur certaines d'entre elles. *Xf* est par exemple l'agent de la maladie de Pierce qui touche les vignobles californiens depuis plus d'un siècle mais aussi de l'épidémie de chlorose panachée sur les *Citrus* au Brésil (Almeida et Nunney, 2015). *A contrario*, certaines plantes peuvent porter la bactérie sans montrer de symptômes. Six sous-espèces ont été identifiées grâce aux techniques de biologie moléculaire : *fastidiosa*, *morus*, *multiplex*, *pauca*, *sandyi* et *tashke*, mais seules *fastidiosa* et *multiplex* ont une validité formelle. Ces sous-espèces ont un spectre d'hôtes large et partiellement recouvrant. Originaire des Amériques, la présence de *Xf*

dans la région des Pouilles en Italie a été confirmée en 2013 (Saponari et al., 2013). En 2015, la bactérie était détectée en France, en Corse et en Provence-Alpes-Côte d'Azur. A ce jour, trois sous-espèces ont été détectées en Europe (Figure 2).

- *Xf multiplex* est la sous-espèce la plus fréquente en France (Corse, PACA). À l'échelle mondiale, elle se développe dans de nombreuses plantes dont le genre *Prunus*, les chênes, oliviers, érables, ormes, platanes, micocouliers ainsi que sur polygales à feuille de myrte ou lavandes (Nunney et al., 2013 ; EFSA, 2018).
- *Xf pauca* qui est connue sur différentes espèces du genre *Citrus* dont les orangers, se développe aussi sur caféiers et oliviers (Nunney et al., 2012 ; EFSA, 2018). Cette sous-espèce a ravagé les oliveraies des Pouilles en Italie à partir de 2013.
- *Xf fastidiosa* est responsable de la maladie de Pierce sur vigne et se rencontre également sur d'autres espèces dont l'amandier (EFSA, 2018). Elle a été détectée en Espagne en 2016 (Olmo et al., 2017).

