



HAL
open science

Demande d'avis relatif à la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa* Phase 2

Eric Verdin, Anne Sicard, Laurent Gentzbittel, Bruno Legendre, Frédéric Suffert, Gaël Thébaud

► To cite this version:

Eric Verdin, Anne Sicard, Laurent Gentzbittel, Bruno Legendre, Frédéric Suffert, et al.. Demande d'avis relatif à la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa* Phase 2. [0] Saisine n° 2018-SA-0248, Anses. 2020, 48 p. hal-02906127

HAL Id: hal-02906127

<https://hal.science/hal-02906127v1>

Submitted on 23 Jun 2021

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

anses

agence nationale de sécurité sanitaire
alimentation, environnement, travail



Connaître, évaluer, protéger

Stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*

Avis de l'Anses
Rapport d'expertise collective

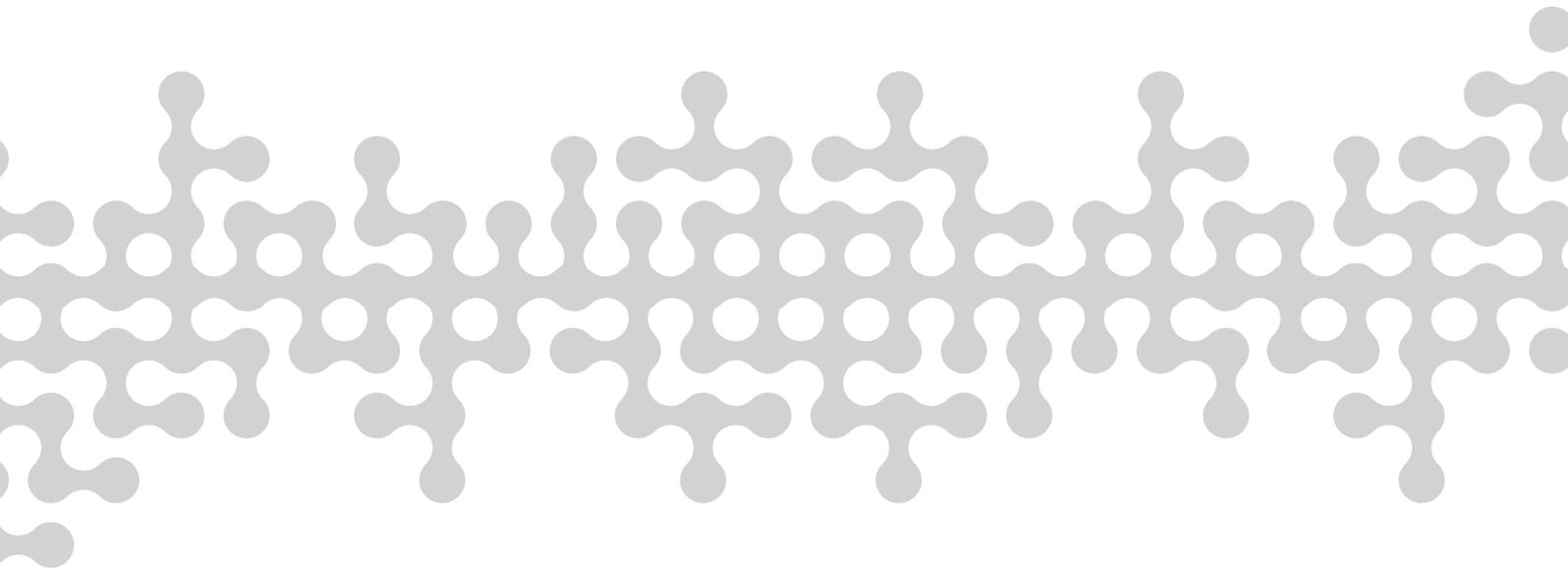
Avril 2020 - Édition scientifique



Stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*

Avis de l'Anses
Rapport d'expertise collective

Avril 2020 - Édition scientifique



Le directeur général

Maisons-Alfort, le 29 avril 2020

AVIS **de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation,** **de l'environnement et du travail**

relatif à « la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa* »

L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.

L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.

Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.

Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).

Ses avis sont publiés sur son site internet.

L'Anses a été saisie le 26 novembre 2019 par la Direction générale de l'alimentation pour la réalisation de l'expertise suivante : demande d'avis relatif à la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*.

1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE

Depuis sa détection en région PACA en 2015, la bactérie *Xylella fastidiosa* est essentiellement présente en milieu urbain, dans 18 communes des départements du Var et des Alpes-Maritimes. À ce jour, *X. fastidiosa* a été détectée à partir de 28 espèces végétales (très majoritairement des espèces ornementales) et en particulier le Polygale à feuilles de myrte (*Polygala myrtifolia*) (52% des échantillons contaminés), le Genêt d'Espagne (*Spartium junceum*) (10%), l'Euryops à fleurs de chrysanthème (*Euryops pectinatus*) (9%) et l'Immortelle d'Italie (*Helichrysum italicum*) (5%). La majorité des foyers sont associés à la sous-espèce *multiplex*, à l'exception d'un foyer situé à Menton où la sous-espèce *pauca*, associée à des dégâts majeurs sur oliviers dans les Pouilles italiennes a été identifiée suite à des prélèvements réalisés au mois d'octobre 2015 sur trois Polygales à feuilles de myrte. En août 2019, deux oliviers ont pour la première fois été trouvés contaminés en France métropolitaine, le premier situé à Antibes (infecté par la sous-espèce *multiplex*) et le second à Menton (infecté par la sous-espèce *pauca*, de *sequence type* ST53).

Conformément aux décisions d'exécution 2015/789/UE, 2015/2417/UE et 2017/2352/UE, relatives aux mesures visant à empêcher l'introduction et la dissémination de *X. fastidiosa* dans l'Union européenne (UE), lorsqu'un végétal est trouvé contaminé par cette bactérie, une zone infectée est définie dans un rayon de 100 m autour de ce végétal contaminé, où doivent être détruits tous les végétaux hôtes, *i.e.* les végétaux sensibles à la sous-espèce de *X. fastidiosa* présente dans la zone infectée. La stratégie d'éradication engagée en région PACA implique donc, outre l'arrachage des sujets contaminés, celui des espèces hôtes présentes dans les zones infectées. De plus, une

surveillance pluriannuelle est réalisée dans une zone tampon constituant une couronne de 4 km de largeur comprise entre le 1er et le 5ème km autour de la zone infectée.

L'obligation d'arrachage de tous les oliviers des zones infectées existe depuis la découverte d'oliviers contaminés par *X. fastidiosa* sous-espèce *multiplex* en Espagne en 2017. Réglementairement, la découverte d'un cas d'olivier contaminé en région PACA entraîne donc la même obligation d'arrachage. Cependant, en région PACA, alors que plus de 2 000 oliviers sont concernés par cette obligation d'arrachage en zones infectées, peu d'oliviers ont été arrachés à ce jour du fait de l'importance patrimoniale que revêt localement et notamment en zone urbaine cette espèce et du fait qu'aucun olivier n'avait auparavant été trouvé positif en France continentale. En contrepartie, et conformément à la décision d'exécution 2017/2352/UE, une surveillance renforcée et pluriannuelle a été conduite depuis 2017 afin de vérifier l'état phytosanitaire des oliviers concernés. La Commission européenne a récemment engagé des discussions visant une nouvelle modification de la décision d'exécution 2015/789/UE. La réduction significative du périmètre de lutte avec une réduction du rayon de la zone infectée (de 100 mètres à 50 mètres) et de la largeur de la zone tampon (de 5 kilomètres maximum à 2,5 kilomètres maximum) font partie des évolutions envisagées. Les autres projets d'évolutions notables de la décision sont présentés en annexe de la saisine (Annexe 1). Les actions mises en œuvre à ce jour pour la gestion des foyers de Menton et d'Antibes sont les suivantes :

- Arrachage des deux oliviers contaminés et de ceux présents dans un rayon de 10 mètres, soit au total : à Menton, arrachage de trois oliviers le 10 septembre 2019 ; à Antibes, arrachage d'un olivier le 11 septembre 2019.
- Élagage (enlèvement des parties susceptibles d'être piquées par les insectes vecteurs), mise sous filet *insect-proof* et surveillance renforcée pour les oliviers restants entre 10 et 100 mètres.
- Arrachage de tous les autres végétaux hôtes dans un rayon de 100 m.
- Application de mesures de surveillance dans la zone tampon.

La question de la gestion des foyers d'Antibes et Menton se pose à moyen et long terme, notamment dans le contexte d'une réduction du périmètre de lutte (zone infectée et zone tampon). Dans ce contexte, deux questions sont posées lors de la phase 1 de cette saisine :

Phase 1

Questions :

1. Pour les foyers d'Antibes et Menton, quelle gestion des oliviers (surveillance ou arrachage) qui sont mis pour l'instant sous filet « *insect-proof* » (solution non durable car dommageable pour les arbres) faut-il mettre en œuvre ?
2. Quel protocole de prélèvement mettre en œuvre pour optimiser la qualité des échantillons d'oliviers en vue de tests de détection de *X. fastidiosa* ?

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

L'expertise relève du domaine de compétences du comité d'experts spécialisé (CES) « risques biologiques pour la santé des végétaux ». L'Anses a confié l'expertise au groupe de travail « *Xylella fastidiosa* ». Les travaux ont été présentés au CES tant sur les aspects méthodologiques

que scientifiques entre janvier 2020 et mars 2020. Ils ont été adoptés par le CES « risques biologiques pour la santé des végétaux » réuni le 17 mars 2020.

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU GT ET DU CES

X. fastidiosa a été détectée sur deux oliviers en août 2019 dans les communes de Menton et d'Antibes (Alpes-Maritimes). Il s'agit des premiers cas confirmés sur cette plante hôte en France continentale. La sous-espèce *pauca* a été détectée à Menton (jardin Carnolès) et la sous-espèce *multiplex* à Antibes. La réglementation impose l'arrachage de tous les oliviers des zones infectées. Or, si les deux arbres infectés ont bien été arrachés, ainsi que deux oliviers supplémentaires à proximité immédiate de l'olivier positif de Menton, les autres oliviers présents dans les deux zones infectées ont été conservés : 13 à Menton et 55 à Antibes soit 68 arbres au total, recépés sévèrement et protégés sous des filets *insect-proof* du fait de l'importance patrimoniale de ces arbres. Cette solution n'est pas durable car elle peut conduire soit à la mort de l'arbre, soit à une reprise de végétation et des repousses qui pourraient être une source d'inoculum, cette bactérie étant transmise de plante à plante par des insectes vecteurs.

Le groupe de travail (GT) considère que des préconisations différentes doivent être appliquées pour les foyers de Menton et d'Antibes, en lien avec les connaissances sur chacune des deux sous-espèces de *X. fastidiosa* identifiées dans les deux foyers sur les oliviers :

- Foyer de Menton : la sous-espèce *pauca* cause des symptômes sévères associés à d'importantes pertes économiques chez l'olivier dans la région des Pouilles en Italie. A Menton, le risque que les oliviers situés dans la zone infectée puissent constituer une source d'inoculum pour cette sous-espèce de *X. fastidiosa* n'est pas acceptable. Le cas échéant, la probabilité que les autres oliviers situés à proximité soient infectés, qu'ils soient patrimoniaux et/ou cultivés en oliveraies, a été estimée élevée. Le risque associé est d'autant plus important et inacceptable qu'une oliveraie se situe dans la zone tampon actuelle (à environ 2,2 km du foyer). Pour ces raisons, le GT préconise (i) un arrachage de tous les oliviers présents dans la zone infectée du jardin Carnolès de Menton et (ii) une surveillance renforcée de l'oliveraie la plus proche du jardin Carnolès.
- Foyer d'Antibes : jusqu'à présent, malgré la présence de 166 foyers *multiplex* en région PACA, la sous-espèce *multiplex* n'a été détectée qu'une seule fois sur olivier. Dans la zone infectée d'Antibes où cette sous-espèce a été mise en évidence, la bactérie n'a été détectée que sur un seul des 56 oliviers présents et testés dans cette zone. Des difficultés liées au diagnostic de *multiplex* sur olivier ont été constatées (ex. : signal en limite de détection). Ces différents éléments suggèrent que la propagation de la sous-espèce *multiplex* à l'intérieur de l'olivier infecté est relativement lente ou que sa multiplication est très limitée et/ou hétérogène. Ainsi, le faible nombre d'oliviers détectés infectés par *X. fastidiosa multiplex* en région PACA pourrait être dû (i) à une présence hétérogène de la bactérie qui se limite au point d'inoculation, rappelant ainsi le cas de la sous-espèce *pauca* ST53 chez les agrumes (Cornara et al., 2016), (ii) à une propagation relativement lente au sein de l'olivier, ou (iii) à une multiplication bactérienne relativement faible ayant un impact sur l'efficacité de sa détection. En raison de l'intérêt patrimonial avéré de ces arbres et d'un risque de dissémination estimé faible, comparativement au foyer de Menton impliquant la sous-espèce *pauca*, le GT préconise de ne pas arracher les oliviers de la zone infectée du foyer d'Antibes, et de remplacer leur isolement physique sous filet *insect-proof* par une surveillance accrue. Cette surveillance accrue devrait consister à réaliser deux inspections chaque année dans ce foyer : une inspection visuelle des oliviers avant début mai (*i.e.* avant que le vecteur principal supposé, *Philaenus spumarius*, déjà présent dans les plantes herbacées, ne se déplace vers les oliviers avoisinants), ainsi qu'une inspection visuelle doublée d'une analyse officielle de chaque arbre patrimonial en septembre (*i.e.* quand les

symptômes de dessèchement sont les plus visibles et la concentration bactérienne dans les plantes infectées est la plus élevée). Des piégeages d'insectes vecteurs de *X. fastidiosa* (en particulier *P. spumarius*) devraient également être réalisés lors de chacune de ces inspections visuelles. En cas de détection d'un insecte positif dans la zone infectée, les mesures de surveillance devraient être accentuées et mises en place rapidement dans la zone infectée afin de vérifier le statut sanitaire de chaque olivier et de tous les végétaux hôtes éventuellement présents.

Le groupe de travail suggère également qu'une réflexion soit menée sur la détermination de la valeur patrimoniale des oliviers de manière à harmoniser la prise de décision dans des contextes locaux différents.

Pour optimiser la qualité de l'échantillonnage des oliviers en vue d'une détection de *X. fastidiosa*, le GT recommande que les prélèvements soient réalisés, comme pour les autres végétaux, selon les modalités décrites dans la Fiche Technique n°2 (*Prélever des végétaux et les envoyer à l'analyse*) du PNISU (DGAL, 2018), en marquant différemment les arbres suspects et en individualisant l'échantillon pour chaque prélèvement effectué sur un arbre.

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

L'Anses endosse les conclusions du GT « Stratégie de lutte vis-à-vis de *Xyllela fastidiosa* » et du CES « Risques biologiques pour la santé des végétaux ». L'agence souligne que la différence importante de traitement entre les deux foyers examinés trouve principalement sa source dans une combinaison de facteurs de risques : l'impact avéré sur des cultures d'oliviers dans d'autres zones géographiques de la sous-espèce *pauca* de la bactérie identifiée à Menton, l'existence d'effets symptomatiques avérés sur un arbre de cette espèce à Menton et la conjonction de ces facteurs avec la proximité d'un verger d'oliviers proche (moins de 2,5 km) qui peut constituer un relai important pour la bactérie et ses insectes vecteurs, indépendamment des autres espèces hôtes plus aisées à éliminer. L'Anses met également en exergue la recommandation des experts relative au besoin d'une réflexion approfondie sur la détermination de la valeur patrimoniale des oliviers, car une analyse socio-économique (intégrant des facteurs sociologiques, historiques, économiques directs et indirects et écosystémiques) peut amener à considérer d'une manière différentes les alternatives pour la maîtrise des risques sanitaires associés.

Dr Roger Genet

MOTS-CLES

Xylella fastidiosa, olivier, gestion, France, Menton, Antibes.

Xylella fastidiosa, olive tree, management, France, Menton, Antibes.

Demande d'avis relatif à la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*

Demande « n°2018-SA-0248 Lutte *Xylella fastidiosa* PACA »

RAPPORT d'expertise collective

ÉTUDE

« Comité d'experts spécialisé Risques Biologiques pour la santé des végétaux »

« *Xylella fastidiosa* »

Avril 2020

Mots clés

Xylella fastidiosa, olivier, gestion, France, Menton, Antibes.

Xylella fastidiosa, olive tree, management, France, Menton, Antibes.

Présentation des intervenants

PRÉAMBULE : Les experts, membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, *intuitu personae*, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

GRUPE DE TRAVAIL

Président

M. Eric VERDIN – Ingénieur de recherche, INRAE Avignon, virologie et épidémiologie.

Membres

Mme Anne SICARD – Chercheur Post-doctoral, IRD Montpellier, bactériologie, virologie.

M. Laurent GENTZBITTEL – Professeur, Université de Toulouse – INPT-ENSAT, génétique des plantes et phytopathologie.

M. Bruno LEGENDRE – Chargé de projet scientifique et technique, Anses Laboratoire de la santé des végétaux, bactériologie.

M. Frédéric SUFFERT – Ingénieur de recherche, INRAE Thiverval-Grignon, mycologie et épidémiologie

M. Gaël THEBAUD – Chargé de recherche, INRAE Montpellier, épidémiologie et virologie

.....

COMITÉ D'EXPERTS SPECIALISÉ

- CES Risques Biologiques pour la Santé des Végétaux – septembre 2018 – septembre 2021

Président

M. Thomas LE BOURGEOIS – Directeur de recherche, CIRAD, Malherbologie

Membres

Mme Marie-Hélène BALESDENT – Directrice de recherche, INRAE, Mycologie

Mme Françoise BINET – Directrice de recherche, CNRS, Ecologie fonctionnelle

M. Antonio BIONDI – Chercheur, Université de Catane, Entomologiste

M. Philippe CASTAGNONE – Directeur de recherche, INRAE, Nématologie

Mme Péninna DEBERDT – Chargé de recherche, CIRAD, Phytopathologie

M. Nicolas DESNEUX – Directeur de recherche, INRAE, Écotoxicologie

Mme Marie-Laure DESPREZ LOUSTAU – Directrice de recherche, INRAE, Mycologie

M. Abraham ESCOBAR-GUTIERREZ – Directeur de recherche, INRAE, Agronomie

M. Laurent GENTZBITTEL – Professeur, ENSAT, Génétique de l'interaction plante microorganisme

M. Hervé JACTEL – Directeur de recherche, INRAE, Entomologie forestière

M. David MAKOWSKI – Directeur de recherche, INRAE, Agronomie

M. Arnaud MONTY – Professeur, Université de Liège, Écologie des plantes envahissantes

Mme Maria NAVAJAS – Directrice de recherche, INRAE, Acarologie

M. Xavier NESME – Ingénieur de recherche, INRAE, Bactériologie

Mme Marie-Hélène ROBIN – Enseignant Chercheur, EI Purpan, Protection des cultures

M. Stéphan STEYER – Attaché scientifique, CRA-W, Virologie
M. Éric VERDIN – Ingénieur de recherche, INRAE, Virologie
M. François VERHEGGEN – Professeur, Université de Liège, Entomologie
M. Thierry WETZEL – DLR Rheinpfalz, Institute of Plant Protection, Virologie
.....

PARTICIPATION ANSES

Coordination scientifique

M. Xavier TASSUS – Coordinateur scientifique d'expertise – Anses

AUDITION DE PERSONNALITÉS EXTÉRIEURES

Ministère de l'agriculture et de l'alimentation

Mme Saoussen JOUDAR – Chargée d'études, Direction générale de l'alimentation, bureau de la santé des végétaux.

M. Denis FERRIEU – Responsable du pôle mutualisation, Service régional de l'alimentation de la région PACA.

.....

Fédération régionale de défense contre les organismes nuisibles (FREDON) de la région PACA

M. Marc BINOT – Directeur

.....