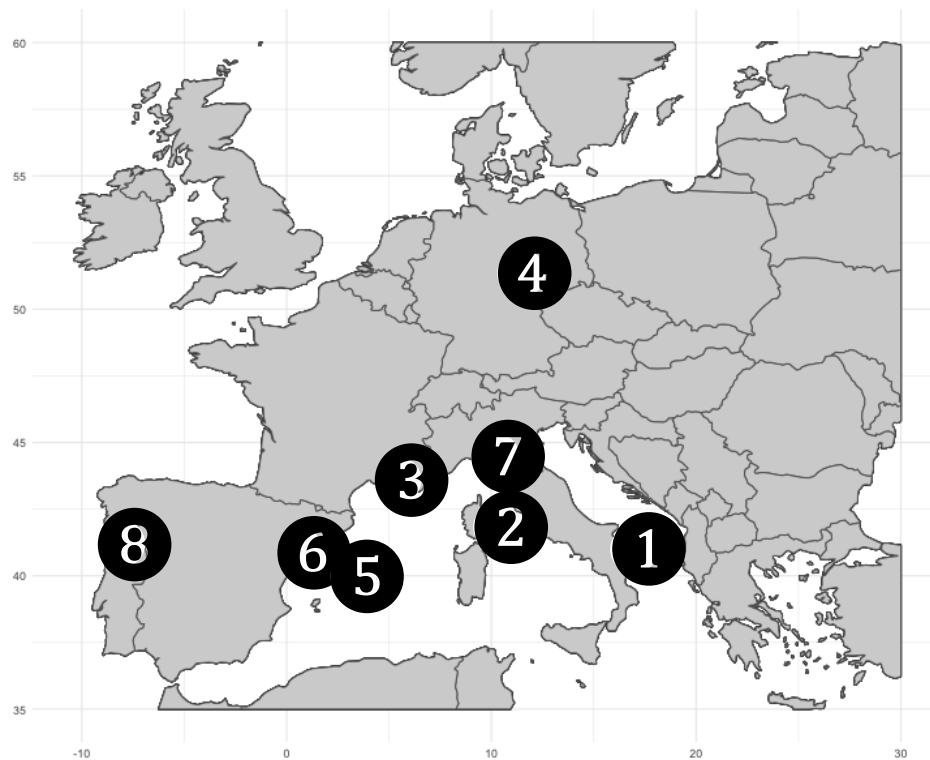


Figure 2 : Chronologie de la détection de *Xylella fastidiosa* en Europe depuis 2013. ① 2013 Italie (Pouilles) *Xf. pauca* ② 2015 France (Corse) *Xf. multiplex* ③ 2015 France (PACA) *Xf. multiplex* et *Xf. pauca* ④ 2016 Allemagne (Saxe) *Xf. fastidiosa* ⑤ 2016 Espagne (Iles Baléares) *Xf. Fastidiosa*, *Xf. multiplex* et *Xf. pauca* ⑥ 2017 Espagne (Alicante) *Xf. multiplex* ⑦ 2018 Italie (Toscane) *Xf. multiplex* ⑧ 2019 Portugal (Vila Nova de Gaia) *Xf. Multiplex*

2.2 Insectes vecteurs

La transmission de cette bactérie est assurée par des insectes vecteurs dotés de pièces buccales de type piqueur-suceur qui ingèrent la sève brute de leur plante hôte. *Xf* se multiplie dans la cavité buccale (cibarium) de l'insecte qui peut ensuite contaminer une nouvelle plante en s'alimentant. Les insectes vecteurs de *Xf* appartiennent à l'ordre des hémiptères et au sous-ordre des Auchenorrhynques. Il s'agit principalement de cicadelles (Cicadellidae), de cercopes (Aphrophoridae, Cercopidae, Clastopteridae) et de cigales (Cicadidae) (Figure 3). On estime qu'au moins 50 espèces sont concernées en France et

plus de 100 en Europe (Chauvel et al., 2015). Ces espèces sont mal connues et les données sur leur capacité de transmission de la bactérie sont quasi-inexistantes (Rasplus et al., 2016). *Philaenus spumarius* (le cercope des prés), *P. italosignus* et *Neophilaenus campestris* (Aphrophoridae) sont à ce jour les seuls vecteurs avérés de *Xf* en Europe (Saponari et al., 2014 ; Cavaliere et al., 2019). Il faut souligner ici qu'un insecte porteur de la bactérie n'est pas nécessairement un vecteur efficace.



Figure 3 : **A.** *Homalodisca vitripennis* Germar, 1821 (Cicadellidae), un des principaux vecteurs de *Xylella fastidiosa* en Amérique du Nord. **B.** *Graphocephala fennahi* Young, 1977 (Cicadellidae), le seul vecteur d'origine américaine introduit en Europe. **C.** Larve de *Philaenus spumarius* (Linnaeus, 1758) (Aphrophoridae) principal vecteur de *Xylella fastidiosa* en Europe. **D.** *P. spumarius* adulte. **E.** *Neophilaenus campestris* (Fallén, 1805) (Aphrophoridae) un autre vecteur avéré de *Xylella fastidiosa* en Europe. **F.** Nid d'écume contenant la larve de *P. spumarius* sur vigne encore appelé "crachat de coucou". Photographies : 1, J.-Y. Rasplus INRA ; 2-6, J.-C. Streito INRA.

2.3 Distribution géographique potentielle

L'une des questions centrales dans l'estimation du risque associé à un ravageur nouvellement détecté est d'évaluer sa distribution géographique potentielle c'est-à-dire les zones potentiellement colonisables. On réalise ces estimations en comparant les conditions climatiques dans l'aire native avec celles qui règnent dans la zone d'introduction. Ce travail peut être réalisé à l'aide de modèles de niche

écologique. Le lecteur trouvera un exposé synthétique de cette approche dans l'ouvrage de Guisan et al. (2017). Dans le cas de *Xylella fastidiosa*, nous avons étudié la distribution potentielle des trois sous-espèces détectées en Europe : *Xf fastidiosa*, *Xf multiplex* et *Xf pauca* (Godefroid et al., 2019). Différents modèles ont été construits et les résultats sont présentés sous la forme de cartes montrant la proportion de modèles indiquant des conditions climatiques favorables à la bactérie (Figure 4) (voir Godefroid et al. 2019 pour les détails). Les zones les plus favorables apparaissent en rouge sur les cartes. Il faut noter que des insectes vecteurs, notamment *Philaenus spumarius*, sont présents et communs partout en Europe (Cruaud et al., 2018). Ils ne constituent donc pas un facteur limitant pour l'expansion géographique de la bactérie. Dans le cas de *Xf pauca*, sous-espèce attaquant notamment les oliviers dans le sud de l'Italie, les conditions climatiques favorables se rencontrent sur le pourtour méditerranéen. Les cas de *Xf fastidiosa* et *Xf multiplex* sont différents. Ces sous-espèces pourraient se rencontrer dans des régions plus fraîches et sont prédites comme capables d'occuper de larges territoires européens et notamment une partie de la façade atlantique française. Actuellement, *Xf multiplex* a été officiellement détectée en Corse et dans la région PACA. *Xf fastidiosa* n'a jamais été officiellement détectée en France et les seuls cas avérés se rencontrent en Espagne (Gomila et al., 2018).

Xylella fastidiosa fastidiosa

Xylella fastidiosa multiplex

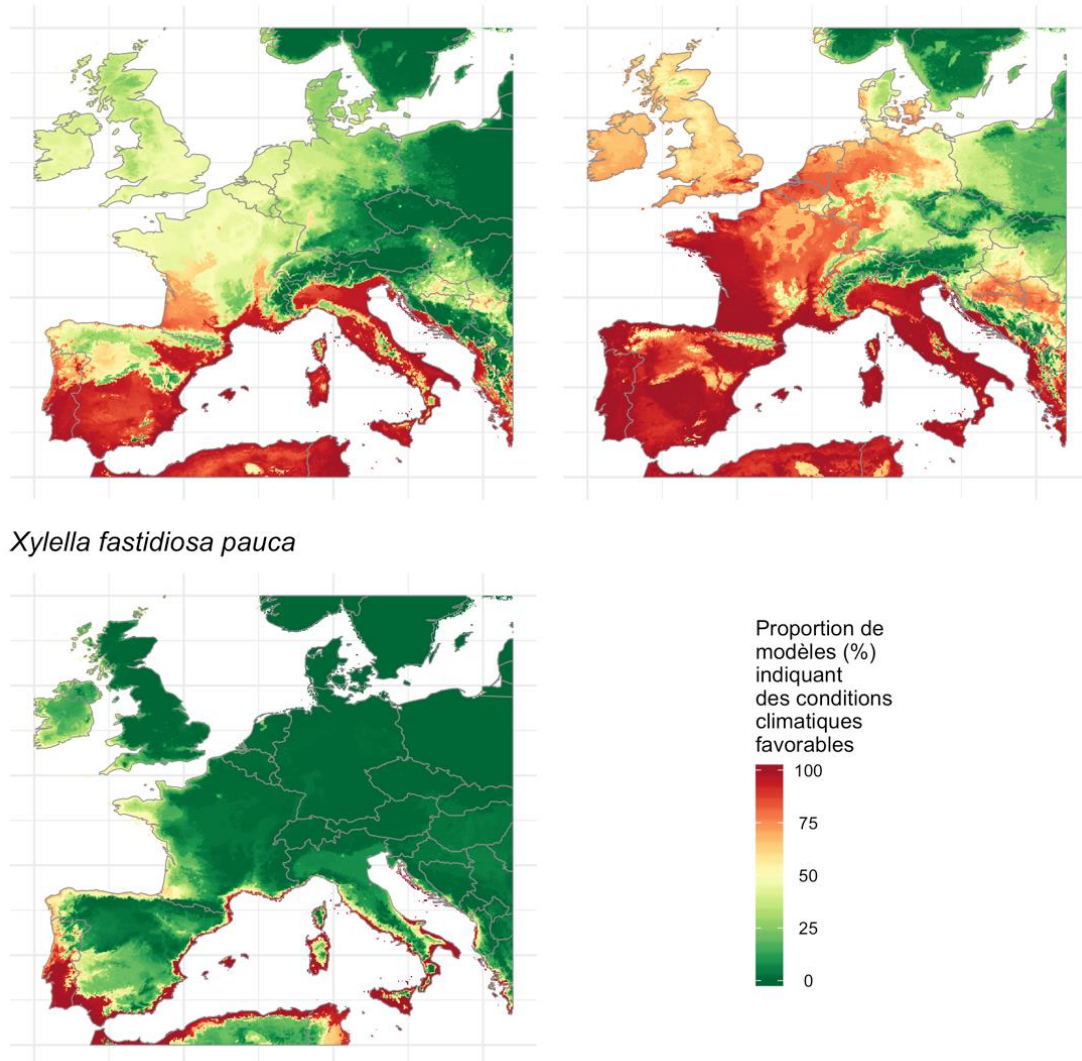


Figure 4 : Aire de distribution potentielle des trois sous-espèces de *Xylella fastidiosa* présentes en Europe. Modifié d'après Godefroid et al. (2019).