INRAE UMR IRHS

Mme Marie-Agnès JACQUES – Directrice de recherche

SOMMAIRE

Présentation des intervenants.....	3
Sigles et abréviations	7
Liste des tableaux.....	7
Liste des figures	7
1 Contexte, objet et modalités de réalisation des travaux.....	8
1.1 Contexte.....	8
1.2 Objet de la demande	9
1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation	9
2 Introduction générale sur <i>Xylella fastidiosa</i>.....	10
2.1 Répartition géographique de <i>Xylella fastidiosa</i>	10
2.2 Diversité génétique et gammes d'hôtes de <i>Xylella fastidiosa</i>	10
2.3 Transmission de <i>Xylella fastidiosa</i>	12
3 Mesures de gestion générales de <i>Xylella fastidiosa</i>.....	14
4 Situation et préconisations pour la gestion des foyers de <i>X. fastidiosa</i> sur olivier en région PACA.....	17
4.1 Foyer de Menton	17
4.1.1 Situation épidémique dans le foyer de Menton	17
4.1.2 Préconisations pour la gestion du foyer de Menton	19
4.2 Foyer d'Antibes	20
4.2.1 Situation épidémique dans le foyer d'Antibes.....	20
4.2.2 Préconisations pour la gestion du foyer d'Antibes.....	21
5 Protocole de prélèvement des oliviers en vue de tests de détection de <i>Xylella fastidiosa</i>	23
5.1 Modalités de prélèvement	23
5.1.1 Échantillonnage	23
5.1.2 Période de prélèvement.....	23
5.1.3 Constitution de l'échantillon	23
5.1.4 Mesures prophylactiques	24
5.1.5 Marquage et identification.....	24
5.2 Modalités de conservation	24
5.3 Modalités d'expédition	24
5.4 Saisie des prélèvements dans le système d'information.....	24
6 Conclusions	26
7 Bibliographie	28

ANNEXES 30
Annexe 1 : Lettre de la demande 31

Sigles et abréviations

Codiro : complexe de dessèchement rapide de l'olivier

DGAL : Direction générale de l'alimentation

DSF : Département santé des forêts

EFSA : European food safety authority

FREDON : Fédération régionale de défense contre les organismes nuisibles

GT : Groupe de travail

MLST : Multilocus sequence typing

PNISU : Plan national d'intervention sanitaire d'urgence

qPCR : Quantitative polymerase chain reaction

Région PACA : région Provence-Alpes-Côte d'Azur

UE : Union européenne

Liste des tableaux

Tableau 1 : Résultats de surveillance de l'olivier N°12372, jardin Carnolès, Menton _____ 18

Liste des figures

Figure 1 : Répartition géographique de *Xylella fastidiosa* _____ 10

Figure 2 : Schéma des zones délimitées autour d'une plante infectée _____ 15

Figure 3 : Orthophotographie du foyer de *X. fastidiosa* à Menton _____ 19

Figure 4 : Localisation des prélèvements positifs depuis 2015 sur la commune d'Antibes _____ 20

Figure 5 : Orthophotographie du foyer de *X. fastidiosa* à Antibes _____ 21

1 Contexte, objet et modalités de réalisation des travaux

1.1 Contexte

Depuis sa détection en région PACA en 2015, la bactérie *Xylella fastidiosa* est essentiellement présente en milieu urbain, dans 18 communes des départements du Var et des Alpes-Maritimes. À ce jour, *X. fastidiosa* a été détectée à partir de 28 espèces végétales (très majoritairement des espèces ornementales) et en particulier le Polygale à feuilles de myrte (*Polygala myrtifolia*) (52% des échantillons contaminés), le Genêt d'Espagne (*Spartium junceum*) (10%), l'Euryops à fleurs de chrysanthème (*Euryops pectinatus*) (9%) et l'Immortelle d'Italie (*Helichrysum italicum*) (5%). La majorité des foyers sont associés à la sous-espèce *multiplex*, à l'exception d'un foyer situé à Menton où la sous-espèce *pauca*, associée à des dégâts majeurs sur oliviers dans les Pouilles italiennes a été identifiée suite à des prélèvements réalisés au mois d'octobre 2015 sur trois Polygales à feuilles de myrte. En août 2019, deux oliviers ont pour la première fois été trouvés contaminés en France métropolitaine, le premier situé à Antibes (infecté par la sous-espèce *multiplex*) et le second à Menton (infecté par la sous-espèce *pauca*, de *sequence type* ST53).

Conformément aux décisions d'exécution 2015/789/UE, 2015/2417/UE et 2017/2352/UE, relatives aux mesures visant à empêcher l'introduction et la dissémination de *X. fastidiosa* dans l'Union européenne (UE), lorsqu'un végétal est trouvé contaminé par cette bactérie, une zone infectée est définie dans un rayon de 100 m autour de ce végétal contaminé, où doivent être détruits tous les végétaux hôtes, *i.e.* les végétaux sensibles à la sous-espèce de *X. fastidiosa* présente dans la zone infectée. La stratégie d'éradication engagée en région PACA implique donc, outre l'arrachage des sujets contaminés, celui des espèces hôtes présentes dans les zones infectées. De plus, une surveillance pluriannuelle est réalisée dans une zone tampon constituant une couronne de 4 km de largeur comprise entre le 1er et le 5ème km autour de la zone infectée.

L'obligation d'arrachage de tous les oliviers des zones infectées existe depuis la découverte d'oliviers contaminés par *X. fastidiosa* sous-espèce *multiplex* en Espagne en 2017. Réglementairement, la découverte d'un cas d'olivier contaminé en région PACA entraîne donc la même obligation d'arrachage. Cependant, en région PACA, alors que plus de 2 000 oliviers sont concernés par cette obligation d'arrachage en zones infectées, peu d'oliviers ont été arrachés à ce jour du fait de l'importance patrimoniale que revêt localement et notamment en zone urbaine cette espèce et du fait qu'aucun olivier n'avait auparavant été trouvé positif en France continentale. En contrepartie, et conformément à la décision d'exécution 2017/2352/UE, une surveillance renforcée et pluriannuelle a été conduite depuis 2017 afin de vérifier l'état phytosanitaire des oliviers concernés. La Commission européenne a récemment engagé des discussions visant une nouvelle modification de la décision d'exécution 2015/789/UE. La réduction significative du périmètre de lutte avec une réduction du rayon de la zone infectée (de 100 mètres à 50 mètres) et de la largeur de la zone tampon (de 5 kilomètres maximum à 2,5 kilomètres maximum) font partie des évolutions envisagées. Les autres projets d'évolutions notables de la décision sont présentés en annexe de la saisine (Annexe 1). Les actions mises en œuvre à ce jour pour la gestion des foyers de Menton et d'Antibes sont les suivantes :

- Arrachage des deux oliviers contaminés et de ceux présents dans un rayon de 10 mètres, soit au total : à Menton, arrachage de trois oliviers le 10 septembre 2019 ; à Antibes, arrachage d'un olivier le 11 septembre 2019.
- Élagage (enlèvement des parties susceptibles d'être piquées par les insectes vecteurs), mise sous filet « insect-proof » et surveillance renforcée pour les oliviers restants entre 10 et 100 mètres.
- Arrachage de tous les autres végétaux hôtes dans un rayon de 100 m.
- Application de mesures de surveillance dans la zone tampon.

1.2 Objet de la demande

La question de la gestion des foyers d'Antibes et Menton se pose à moyen et long terme, notamment dans le contexte d'une réduction du périmètre de lutte (zone infectée et zone tampon). Dans ce contexte, deux questions sont posées lors de la phase 1 de cette saisine :

Phase 1

Questions :

1. Pour les foyers d'Antibes et Menton, quelle gestion des oliviers (surveillance ou arrachage) qui sont mis pour l'instant sous filet « insect-proof » (solution non durable car dommageable pour les arbres) faut-il mettre en œuvre ?
2. Quel protocole de prélèvement mettre en œuvre pour optimiser la qualité des échantillons d'oliviers en vue de tests de détection de *X. fastidiosa* ?

1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation

L'Anses a confié au groupe de travail « *Xylella fastidiosa* », rattaché au comité d'experts spécialisé « risques biologiques pour la santé des végétaux » l'instruction de cette saisine.

Les travaux d'expertise du groupe de travail ont été soumis régulièrement au CES (tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques). Le rapport produit par le groupe de travail tient compte des observations et éléments complémentaires transmis par les membres du CES.

Ces travaux sont ainsi issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires.

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – prescriptions générales de compétence pour une expertise (mai 2003) »

1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet de l'agence (www.anses.fr).

2 Introduction générale sur *Xylella fastidiosa*

2.1 Répartition géographique de *Xylella fastidiosa*

Xylella fastidiosa est une bactérie phytopathogène ayant une large gamme d'hôtes avec 563 espèces hôtes décrites à ce jour, appartenant à 82 familles botaniques (EFSA PLH Panel, 2018). La présence de cette bactérie est limitée au xylème de ses plantes hôtes. Elle est transmise par des insectes vecteurs piqueurs-suceurs du xylème. Alors qu'elle a été longtemps décrite comme géographiquement limitée aux Amériques, *X. fastidiosa* s'est plus récemment établie à Taiwan (Su et al., 2013), en Italie (Saponari et al., 2013), en Iran, en France, en Espagne et au Portugal, démontrant que son aire de répartition s'est élargie (EFSA PLH Panel, 2018 ; https://www.confagri.pt/content/uploads/2019/01/Oficio-circular-2_2019_-Xfastidiosa.pdf) (Figure 1). La présence de *X. fastidiosa* est donc aujourd'hui avérée sur trois continents (Figure 1) avec une aire de répartition en partie liée aux conditions climatiques (Godefroid et al., 2019).

En Europe, la Corse, les Iles Baléares et la région des Pouilles (Italie) sont maintenant considérées comme des zones d'enrayement dans lesquelles *X. fastidiosa* est décrite comme étant présente avec une distribution restreinte. La présence de *X. fastidiosa* en région PACA – ainsi qu'au Portugal, et en Espagne dans la région autonome de Madrid et dans la province d'Alicante – est en revanche toujours considérée comme potentiellement transitoire compte-tenu des mesures d'éradication en cours (EFSA PLH Panel, 2018).