Notons également que la bactérie est sensible aux basses températures (Purcell, 1980). Sa distribution géographique et les dégâts causés pourraient donc être significativement impactés par le changement climatique (Godefroid et al., 2018 ; Wallingford et al., 2007). Cette évolution mériterait sans nul doute d'être explorée en détail.

3. Evaluation du risque

Les connaissances disponibles sur *Xf* permettent d'évaluer le risque associé à cette bactérie en Europe selon le modèle proposé plus haut (Figure 5). La composante « aléas » est déjà effective, plusieurs sous-espèces de la bactérie étant d'ores et déjà présentes en Europe. Les modèles de niche écologique indiquent en outre que de larges portions du territoire européen sont actuellement climatiquement favorables à l'une ou l'autre sous-espèce et il semble raisonnable de penser que le réchauffement climatique favorisera la remontée de *Xf multiplex* et *Xf fastidiosa* vers le nord de l'Europe. D'autre part, les analyses du GIEC suggèrent que le changement climatique entrainera des événements de sécheresse plus fréquents dans de nombreuses régions. Dans le cas de *Xf*, de tels événements pourraient aggraver les effets de la bactérie en augmentant le stress hydrique des plantes. Il faut rester néanmoins prudent dans notre évaluation des impacts du changement climatique sur *Xf* car les études sur ce thème sont rares.

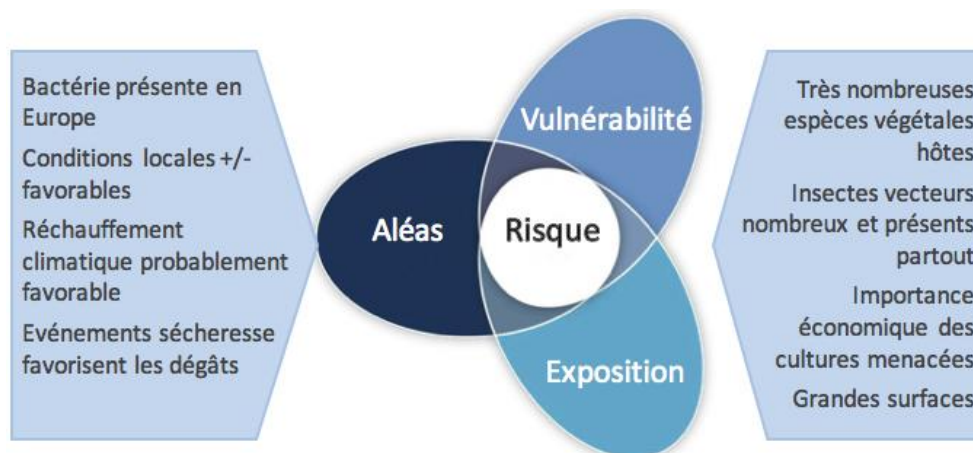


Figure 5 : Schéma du risque associé à la bactérie endophyte *Xylella fastidiosa* en Europe.

Le nombre important de plantes hôtes pouvant servir de réservoir, tant dans les zones cultivées que les milieux (semi-) naturels augmente l'exposition. C'est aussi un facteur de vulnérabilité majeur car il favorise l'installation durable de la bactérie dans les agroécosystèmes. Cette vulnérabilité est encore accrue par la présence de plantes asymptomatiques malgré leur contamination, ce qui rend leur gestion extrêmement difficile (Soubeyrand et al., 2018). Enfin, la vulnérabilité des agroécosystèmes est élevée car on ne connaît pas de plantes résistantes à *Xf* excepté certains cultivars d'oliviers (Luvisi et al., 2017). Si les insectes vecteurs sont encore mal connus, on a démontré que *P. spumarius* peut être rencontré sur une large part du territoire européen (Cruaud et al., 2018). La vulnérabilité est d'autant plus grande que le territoire européen est exposé pour la première fois, et est donc peu préparé à cet aléa. Globalement, les agrosystèmes européens et notamment français apparaissent donc comme fortement exposés à *Xf* car ils cumulent des conditions climatiques favorables, un grand nombre de végétaux hôtes, une grande diversité d'insectes potentiellement vecteurs de la bactérie, une forte proportion de milieux forestiers et de grandes surfaces de cultures hôtes. L'impact potentiel apparaît important compte tenu de la valeur économique et culturelle des espèces (vigne, oliviers, arbres fruitiers...) voire des écosystèmes menacés.