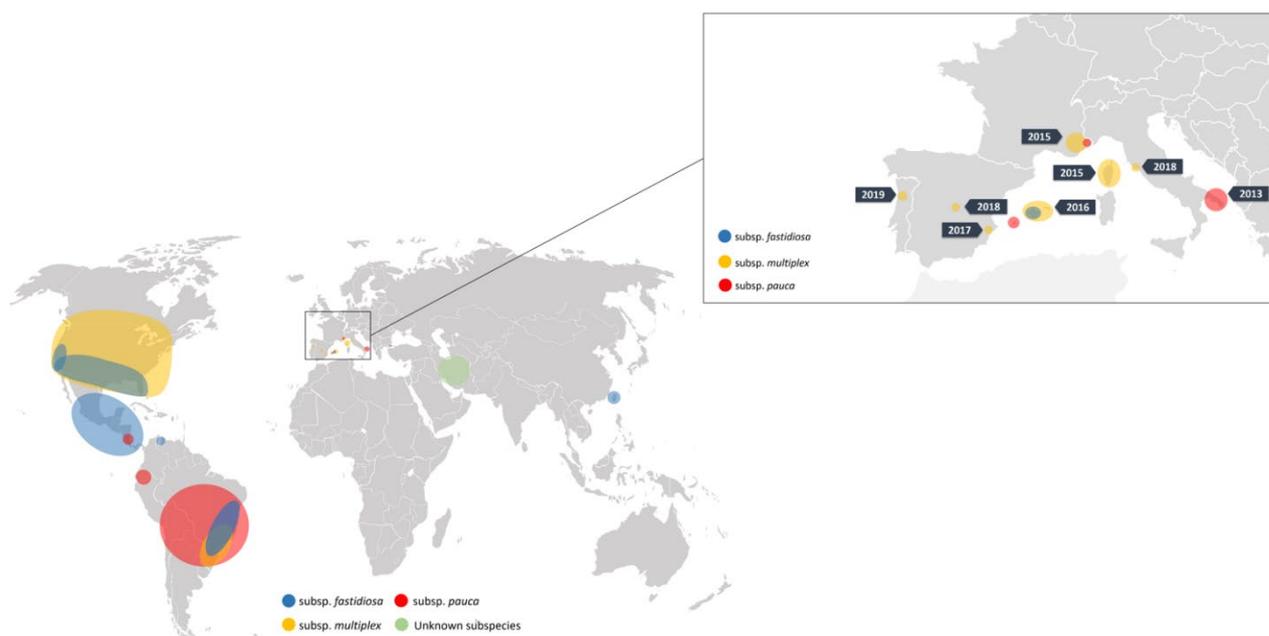


Figure 1 : Répartition géographique de *Xylella fastidiosa* (d'après EFSA PLH Panel, 2018).

2.2 Diversité génétique et gammes d'hôtes de *Xylella fastidiosa*

Le genre *Xylella* comprend deux espèces, *X. fastidiosa* et *X. taiwanensis*. Cette dernière a, jusqu'à présent, été signalée uniquement à Taïwan et reste très peu étudiée (Su et al., 2016). On distingue trois sous-espèces majeures au sein de l'espèce *X. fastidiosa*, à savoir *fastidiosa*, *multiplex* et *pauca*, ainsi que des taxons non résolus (Vanhove et al., 2019). Ces sous-espèces ont une origine endémique – *fastidiosa* provenant d'Amérique Centrale, *multiplex* d'Amérique du Nord et *pauca* d'Amérique du Sud – et présentent pour l'instant des aires de répartition différentes (Figure 1) en partie liées à leur sensibilité différente aux conditions climatiques. Ces sous-espèces sont associées

à différentes gammes d'hôtes. Par exemple, la sous-espèce *fastidiosa* est à l'origine de la maladie de Pierce sur la vigne, *pauca* de la chlorose panachée des agrumes (Citrus variegated chlorosis), de brûlures foliaires sur caféier (Coffee leaf scorch) et du complexe de dessèchement rapide de l'olivier (CoDiRO, pour Complesso del disseccamento rapido dell'olivo), et *multiplex* de brûlures foliaires sur amandier (Almond leaf scorch). À ce jour, il n'y a toutefois aucun indice d'une coévolution entre les différentes sous-espèces et leurs plantes hôtes (Sicard et al., 2018). De plus une même espèce végétale peut être infectée par différentes sous-espèces (ou différentes souches de la même sous-espèce) provoquant des symptômes similaires. Par exemple, des souches appartenant aux sous-espèces *multiplex* et *fastidiosa* peuvent être à l'origine de brûlures foliaires sur amandiers (Almond leaf scorch) (Almeida and Purcell, 2003). Une même plante peut également être co-infectée par différentes souches (Chen et al., 2005; Denancé et al., 2017) favorisant ainsi l'émergence de souches recombinantes, dont la gamme d'hôte pourrait différer de celle des souches parentales. Des événements de recombinaison entre des souches endémiques appartenant à la sous-espèce *pauca* et des souches introduites appartenant à la sous-espèce *multiplex* auraient ainsi facilité l'adaptation de *X. fastidiosa* au caféier et aux agrumes au Brésil et seraient à l'origine de brûlures foliaires sur café (Coffee leaf scorch) et de la chlorose panachée des agrumes (Citrus variegated chlorosis) (Sicard et al., 2018). La diversité génétique des souches constatée dans une même région peut avoir un impact sur leur potentiel évolutif et donc sur le résultat de l'évaluation des risques.

X. fastidiosa est souvent considérée comme une bactérie endophyte ne causant pas de symptômes chez la majorité de ses plantes hôtes (Chatterjee et al., 2008). Cependant, chez certaines espèces végétales sensibles, dont des plantes d'intérêt agronomique, cette bactérie peut causer d'importants dégâts allant jusqu'à la mort de la plante. L'absence de symptômes peut s'expliquer par une propagation et/ou une multiplication limitées de la bactérie au sein des plantes, contrairement à ce qu'il est généralement constaté chez les plantes sensibles (Chatterjee et al., 2008). Une absence ou une faible expression de symptômes peuvent également résulter d'une tolérance de la plante, malgré une taille de population bactérienne assez proche de celle rencontrée chez une plante considérée sensible (Rashed et al., 2013). La présence de symptômes est en effet le résultat d'une interaction complexe entre souche bactérienne, espèce végétale et environnement.

L'absence de symptômes rend l'identification de plantes infectées plus difficile. Par ailleurs, la multiplication limitée de la bactérie au sein de certaines plantes peut résulter en la non-détection par les techniques de laboratoire couramment utilisées (on parle alors de faux négatifs). Un résultat de test négatif ne permet donc pas d'avoir la certitude que *X. fastidiosa* n'est pas présente dans la plante. En fonction de l'espèce végétale et la technique de détection utilisée, le seuil de détection de la bactérie au sein des plantes peut être supérieur au seuil d'acquisition, signifiant que les bactéries ne sont pas détectables mais sont suffisamment nombreuses pour être acquises par un insecte vecteur (Hill and Purcell, 1997 ; Purcell and Saunders, 1999). La possibilité que des plantes asymptomatiques soient des réservoirs pour certaines souches est donc à prendre en considération.

L'émergence relativement récente de *X. fastidiosa* en Europe – notamment dans le bassin méditerranéen – est intervenue au sein de biotopes hébergeant de nombreuses espèces végétales n'ayant auparavant jamais été en contact avec cette bactérie. Les espèces végétales considérées comme à risque pour une souche donnée restent donc encore largement à compléter en Europe.

Afin d'appréhender la diversité génétique de *X. fastidiosa*, une approche MLST (Multilocus Sequence Typing) comparant les séquences nucléotidiques de 7 gènes de ménage a été développée par Scally et al. (2005). Cette méthode de génotypage permet de distinguer différentes séquences types (ST). On recense à l'heure actuelle 87 STs de cette bactérie (<https://pubmlst.org/xfastidiosa>).

En Europe, la souche ST53 de la sous-espèce *pauca*, détectée dans un seul foyer en région PACA dans le jardin Carnolès à Menton en 2015 (Denancé et al., 2017) et à nouveau en août 2019 sur olivier, est également présente en Italie où elle est à l'origine du CoDiRO sur olivier dans les Pouilles. La souche *pauca* ST53 est également décrite au Costa Rica. Une seconde ST, ST80, appartenant à la sous-espèce *pauca*, a également été décrite en Europe dans les Iles Baléares (EFSA, 2019).

Près de 50% des séquences types décrites jusqu'à présent appartiennent à la sous-espèce *multiplex* (<https://pubmlst.org/xfastidiosa>). En Europe, cette sous-espèce est la plus fréquemment détectée

en France (Corse et région PACA), en Espagne (province d'Alicante et de Madrid, Îles Baléares) et au Portugal. Elle a également été mise en évidence en Italie (Toscane) sur plusieurs espèces ornementales et sur amandier (Saponari et al., 2019). Quatre séquences types de *multiplex* sont décrites en Europe : ST6 (Corse, région PACA, provinces d'Alicante et de Madrid), ST7 (Corse, région PACA, Îles Baléares, Portugal), ST81 (Îles Baléares) et ST87 (Toscane). Parmi les séquences types de *multiplex* présentes en Europe, (seules) les séquences type ST81 (Îles Baléares) et ST6 (province de Madrid) ont été détectées sur olivier, où elles sont responsables de dessèchement foliaire. Il est important de noter que la séquence type ST6 ne constitue pas un groupe monophylétique (Landa et al., 2019a). En particulier, les souches ST6 présentes en France (PACA et Corse) sont plus proches des souches ST81 que des souches ST6 présentes dans la région d'Alicante. Il n'est donc pas exclu que les souches appartenant à une même ST présentent des gammes d'hôte différentes, car les déterminants de la spécificité d'hôte chez *X. fastidiosa* sont inconnus et non pris en compte par le génotypage par MLST (qui est basé sur des gènes de ménage). Nos connaissances sur la pathogénicité des souches ST6 présentes en France sur olivier restent à ce jour très limitées.

2.3 Transmission de *Xylella fastidiosa*

Dans l'état actuel des connaissances, la transmission naturelle de *Xylella fastidiosa* s'effectue uniquement par l'intermédiaire d'insectes vecteurs. *X. fastidiosa* étant restreinte au xylème des plantes, tous les insectes se nourrissant de sève brute au sein du xylème sont considérés par défaut comme des vecteurs potentiels. Les insectes actuellement connus pour être vecteurs appartiennent aux deux superfamilles *Cercopoidea* (cercopes) et *Cicadoidea* (cigales) et à la sous-famille *Cicadellinae* (cicadelles). Le rôle des cigales dans la propagation de *X. fastidiosa*, supposé mineur (Cornara et al., in press), reste toutefois à approfondir (Sicard et al., 2018). Une fois la bactérie « acquise », les insectes adultes sont porteurs et potentiellement vecteurs toute leur vie, c'est-à-dire jusqu'à plusieurs mois après l'acquisition de la bactérie. Les larves de ces insectes sont également vectrices mais perdent leur infectivité à chaque mue, c'est-à-dire entre les stades larvaires et entre le dernier stade larvaire et le stade adulte. *X. fastidiosa* se multiplie au sein de l'appareil buccal des insectes (cibarium et precibarium). Il est important de noter qu'il ne semble pas exister de spécificité entre espèce vectrice et souche bactérienne, contrairement à d'autres systèmes plante-vecteur-parasite. Autrement dit, on estime qu'une souche de *X. fastidiosa* peut être transmise par n'importe quelle espèce vectrice se nourrissant au sein du xylème, même si de récentes études ont montré que les interactions souches-vecteurs résulteraient en des différences d'efficacité de transmission (e.g. Esteves et al., 2019).