À l'issue de cette courte analyse, il est clair que le risque associé à *Xylella fastidiosa* en France est important et correspond à des zones du territoire qui dépassent largement les lieux où la bactérie a été détectée (Corse, PACA). Pour cette raison, l'épidémiosurveillance est un élément déterminant de la stratégie de gestion de ce bioagresseur.

4. De l'évaluation du risque à l'épidémiosurveillance

L'épidémiosurveillance est définie comme le suivi de l'état sanitaire d'un territoire et plus précisément le suivi des bioagresseurs sur ce territoire. La surveillance concerne à la fois les espèces autochtones et les bioagresseurs exotiques nouvellement introduits. Il est important de distinguer épidémiosurveillance et lutte contre les organismes nuisibles. L'analyse du risque telle que nous l'avons sommairement abordée plus haut peut être utile dans le cadre de l'épidémiosurveillance de *Xf*. Nous avons montré que les zones climatiquement favorables à la bactérie dépassent largement le périmètre où *Xf* a été détectée jusqu'à présent. Les zones à risques non encore infectées sont évidemment des régions où la surveillance doit être organisée avec efficacité afin de permettre la détection précoce. La surveillance est un élément clé pour une gestion rapide et efficace (Martinetti et Soubeyrand, 2019). La Figure 6 illustre de façon simple comment la connaissance *a priori* du risque associé à la présence de la sous-espèce *Xf fastidiosa* peut être utilisée pour structurer l'effort de surveillance à l'échelle de la France. La Figure 6A représente la proportion (0-25%, 25-50%, 50-75% et 75-100%) de modèles indiquant des conditions favorables à la bactérie. On peut développer un plan de surveillance en fonction des 4 régions représentées sur la carte et ainsi adapter l'effort de surveillance selon l'exposition de la zone considérée. La Figure 6B illustre les zones les moins favorables. Il s'agit de régions où les températures sont basses et où le risque d'installation est en conséquence limité. Dans notre exemple fictif, nous prévoyons une surveillance très limitée. La Figure 6C correspondant à des régions plus favorables, on peut y proposer une surveillance sous la forme d'une maille régulière relativement lâche. La zone représentée Figure 6D correspond à l'estimation de présence de *Xf fastidiosa* comprise entre 50 et 75% ce qui est assez important. On peut ici proposer un plan d'échantillonnage plus dense. Enfin, la Figure 6E correspond aux zones les plus favorables climatiquement et où l'effort de surveillance doit logiquement être le plus intense. La Figure 6F représente la carte de France et les différentes mailles d'échantillonnage fictives que nous pouvons envisager. Cet exercice illustre de façon très simple comment la connaissance *a priori* des zones climatiquement favorables peut être mise à profit pour structurer et optimiser l'effort de surveillance. Nous avons illustré ce principe en plaquant une maille régulière mais il existe de nombreuses autres stratégies d'échantillonnage alternatives (de Gruijter et al., 2006). Cet exemple porte sur la sous-espèce *fastidiosa* et il serait important de raisonner sur des cartes similaires établies pour les autres sous-espèces afin de parvenir à un plan de surveillance consensus permettant une surveillance efficace des différentes sous-espèces présentes en Europe.

5. La stratégie de l'insecte sentinelle

Si la distribution géographique de l'effort de surveillance est un élément important de l'épidémiosurveillance, ce n'est pas le seul verrou. La méthode employée pour détecter la bactérie est un élément capital du dispositif. La détection repose sur des méthodes de biologie moléculaire permettant d'identifier l'ADN bactérien dans les végétaux ou dans les insectes vecteurs (voir Baldi et La Porta 2017 pour une synthèse méthodologique). La surveillance est d'autant plus efficace qu'elle repose sur des méthodes sensibles et volumiques mais là n'est pas le seul élément déterminant. En effet, une plante infectée peut être symptomatique ou non et la bactérie n'est pas distribuée de façon homogène à l'intérieur des tissus. Enfin la bactérie peut avoir été inoculée récemment dans la plante par le vecteur et avoir une population extrêmement réduite. Ceci rend le prélèvement d'échantillons parfois délicat et le résultat de la détection moléculaire aléatoire. La plante infectée plus ou moins fortement, symptomatique ou non, est utilisée par un grand nombre d'insectes s'alimentant de sa sève.