Près de cent espèces d'insectes se nourrissant au sein du xylème – donc potentiellement vectrices de *X. fastidiosa* – ont été répertoriées en Europe (Serio et al., 2019). Néanmoins, la présence d'une espèce vectrice dans une région donnée n'implique pas nécessairement qu'elle joue un rôle important dans les dynamiques épidémiques. La capacité vectorielle d'une espèce, son cycle de vie en lien avec le cycle végétatif des plantes sensibles à la bactérie, ses préférences alimentaires, son abondance, sa répartition et capacité de dispersion sont autant de paramètres qui influent sur le rôle des vecteurs dans une épidémie. Excepté en Italie dans les Pouilles où *Philaenus spumarius* a été décrit comme étant le principal vecteur, les vecteurs ayant un rôle prépondérant dans la propagation de *X. fastidiosa* en France, en Espagne et au Portugal restent à ce jour inconnus. Bien que le rôle de l'insecte vecteur dans les épidémies en Corse et en région PACA n'ait pas été directement étudié, des prélèvements dans ces deux régions ont montré la présence de *P. spumarius* infectés par *X. fastidiosa* (Cruaud et al., 2018) (Cunty et al., in prep). Par ailleurs, la phénologie et l'écologie des différentes espèces vectrices potentielles présentes en Europe restent globalement assez mal connues (Serio et al., 2019). Parmi les cercopes, *P. spumarius* est l'espèce la plus abondante et la plus étudiée notamment pour son rôle en tant que vecteur de *X. fastidiosa*. Elle se nourrit sur un nombre important d'espèces végétales et présente une vaste aire de répartition (Cornara et al., 2018). La phénologie et l'écologie des deux principales cicadelles se nourrissant dans le xylème en Europe, *Cicadella viridis* et *Graphocephala fennahi* sont également relativement bien connues (Serio

et al., 2019), mais pas leur rôle en tant que vecteurs de *X. fastidiosa*. Les données sont très limitées pour toutes les autres espèces potentiellement vectrices présentes dans l'Union Européenne (Serio et al., 2019).

Toute nouvelle introduction de souches de *X. fastidiosa* (ou l'apparition de nouvelles souches par mutation ou recombinaison), l'introduction d'insectes vecteurs ou des changements climatiques peuvent avoir des conséquences sur les épidémies en cours dans une région donnée. Ainsi, l'introduction en Californie dans les années 1980 d'une nouvelle espèce vectrice, *Homalodisca vitripennis*, a été à l'origine de nouvelles épidémies par ses populations abondantes et ses préférences alimentaires, malgré une efficacité de transmission moins élevée que les espèces vectrices indigènes (Almeida and Nunney, 2015).

3 Mesures de gestion générales de *Xylella fastidiosa*

Une surveillance du territoire français vis-à-vis de *Xylella fastidiosa* a été mise en place en 2015 puis renforcée par la publication d'instructions techniques relatives aux zones exemptes de *X. fastidiosa*, et aux zones contaminées. Compte tenu du champ de la saisine, la surveillance à des fins d'enrayement ne sera pas évoquée, et seules seront exposées les modalités de la surveillance à des fins d'éradication.

La surveillance des zones exemptes de *X. fastidiosa*, définie par l'instruction technique DGAL/SDQSPV/2017-653 du 1^{er} août 2017 « Plan de surveillance pluriannuel national de *Xylella fastidiosa* », s'appuie sur trois approches complémentaires : la surveillance programmée officielle, la surveillance programmée non officielle et la surveillance événementielle. La surveillance programmée officielle prend la forme d'inspections ciblées chez les professionnels revendeurs et producteurs de végétaux à risque (arboriculture, vigne, ornement et plantes à parfum aromatiques, médicinales et condimentaires). La surveillance non officielle est basée sur les observations réalisées dans le cadre de réseaux d'épidémiosurveillance existants et visant des organismes nuisibles réglementés ou non (réseau Santé des Forêts (DSF) et réseau d'épidémiosurveillance cofinancé dans le cadre du plan Ecophyto). La surveillance événementielle repose sur les signalements spontanés de suspicion d'infection des plantes par *X. fastidiosa* par des particuliers, des professionnels ou des observateurs en dehors de leurs activités programmées. Ainsi, la vigilance est renforcée chez les acteurs tandis qu'une campagne de sensibilisation et de communication est conduite sur tout le territoire français. L'effort d'épidémiosurveillance est réparti en fonction d'une analyse de risque réalisée par le ministère de l'agriculture et de l'alimentation. Cette analyse prend en compte la topographie de chaque région française, en réduisant la pression de surveillance dans les zones d'altitude défavorables à l'établissement des végétaux hôtes de *X. fastidiosa* et à la multiplication, voire la survie, de *X. fastidiosa* ou de ses vecteurs du fait de leurs exigences thermiques.

Dès que la présence de *X. fastidiosa* est confirmée, une zone délimitée comprenant une zone infectée et une zone tampon est définie autour de chaque végétal infecté (Figure 2). La surveillance des zones délimitées est définie par l'instruction technique DGAL/SDQSPV/2018-482 du 26/06/2018 « Plan national d'intervention sanitaire d'urgence *Xylella fastidiosa* » (ci-après PNISU 2018), qui se base sur la décision d'exécution 2015/789/UE du 18 mai 2015 « relative à des mesures visant à éviter l'introduction et la propagation dans l'Union de *Xylella fastidiosa* (Wells et al.) », modifiée par les décisions d'exécution 2015/2417/UE, 2016/764/UE, et 2017/2352/UE.

Chaque « zone infectée englobe tous les végétaux dont l'infection par l'organisme spécifié [*X. fastidiosa*] est connue, tous les végétaux présentant des symptômes d'une éventuelle infection par ledit organisme et tous les autres végétaux susceptibles d'être infectés par cet organisme en raison de leur proximité immédiate avec des végétaux infectés ou, si elle est connue, d'une source de production qu'ils ont en commun avec des végétaux infectés ou des végétaux qui en sont issus » (2015/789/UE). De façon plus pragmatique, la réglementation française définit une zone infectée comme la « zone correspondant, à minima, à la surface entourée par un cercle de 100 mètres de rayon autour de la ou des plantes trouvées positives » (PNISU 2018). La réglementation française (en accord avec la décision d'exécution 2017/2352/UE) définit la zone tampon comme la « zone correspondant, à minima, à la surface comprise entre la zone infectée et un cercle de 5 kilomètres de rayon autour de cette zone » (PNISU 2018).

La gestion de *X. fastidiosa* en Europe repose sur la distinction entre deux catégories de végétaux : les végétaux spécifiés et les végétaux hôtes. Les végétaux spécifiés sont ceux « appartenant aux genres ou aux espèces énumérés dans l'annexe de la décision d'exécution 2015/789 modifiée [par les décisions d'exécution 2015/2417/UE, 2016/764/UE et 2017/2352/UE]. La liste des végétaux spécifiés comprend l'ensemble des végétaux ayant montré une sensibilité à *Xylella fastidiosa* dans le monde » (PNISU 2018). Les végétaux hôtes correspondent à ceux qui sont « sensibles à l'une ou l'autre des sous-espèces de *Xylella fastidiosa* sur le territoire de l'Union européenne. Au sens de la

décision d'exécution 2015/789 modifiée [par la décision d'exécution 2015/2417/UE], ces végétaux sont ceux appartenant aux genres ou espèces énumérés dans la base de données de la Commission européenne » (PNISU 2018). Il est important de noter que la liste des végétaux hôtes dépend donc de la ou des sous-espèce(s) de *X. fastidiosa* détectée dans la zone infectée. En effet, « lorsque la présence d'une sous-espèce particulière de l'organisme spécifié est confirmée, l'État membre concerné peut délimiter une zone en fonction de cette sous-espèce uniquement. Lorsque la présence de plus d'une sous-espèce de l'organisme spécifié est confirmée, l'État membre concerné délimite cette zone en fonction de l'organisme spécifié et de toutes ses sous-espèces possibles » (2017/2352/UE) car une éventuelle recombinaison entre ces différentes sous-espèces pourrait induire une modification de la gamme d'hôte par rapport aux sous-espèces parentales.

Dans la zone infectée, les végétaux positifs et les végétaux spécifiés symptomatiques sont arrachés après leur désinsectisation et celle des plantes voisines. Un inventaire botanique (portant notamment sur l'ensemble des végétaux spécifiés) est ensuite réalisé. Tous les végétaux hôtes de la sous-espèce présente dans la zone infectée sont désinsectisés (les plantes voisines aussi) puis arrachés. Cette dernière opération est également réalisée en cas de découverte ultérieure de nouveaux végétaux hôtes.

La surveillance des zones infectées consiste en une inspection annuelle de l'état phytosanitaire des « végétaux spécifiés », par le biais de prélèvements intensifs. La surveillance des zones tampons repose sur des inspections visuelles annuelles. Ainsi, la couronne de 1 km de largeur entourant chaque zone infectée est subdivisée en carrés de 100 m de côté (Figure 2), des inspections visuelles avec prélèvement des végétaux symptomatiques étant réalisées en deux points fixés dans chaque carré. Dans le reste de la zone tampon, deux inspections visuelles sont réalisées par carré de 1 km de côté suivant la même méthode que celle décrite pour les carrés de 100 m de côté. En absence de toute détection de *X. fastidiosa* pendant 5 ans dans une zone délimitée, la délimitation de cette zone peut être levée.

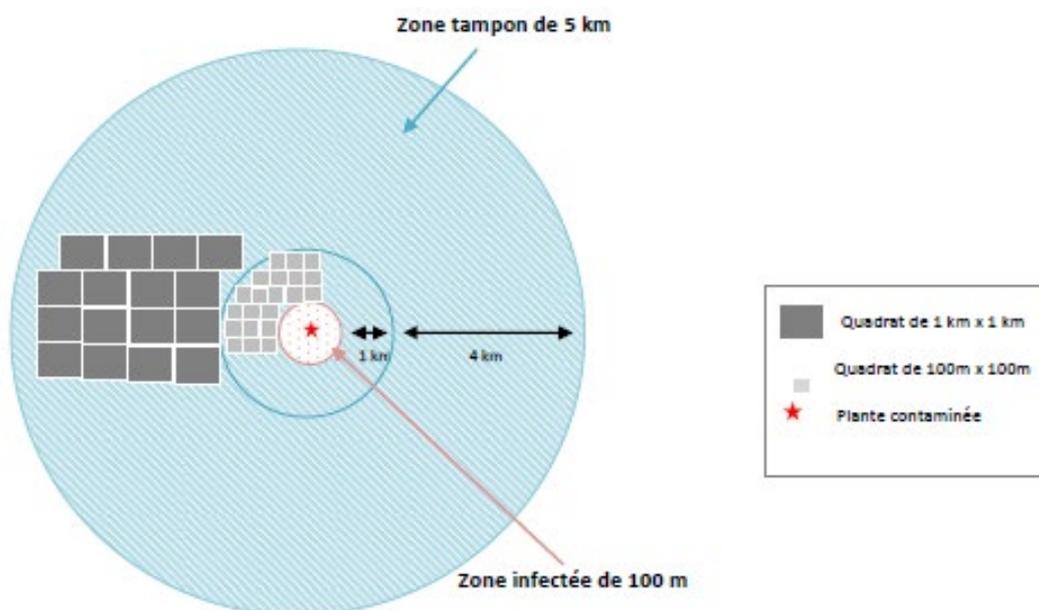


Figure 2 : Schéma de la zone délimitées autour d'une plante infectée (PNISU 2018). La zone infectée (au centre) est entourée d'une zone tampon subdivisée en quadrats de deux tailles différentes en fonction de la distance à la zone infectée.

Dans le cadre de cette saisine et conformément à la décision d'exécution 2017/2352/UE, une dérogation à l'arrachage est possible pour « les végétaux hôtes individuels dont la valeur historique est officiellement reconnue, sous réserve que les dispositions suivantes soient strictement respectées : a) Les végétaux hôtes concernés ont fait l'objet d'un prélèvement d'échantillons et d'analyses officielles et il a été confirmé qu'ils n'étaient pas infectés par la bactérie ; b) Les végétaux

hôtes individuels ou la zone concernée ont été physiquement isolés des vecteurs de manière appropriée, de façon à ce que ces végétaux ne contribuent pas à la propagation de la bactérie ; c) Des pratiques agricoles appropriées ont été appliquées pour la gestion de la bactérie et de ses vecteurs » (PNISU 2018). « Chacun des végétaux faisant l'objet d'une dérogation à l'arrachage est suivi dans le cadre d'au moins une inspection officielle annuelle, pendant la période de vol du vecteur, pour détecter d'éventuels symptômes imputables à la bactériose et vérifier le caractère approprié de l'isolement physique. En présence de symptômes, le végétal fait l'objet d'un prélèvement d'échantillons et d'analyses en vue de déceler la présence de la bactérie. Les végétaux faisant l'objet de cette dérogation devront être marqués et géolocalisés » (PNISU 2018).

4 Situation et préconisations pour la gestion des foyers de *X. fastidiosa* sur olivier en région PACA

La sous-espèce *multiplex* de *X. fastidiosa* est prévalente en région Corse et en région PACA sur *Polygala myrtifolia* (54%) puis sur *Calicotome villosa* (10 et 11%), *Helichrysum italicum* (10%) et *Cistus monspeliensis* (6%). La prévalence parmi les autres espèces identifiées est inférieure ou égale à 3%.

En région PACA, on dénombre 166 foyers de contamination presque tous associés aux séquences types ST6 et/ou ST7, majoritairement sur *P. myrtifolia*, *Euryops chrysanthemoides* et *Spartium junceum*. En effet, un seul foyer associé à la sous-espèce *pauca* a été mis en évidence sur *P. myrtifolia*. Depuis 2015, un total de 5386 oliviers y ont été prélevés et testés, et deux d'entre eux ont été déclarés infectés par *X. fastidiosa*, en 2019 sur les communes de Menton et d'Antibes.

4.1 Foyer de Menton

4.1.1 Situation épidémique dans le foyer de Menton

À Menton, le premier foyer de *X. fastidiosa* a été identifié en 2015 dans le jardin botanique du Palais de Carnolès situé en zone urbaine, l'oliveraie la plus proche étant située à 2,5 km. La sous-espèce *pauca* y a été détectée sur Polygale. Suite à cette détection, l'ensemble des végétaux hôtes de la sous-espèce *pauca* ont été arrachés, à l'exception de 16 oliviers multiséculaires qui ont fait l'objet d'une surveillance renforcée. L'état phytosanitaire de ces oliviers a régulièrement été contrôlé par des inspections et des prélèvements. De 2016 à 2017, des inspections visuelles et des prélèvements suivis d'analyses ont été réalisés tous les 3 mois. À partir de 2018, ces inspections visuelles ont été réalisées tous les mois et les prélèvements tous les 3 mois (Tableau 1). Ce dispositif de surveillance a permis d'identifier un olivier (N°12372) infecté par la sous-espèce *pauca* ST53 (août-septembre 2019), ce qui a justifié son arrachage. Une analyse supplémentaire, réalisée au moment de l'arrachage, a confirmé le statut infecté de cet olivier. Deux autres oliviers non infectés mais situés à moins de 10 m de l'arbre infecté N°12372 ont également été arrachés (Figure 3). Les autres oliviers situés dans la zone infectée, testés négatifs, ont été élagués et placés sous filet *insect-proof*, et une surveillance des vecteurs potentiels a été conduite à proximité, conformément à la réglementation permettant de déroger à l'arrachage de végétaux hôtes patrimoniaux.

Tableau 1 : Résultats de surveillance de l'olivier N°12372, jardin Carnolès, Menton

Année	Date	Observations visuelles (symptomatique / asymptomatique)	Résultat de l'analyse
2016	16/11/2016	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2017	22/02/2017	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2017	18/05/2017	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2017	04/09/2017	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2018	31/07/2018	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2018	28/08/2018	ASYMPTOMATIQUE	
2018	20/09/2018	ASYMPTOMATIQUE	
2018	10/10/2018	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2018	22/11/2018	ASYMPTOMATIQUE	
2018	04/12/2018	ASYMPTOMATIQUE	
2019	29/01/2019	SYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2019	21/02/2019	SYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2019	28/03/2019	ASYMPTOMATIQUE	
2019	16/04/2019	ASYMPTOMATIQUE	NÉGATIF
2019	28/05/2019	ASYMPTOMATIQUE	
2019	12/06/2019	ASYMPTOMATIQUE	
2019	15/07/2019	ASYMPTOMATIQUE	
2019	07/08/2019	SYMPTOMATIQUE	POSITIF

Les résultats des inspections visuelles successives de l'olivier N°12372 sont indiqués dans le Tableau 1. Cet olivier a été catégorisé « asymptomatique » de 2016 à 2018 puis « symptomatique » fin janvier et fin février 2019, puis de nouveau « asymptomatique » à partir de fin mars 2019. Il a de nouveau été catégorisé « symptomatique » en juillet 2019. Le diagnostic « positif » n'a été confirmé que sur le prélèvement effectué en juillet 2019. Ces inspections réalisées sur une période de 3 ans après la découverte du foyer *X. fastidiosa* de Menton montrent la difficulté à diagnostiquer la maladie sur olivier, associée possiblement à une durée d'incubation longue pour la souche *pauca* sur cette espèce végétale. En effet, malgré un contrôle visuel mensuel des oliviers et des prélèvements trimestriels pour analyse, la bactérie n'a été identifiée que 6 mois après une observation erratique des premiers symptômes. Cette difficulté résulte probablement d'une combinaison de plusieurs facteurs : symptômes peu spécifiques, localisés et dont l'expression peut être sujette à la saisonnalité des conditions climatiques, et de la physiologie de la plante hôte indépendamment de la présence de *X. fastidiosa*. L'analyse de ces différents éléments est proposée plus bas.



Figure 3 : Orthophotographie du foyer de *X. fastidiosa* à Menton (FREDON PACA).

4.1.2 Préconisations pour la gestion du foyer de Menton

Les oliviers présents dans un rayon de 100 m autour de l'olivier infecté ont été élagués et placés sous filet *insect-proof*. Cette solution n'est pas durable car les contraintes techniques garantissant l'absence de contact entre les feuilles de l'arbre et les insectes vecteurs conduiraient à rabattre l'arbre en permanence, et donc à sa mort. Dans le cas contraire, à la reprise de végétation des arbres, les repousses risqueraient de percer les filets et les feuilles d'être facilement accessibles à des insectes vecteurs. Ces arbres risqueraient ainsi d'être infectés par des vecteurs et de devenir une source de *X. fastidiosa* pour les arbres sains avoisinants.

La sous-espèce *pauca* ST53 cause des dégâts considérables associés à d'importantes pertes économiques dans la région des Pouilles en Italie. Dans ce contexte, il faut s'assurer qu'un olivier contaminé ne constitue pas une source locale d'inoculum, ce qui représenterait un risque inacceptable pour les autres oliviers – patrimoniaux et/ou en oliveraies – situés à Menton et à proximité. Le risque semble d'autant plus élevé qu'une oliveraie non concernée par les arrachages se situe dans la zone tampon actuelle, à 2,5 km du foyer. Pour ces raisons, le groupe de travail (GT) préconise un arrachage de tous les oliviers encore présents dans la zone infectée du jardin Carnolès de Menton. Le GT préconise également une surveillance renforcée de l'oliveraie la plus proche du jardin Carnolès. En effet, la concentration importante d'oliviers dans ce foyer, hôtes de la sous-espèce *pauca* et de son principal vecteur connu *P. spumarius*, pourrait constituer un relai épidémiologique potentiel si des arbres étaient déjà (ou venaient à être) contaminés sans être détectés suffisamment précocement.

4.2 Foyer d'Antibes

4.2.1 Situation épidémique dans le foyer d'Antibes

Sur le foyer d'Antibes, les premiers prélèvements réalisés sur *Polygala myrtifolia* qui ont conduit à l'identification de *X. fastidiosa* sous-espèce *multiplex* ST6, remontent à 2015 (Figure 4).