Une forte proportion de ces insectes va acquérir la bactérie, et jouer ainsi le rôle d'amplificateur naturel du signal. Il est donc possible de suivre la dynamique de propagation à travers les insectes vecteurs : il s'agit de la surveillance vectorielle. Cette stratégie également connue sous le nom de la méthode de « l'insecte sentinelle » (Yaseen et al., 2015) est détaillée dans l'article de Cruaud et al. (2018). Ce travail explicite les méthodes moléculaires permettant la détection de *Xf* dans les insectes vecteurs et montre comment cette approche sans *a priori* (c'est-à-dire non basée sur les symptômes observés sur des plantes) apporte une autre vision de la distribution de la bactérie en Corse. La surveillance basée sur des prélèvements réalisés sur plantes complétés par une recherche systématique de *Xf* dans le compartiment « vecteurs » apparaît comme une stratégie efficace qui demande à être évaluée à grande échelle.

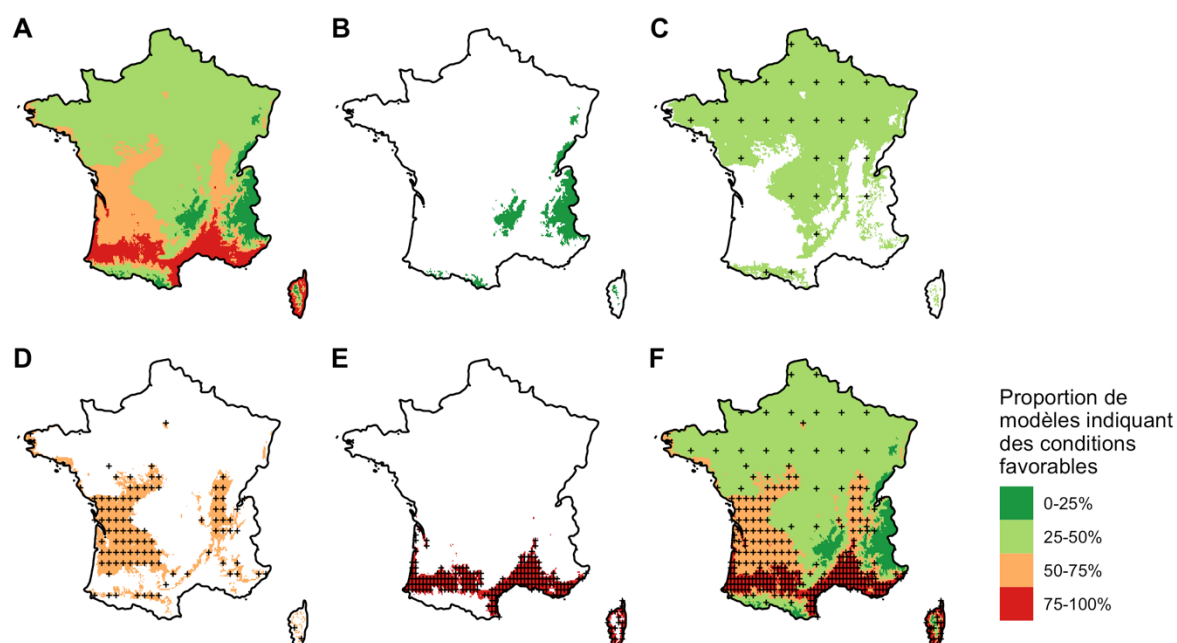


Figure 6 : Elaboration d'un plan de surveillance structuré en fonction de la distribution géographique potentielle de *Xf fastidiosa* en France. **A.** Aire de distribution potentielle représentée sous forme de 4 classes (voir aussi Figure 4A) ; **B.** Zones les moins favorables à la bactérie. La surveillance peut y être allégée ; **C.** Zones climatiquement peu favorables. La surveillance n'est pas intense ; **D.** Zones où le risque d'installation du bioagresseur est réel. La surveillance est renforcée ; **E.** Zones très favorables où *Xf fastidiosa* trouverait d'excellentes conditions. La surveillance est maximale et ne doit pas se limiter aux seuls foyers connus ; **F.** Représentation synthétique des différentes grilles d'échantillonnage

Conclusions

Évaluer les risques que représentent une invasion biologique est important pour définir et dimensionner des mesures appropriées d'épidémiosurveillance et de gestion. Le cas de *Xylella fastidiosa* nous montre que cette évaluation nécessite au préalable une bonne connaissance du bioagresseur et de ses vecteurs éventuels, des techniques de détection fiables et efficaces ainsi qu'une bonne maîtrise des outils de modélisation. La connaissance du contexte économique et environnemental est également importante. Face à la découverte, souvent inattendue, d'un nouveau bioagresseur, il est rare que l'on puisse disposer de toutes ces informations or la rapidité est un élément clé dans la gestion d'une invasion biologique. L'anticipation des risques est donc primordiale dans un contexte de globalisation pourvoyeuse d'espèces invasives. Il faut anticiper les invasions mais également se préparer aux crises de manière à pouvoir prioriser rapidement les questions et mobiliser les chercheurs capables d'y répondre.