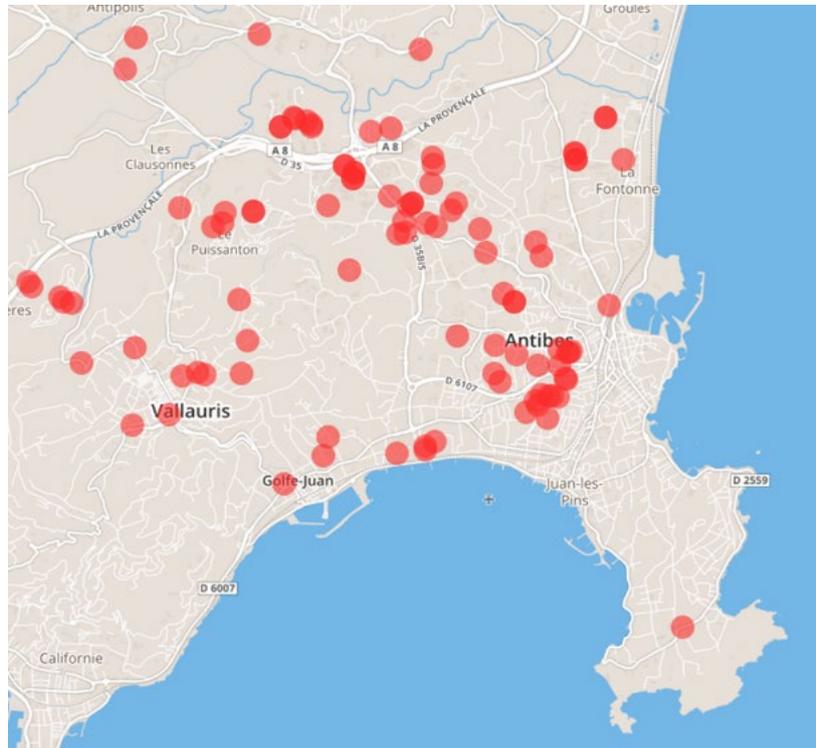


Figure 4 : Localisation des prélèvements positifs depuis 2015 sur la commune d'Antibes (Anses). Les points rouges indiquent la localisation géographique des plantes détectées infectées par *X. fastidiosa*.

La sous-espèce *multiplex* de *X. fastidiosa* a été détectée sur un olivier âgé de plus d'un siècle dans une résidence construite sur le site d'une ancienne oliveraie. L'olivier infecté et l'ensemble des espèces hôtes de la sous-espèce *multiplex* présentes dans la zone infectée ont été arrachés. Conformément à la réglementation permettant de déroger à l'arrachage de végétaux hôtes patrimoniaux, les autres oliviers présents dans cette zone, testés négatifs, n'ont pas été arrachés mais ont été élagués et mis sous filet *insect-proof*, et une surveillance des vecteurs potentiels a été conduite à proximité. L'oliveraie la plus proche est actuellement située à 2,2 km.

espèce *multiplex* soit présente chez d'autres oliviers de cette zone infectée mais que sa mise en évidence ait été contrariée par une répartition hétérogène ou une présence en quantité limitée dans les arbres (stade potentiellement latent). Ces hypothèses sont confortées par la difficulté à pouvoir confirmer le résultat positif obtenu sur l'olivier N°2019/46 à Antibes (1 seul test positif sur 10 prélèvements).

Compte tenu de ces éléments, le GT propose une gestion différente du foyer d'Antibes par rapport à celui de Menton. Pour la zone délimitée du foyer d'Antibes, le GT préconise d'appliquer les mesures du *Plan national d'intervention sanitaire d'urgence X. fastidiosa* (PNISU 2018) en se prévalant de la possibilité de déroger à l'obligation d'arrachage des arbres patrimoniaux non infectés par *X. fastidiosa*, dans les conditions décrites par la Fiche Technique n°9 (*Accéder à la dérogation à l'arrachage d'arbres patrimoniaux dans la zone infectée*). Cependant, compte tenu de la difficulté matérielle d'isoler physiquement dans la durée (au-delà d'une année) les oliviers situés dans la zone infectée du foyer (par exemple à l'aide de filets *insect-proof*, cf. 4.1.2), il est préconisé qu'une surveillance accrue vienne se substituer à leur isolement physique ou à leur arrachage dès lors qu'ils présentent un intérêt patrimonial avéré. La surveillance accrue de chaque olivier patrimonial pourrait consister à réaliser 2 inspections chaque année :

- une première inspection visuelle avant début mai, pour identifier les oliviers symptomatiques avant que le vecteur ne puisse disséminer la bactérie, *i.e.* avant que *P. spumarius*, vecteur principal supposé, présent parmi les plantes herbacées, ne se déplace vers les oliviers avoisinants).
- une seconde inspection visuelle doublée d'une analyse officielle de chacun de ces oliviers en septembre, *i.e.* quand les symptômes de dessèchement sont les plus visibles et la population bactérienne dans les plantes infectées est la plus élevée. A cette période, *P. spumarius* est susceptible d'être encore présent sur les oliviers selon les conditions météorologiques.

Lors de ces 2 inspections, des tentatives de captures d'insectes vecteurs, en particulier *P. spumarius*, doivent également être réalisées sur les oliviers en septembre et à leur proximité immédiate avant mai et en septembre afin de procéder à des analyses pour rechercher *X. fastidiosa*. En cas de détection d'un insecte positif dans la zone infectée, les mesures de surveillance accentuées devront être mises en place rapidement dans la zone infectée afin de vérifier le statut sanitaire de chaque olivier et de tous les végétaux hôtes éventuellement présents (tels qu'ils sont définis dans la réglementation).

5 Protocole de prélèvement d'échantillons d'olivier en vue de tests de détection de *Xylella fastidiosa*

Pour optimiser la qualité de l'échantillonnage des oliviers en vue d'une détection de *X. fastidiosa*, les prélèvements doivent être réalisés, comme pour les autres végétaux, selon les modalités décrites dans la Fiche Technique n°2 (*Prélever des végétaux et les envoyer à l'analyse*) du PNISU (DGAL, 2018).

5.1 Modalités de prélèvement

La répartition de *X. fastidiosa* dans la plante lorsqu'elle est contaminée peut-être très hétérogène, y compris sur des plantes symptomatiques et durant les périodes de végétation les plus favorables.

La bactérie est confinée dans les tissus du xylème. Les pétioles et nervures centrales des feuilles, ainsi que le bois des rameaux sont les parties qui présentent les plus grandes concentrations bactériennes et qui doivent être privilégiées pour le prélèvement.

5.1.1 Échantillonnage

L'unité de base pour le prélèvement est l'arbre : chaque échantillon doit absolument être prélevé sur un seul arbre, que celui-ci soit symptomatique ou asymptomatique.

5.1.2 Période de prélèvement

La taille de la population bactérienne dans les plantes dépend de l'espèce végétale, de la souche bactérienne ainsi que des facteurs environnementaux (i.e. température). Afin de maximiser la probabilité de détection, les inspections et échantillonnages doivent être conduits durant la période de végétation active. En Europe, pour les plantes cultivées en plein air, cette période est comprise entre la fin du printemps et la fin de l'automne. La période automnale est à privilégier sur les végétaux asymptomatiques. En effet en dehors de cette période, la taille des populations bactériennes peut de se situer à un niveau inférieur au seuil de détection de la méthode d'analyse, avec pour conséquence un résultat faussement négatif. L'échantillonnage après les périodes chaudes augmente les probabilités de détection de la bactérie. Pour l'olivier, l'expérience européenne indique que les symptômes persistent toute l'année mais sont très marqués en été avec une accentuation des symptômes de dessiccation qui serait dûe à l'obstruction du flux de la sève brute par les bactéries et/ou par les réponses de défense de la plante (Chatterjee et al., 2008).

5.1.3 Constitution de l'échantillon

- Pour les oliviers symptomatiques :

L'échantillonnage doit être réalisé dans une zone de l'arbre située à proximité immédiate des parties symptomatiques. Les rameaux qui présentent les symptômes de dessèchement avancé ne doivent pas être prélevés car dans ce cas les tissus végétaux sont morts, situation défavorable à la détection de *X. fastidiosa*. Il est nécessaire que le laboratoire puisse disposer d'au moins 1 g de pétioles et/ou de nervures centrales par échantillon. Pour l'olivier, dont le pétiole (ou nervure centrale) est de petite dimension, il conviendra de prélever au moins 25 feuilles.

- Pour les oliviers asymptomatiques :

L'échantillon doit être représentatif de l'ensemble de la partie aérienne du végétal. De récentes expérimentations ont montré que les prélèvements sur oliviers devaient être privilégiés sur les parties hautes du houppier afin d'augmenter la probabilité de détection de la bactérie. Les prélèvements ne doivent pas être réalisés sur les jeunes pousses car la concentration bactérienne est faible à proximité des points de croissance. L'échantillon doit contenir au moins 5 rameaux prélevés en différents endroits du houppier étant donné la répartition hétérogène de la bactérie.

5.1.4 Mesures prophylactiques

Afin d'éviter toute propagation de *X. fastidiosa* vers d'autres végétaux, il est impératif que les sécateurs soient désinfectés entre chaque arbre.

5.1.5 Marquage et identification

Il est très important pour la gestion ultérieure d'un foyer que les arbres sur lesquels les échantillons ont été prélevés soient précisément identifiés. La géolocalisation pouvant s'avérer insuffisante quand les arbres sont très proches, un marquage peut être effectué notamment à l'aide d'étiquettes, de bombes à peinture, de rubans de signalisation. Dans le cas d'arbres présentant des symptômes se limitant uniquement à 1 ou à quelques rameaux regroupés, un marquage supplémentaire réalisé sur des rameaux voisins est préconisé afin de repérer la zone de l'arbre ciblée par le prélèvement. Ce marquage peut s'avérer nécessaire pour une confirmation de diagnostic en cas de première détection positive.

Si plusieurs échantillons sont expédiés dans un même lot, il est important de marquer différemment les arbres correspondant à chaque échantillon.

5.2 Modalités de conservation

Il est important de secouer l'échantillon avant sa mise en sachet afin de s'assurer de l'absence de vecteurs. Les échantillons sont enrobés dans du papier journal ou du papier absorbant. Les échantillons doivent ensuite être placés dans un contenant fermé (sachet plastique refermable) et conservés à une température d'environ 10°C afin de limiter leur dégradation. Le numéro d'échantillon doit impérativement apparaître sur le contenant.

5.3 Modalités d'expédition

Les échantillons sont envoyés à l'un des laboratoires agréés par le ministère de l'agriculture.

L'envoi du matériel frais doit s'effectuer immédiatement à la suite du prélèvement. Les échantillons devront être expédiés à température ambiante de façon à ce qu'ils puissent être réceptionnés au plus tard le vendredi matin de chaque semaine avant 10 heures pour pouvoir être traités dans les meilleurs délais.

Attention : les fiches de prélèvement correspondant aux échantillons doivent être placées sur le colis, bien à part des sachets d'échantillons de façon à ce que les documents ne soient pas souillés et que le laboratoire soit prévenu du contenu avant ouverture. Les demandes d'analyse dûment renseignées doivent comporter les mêmes références que celles indiquées sur les sachets. Hors de ces conditions, le laboratoire ne sera pas en mesure de réaliser les analyses.

Rappel : prévenir le laboratoire au moins 24h à 48h avant l'envoi du colis, par téléphone ou courriel.