Remerciements : Nous remercions François Casabianca, Laetitia Hugo et la Culletività Territoriale di Corsica pour leur soutien.

Références bibliographiques

- Almeida R.P.P., Nunney L., 2015. How do plant diseases caused by *Xylella fastidiosa* emerge? Plant Disease 99, 1457-1467.
- Baldi P., La Porta, N., 2017. *Xylella fastidiosa*: host range and advance in molecular identification techniques. Frontiers in Plant Science 8, 944.
- Battisti A., Larsson S., 2015. Climate change and insect pest distribution range. In: C. Björkman, P. Niemelä, (Eds), Climate Change and Insect Pests, 1-15. CAB International London, UK.
- Cavaliere V., Altamura G., Fumarola G., di Carolo M., Saponari M., Cornara D., Bosco D., Dongiovanni C., 2019. Transmission of *Xylella fastidiosa* subspecies pauca sequence type 53 by different insect species. Insects 10, 324.
- Chauvel G., Cruaud A., Legendre B., Germain J.-F., Rasplus J.-Y., 2015. Rapport de mission d'expertise sur *Xylella fastidiosa* en Corse. Ministère de l'agriculture et de l'alimentation. <https://agriculture.gouv.fr/xylella-rapport-mission-expertise>.
- Chevassus-au-Louis B., 2007. L'analyse des risques. L'expert, le décideur et le citoyen. Editions Quae, Versailles.
- Cruaud A., Gonzalez A.-A., Godefroid M., Nidelet S., Streito J.-C., Thuillier J.-M., Rossi J.-P., Santoni S., Rasplus J.-Y., 2018. Using insects to detect, monitor and predict the distribution of *Xylella fastidiosa*: a case study in Corsica. Scientific Reports 8, 15628.
- de Gruijter J., Brus D.J., Bierkens M.F.P., Knotters M., 2006. Sampling for natural resource monitoring. Springer, Berlin.
- EFSA Panel on Plant Health (EFSA PLH Panel), 2018. Updated pest categorisation of *Xylella fastidiosa*. EFSA Journal 16, 5357.
- Eldin M., 1989. Du risque de sécheresse au risque de mauvaise récolte : un effort de clarification des concepts. in M. Eldin, P. Milleville (Eds), Le risque en agriculture, 19-23. ORSTOM éditions, Paris.
- Eldin M., Milleville P. (Eds), 1989. Le risque en agriculture. ORSTOM éditions, Paris.
- Godefroid M., Cruaud A., Streito J.-C., Rasplus J.-Y., Rossi J.-P., 2018. Climate change and the potential distribution of *Xylella fastidiosa* in Europe. bioRxiv 289876; doi: <https://doi.org/10.1101/289876>
- Godefroid M., Cruaud A., Streito J.-C., Rasplus J.-Y., Rossi J.-P., 2019. *Xylella fastidiosa*: climate suitability of European continent. Scientific Reports 9, 8844.
- Gomila M., Moralejo E., Busquets A., Seguí G., Olmo D., Nieto A., Andreu J., Lalucat J., 2018. Draft genome resources of two strains of *Xylella fastidiosa* XYL1732/17 and XYL2055/17 isolated from Mallorca vineyards. Phytopathology, 109, 222-224.
- Guisan A., Thuiller W., Zimmermann N.E., 2017. Habitat suitability and distribution models: with applications in R. Cambridge University Press, Cambridge.
- IPCC, 2014. Climate Change 2014: Impacts, adaptation, and vulnerability. Part A: Global and sectoral aspects. Contribution of working group II to the fifth assessment report of the intergovernmental panel on climate change. Field C.B., Barros V.R., Dokken D.J., Mach K.J., Mastrandrea M.D., Bilir T.E., Chatterjee M., Ebi K.L., Estrada Y.O., Genova R.C., B. Girma, Kissel E.S., Levy A.N., MacCracken S., Mastrandrea P.R., White L.L. (Eds.). Cambridge University Press, Cambridge.
- Luvisi A., Aprile A., Sabella E., Vergine M., Nicoli F., Nutricati E., Miceli A., Negro C., De Bellis L., 2017. *Xylella fastidiosa* subsp. pauca (CoDiRO strain) infection in four olive (*Olea europaea* L.) cultivars: profile of phenolic compounds in leaves and progression of leaf scorch symptoms. Phytopathologia Mediterranea 56, 259-273.
- Martinetti D., Soubeyrand S., 2019. Identifying lookouts for epidemio-surveillance: Application to the emergence of *Xylella fastidiosa* in France. Phytopathology 109, 265-276.

- Nunney L., Vickerman D.B., Bromley R.E., Russell S.A., Hartman J.R., Morano L.D., Stouthamer R., 2013. Recent evolutionary radiation and host plant specialization in the *Xylella fastidiosa* subspecies native to the United States. *Applied Environmental Microbiology* 79, 2189-2200.
- Nunney L., Yuan X., Bromley R. E., Stouthamer R., 2012. Detecting genetic introgression: high levels of intersubspecific recombination found in *Xylella fastidiosa* in Brazil *Applied Environmental Microbiology* 78, 4702-4714.
- Oerke E.-C., 2006. Crop losses to pests. *Journal of Agricultural Science* 144, 31-43.
- Olmo D., Nieto A., Adrover F., Urbano A., Beidas O., Juan A., Marco-Noales E., López M.M., Navarro I., Monterde A., Montes-Borrego M., Navas-Cortés J.A., Landa B.B., 2017. First detection of *Xylella fastidiosa* infecting cherry (*Prunus avium*) and *Polygala myrtifolia* plants, in Mallorca Island, Spain. *Plant Disease* 101, 1820-1820.
- Purcell A., 1980. Environmental therapy for Pierce's disease of grapevines. *Plant Disease* 64, 388-390.
- Rasplus J.-Y., Streito J.-C., Rossi J.-P., Genson G., Germain J.F., Godefroid M., Gonzalez A.-A., Nidelet S., Pierre E., Puissant S., Santoni S., Cruaud A., 2016. Deciphering the network of interaction between *Xylella fastidiosa*, its host plants and potential insect vectors using next generation sequencing methods: interest for the management of the disease. In AFPP – 4e conférence sur l'entretien des jardins végétalisés et infrastructures, 19 -20 octobre 2016. ENSAT, Toulouse.
- Saponari M., Boscia D., Nigro F., Martelli G.P. 2013. Identification of DNA sequences related to *Xylella fastidiosa* in oleander, almond and olive trees exhibiting leaf scorch symptoms in Apulia (Southern Italy). *Journal of Plant Pathology* 95, 668.
- Saponari M., Loconsole G., Cornara D., Yokomi R. K., De Stradis A., Boscia D., Bosco D., Martelli G. P., Krugner R., Porcelli F., 2014. Infectivity and transmission of *Xylella fastidiosa* by *Philaenus spumarius* (Hemiptera: Aphrophoridae) in Apulia, Italy. *Journal of Economic Entomology* 107, 1316-1319.
- Soubeyrand S., de Jerphanion P., Martin O., Saussac M., Manceau C., Hendriks P., Lannou C., 2018. Inferring pathogen dynamics from temporal count data: the emergence of *Xylella fastidiosa* in France is probably not recent. *New Phytologist* 219, 824-836.
- Streito J.-C., Rossi J.-P., Haye T., Hoelmer K., Tassus X., 2014. La punaise diabolique à la conquête de la France. *Phytoma* 677, 26-30.
- Wallingford A.K., Myers A.L., Wolf T.K., 2007. Expansion of the range of Pierce's disease in Virginia. Online. *Plant Health Progress* doi:10.1094/PHP-2007-1004-01-BR.
- Yaseen T., Drago S., Valentini F., Elbeaino T., Stampone G., Digiario M., D'Onghia A.M., 2015. On-site detection of *Xylella fastidiosa* in host plants and in "spy insects" using the real-time loop-mediated isothermal amplification method. *Phytopathologia Mediterranea* 54, 488-496.

Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-NC-ND 3.0).



<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « Innovations Agronomiques », la date de sa publication, et son URL ou DOI).