5.4 Saisie des prélèvements dans le système d'information

L'ensemble des prélèvements réalisés sur un même site de suspicion doivent être identifiés avec la dénomination particulière de « numéro de suspicion » commun pour chaque site (1 numéro de suspicion = n échantillons présents sur 1 même site de suspicion) et saisis dans une base de donnée.

Les prélèvements sont accompagnés d'une fiche de prélèvement éditée sur Phytopass présentant au moins les informations suivantes :

- les coordonnées du demandeur de l'analyse ;
- les coordonnées du laboratoire destinataire ;
- les informations sur l'échantillon : numéro de prélèvement Phytopass, numéro de suspicion, date de prélèvement, numéro de foyer (dans le cas d'un foyer préexistant), espèce végétale prélevée ;
- la nature de l'échantillon ;

- le type de recherche (« Détection de parasite ») et parasite recherché (« *Xylella fastidiosa* »).

Il est vivement recommandé de préciser si le végétal présente des symptômes ou non (saisie « oui » ou « non »). Cette modalité permet d'alimenter nos connaissances sur la biologie de *X. fastidiosa* en fonction des espèces hôtes, et en particulier d'améliorer la détection des infections sur la base de ces symptômes.

6 Conclusions

X. fastidiosa a été détectée sur deux oliviers en août 2019 dans les communes de Menton et d'Antibes (Alpes-Maritimes). Il s'agit des premiers cas confirmés sur cette plante hôte en France continentale. La sous-espèce *pauca* a été détectée à Menton (jardin Carnolès) et la sous-espèce *multiplex* à Antibes. La réglementation impose l'arrachage de tous les oliviers des zones infectées. Or, si les deux arbres infectés ont bien été arrachés, ainsi que deux oliviers supplémentaires à proximité immédiate de l'olivier positif de Menton, les autres oliviers présents dans les deux zones infectées ont été conservés : 13 à Menton et 55 à Antibes soit 68 arbres au total, recépés sévèrement et protégés sous des filets *insect-proof* du fait de l'importance patrimoniale de ces arbres. Cette solution n'est pas durable car elle peut conduire soit à la mort de l'arbre soit à une reprise de végétation et des repousses qui pourraient être une source d'inoculum, cette bactérie étant transmise de plante à plante par des insectes vecteurs.

Le groupe de travail (GT) considère que des préconisations différentes doivent être appliquées pour les foyers de Menton et d'Antibes, en lien avec les connaissances sur chacune des deux sous-espèces de *X. fastidiosa* identifiées dans les deux foyers sur les oliviers :

- Foyer de Menton : la sous-espèce *pauca* cause des symptômes sévères associés à d'importantes pertes économiques chez l'olivier dans la région des Pouilles en Italie. A Menton, le risque que les oliviers situés dans la zone infectée puissent constituer une source d'inoculum pour cette sous-espèce de *X. fastidiosa* n'est pas acceptable. Le cas échéant, la probabilité que les autres oliviers situés à proximité soient infectés, qu'ils soient patrimoniaux et/ou cultivés en oliveraies, a été estimée élevée. Le risque associé est d'autant plus important et inacceptable qu'une oliveraie se situe dans la zone tampon actuelle (à environ 2,2 km du foyer). Pour ces raisons, le GT préconise (i) un arrachage de tous les oliviers présents dans la zone infectée du jardin Carnolès de Menton et (ii) une surveillance renforcée de l'oliveraie la plus proche du jardin Carnolès.
- Foyer d'Antibes : jusqu'à présent, malgré la présence de 166 foyers *multiplex* en région PACA, la sous-espèce *multiplex* n'a été détectée qu'une seule fois sur olivier. Dans la zone infectée d'Antibes où cette sous-espèce a été mise en évidence, la bactérie n'a été détectée que sur un seul des 56 oliviers présents et testés dans cette zone. Des difficultés liées au diagnostic de *multiplex* sur olivier ont été constatées (ex. : signal en limite de détection). Ces différents éléments suggèrent que la propagation de la sous-espèce *multiplex* à l'intérieur de l'olivier infecté est relativement lente ou que sa multiplication est très limitée et/ou hétérogène. Ainsi, le faible nombre d'oliviers détectés infectés par *X. fastidiosa multiplex* en région PACA pourrait être dû (i) à une présence hétérogène de la bactérie qui se limite au point d'inoculation, rappelant ainsi le cas de la sous-espèce *pauca* ST53 chez les agrumes (Cornara et al., 2016), (ii) à une propagation relativement lente au sein de l'olivier, ou (iii) à une multiplication bactérienne relativement faible ayant un impact sur l'efficacité de sa détection. En raison de l'intérêt patrimonial avéré de ces arbres et d'un risque de dissémination estimé faible, comparativement au foyer de Menton impliquant la sous-espèce *pauca*, le GT préconise de ne pas arracher les oliviers de la zone infectée du foyer d'Antibes, et de remplacer leur isolement physique sous filet *insect-proof* par une surveillance accrue. Cette surveillance accrue devrait consister à réaliser deux inspections chaque année dans ce foyer : une inspection visuelle des oliviers avant début mai (*i.e.* avant que le vecteur principal supposé, *Philaenus spumarius*, déjà présent dans les plantes herbacées, ne se déplace vers les oliviers avoisinants), ainsi qu'une inspection visuelle doublée d'une analyse officielle de chaque arbre patrimonial en septembre (*i.e.* quand les symptômes de dessèchement sont les plus visibles et la concentration bactérienne dans les plantes infectées est la plus élevée). Des piègeages d'insectes vecteurs de *X. fastidiosa* (en particulier *P. spumarius*) devraient également être réalisés lors de chacune de ces inspections visuelles. En cas de détection d'un insecte positif dans la zone infectée, les mesures de surveillance devraient être accentuées et mises en place rapidement dans la

zone infectée afin de vérifier le statut sanitaire de chaque olivier et de tous les végétaux hôtes éventuellement présents.

Le groupe de travail suggère également qu'une réflexion soit menée sur la détermination de la valeur patrimoniale des oliviers de manière à harmoniser la prise de décision dans des contextes locaux différents.

Pour optimiser la qualité de l'échantillonnage des oliviers en vue d'une détection de *X. fastidiosa*, le GT recommande que les prélèvements soient réalisés, comme pour les autres végétaux, selon les modalités décrites dans la Fiche Technique n°2 (*Prélever des végétaux et les envoyer à l'analyse*) du PNISU (DGAL, 2018), en marquant différemment les arbres suspects et en individualisant l'échantillon pour chaque prélèvement effectué sur un arbre.

Date de validation du rapport : 17 mars 2020

7 Bibliographie

7.1 Publications

- Almeida RPP., and Nunney L. (2015). How do plant diseases caused by *Xylella fastidiosa* emerge? *Plant Disease* 99, 1457–1467.
- Almeida RPP. and Purcell AH. (2003). Biological traits of *Xylella fastidiosa* strains from grapes and almonds. *Applied and Environmental Microbiology* 69, 7447–7452.
- Chatterjee S., Almeida, RPP. and Lindow S. (2008). Living in two worlds: the plant and insect lifestyles of *Xylella fastidiosa*. *Annual Review of Phytopathology* 46, 243–271.
- Chen J., Groves R., Civerolo EL., Viveros M., Freeman M., and Zheng Y. (2005). Two *Xylella fastidiosa* genotypes associated with almond leaf scorch disease on the same location in California. *Phytopathology* 95, 708–714.
- Cornara D., Marra M., Tedone B., Cavalieri V., Porcelli F., Fereres A., Purcell AH., and Saponari M. (in press). No evidence for cicadas' implication in *Xylella fastidiosa* epidemiology. *Entomologia Generalis*.
- Cornara D., Bosco D., and Fereres A. (2018). *Philaenus spumarius*: when an old acquaintance becomes a new threat to European agriculture. *Journal of Pest Science* 91, 957–972.
- Cruaud A., Gonzalez A-A., Godefroid M., Nidelet S., Streito J-C., Thuillier J-M., Rossi, J-P., Santoni S., and 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.
- Denancé N., Legendre B., Briand M., Olivier V., de Boisseson C., Poliakoff F., and Jacques M-A. (2017). Several subspecies and sequence types are associated with the emergence of *Xylella fastidiosa* in natural settings in France. *Plant Pathology* 66, 1054–1064.
- Dupas E., Briand M., Jacques M-A., and Cesbron S. (2019). Novel tetraplex quantitative PCR assays for simultaneous detection and identification of *Xylella fastidiosa* subspecies in plant tissues. *Frontiers in Plant Science* 10, 1732.
- EFSA (European Food Safety Authority) (2018). Update of the *Xylella* spp. host plant database. *EFSA Journal* 16.
- EFSA Panel on Plant Health (PLH), Bragard, C., Dehnen-Schmutz, K., Di Serio, F., Gonthier, P., Jacques, M.-A., Anton, J.A.J., Fejer Justesen, A., MacLeod, A., Sven Magnusson, C., et al. (2019). Update of the Scientific Opinion on the risks to plant health posed by *Xylella fastidiosa* in the EU territory. *EFSA Journal* 200.
- Esteves MB., Kleina HT., Sales T. de M., Oliveira TP., de Lara IAR., Almeida RPP., Coletta-Filho HD., and Lopes JRS. (2019). Transmission efficiency of *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* sequence types by sharpshooter vectors after in vitro acquisition. *Phytopathology* 109, 286–293.
- Godefroid M., Cruaud A., Streito J-C., Rasplus J-Y., and Rossi J-P. (2019). *Xylella fastidiosa*: climate suitability of European continent. *Scientific Reports* 9, 8844.
- Harper SJ., Ward LI., and Clover GRG. (2010). Development of LAMP and real-time PCR methods for the rapid detection of *Xylella fastidiosa* for quarantine and field applications. *Phytopathology*, 100, 1282-1288.
- Hill, B.L., and Purcell, A.H. (1997). Populations of *Xylella fastidiosa* in plants required for transmission by an efficient vector. *Phytopathology* 87, 1197–1201.
- Landa BB., Castillo AI., Giampetruzzi A., Kahn A., Román-Écija M., Velasco-Amo MP., Navas-Cortés JA., Marco-Noales E., Barbé S., Moralejo E., Saponari M., Navas Cortés JA., and Almeida R. (2019a). Emergence of a plant pathogen in Europe associated with multiple intercontinental introductions. *Applied Environmental Microbiology* 86, e01521-19.
- Landa BB., Castillo AI., Giampetruzzi A., Kahn A., Román-Écija M., Velasco-Amo MP., Navas-Cortés JA., Marco-Noales E., Barbé S., Moralejo E., Saponari M., Navas Cortés JA., and Almeida

- R. (2019b). Understanding the potential origin and epidemiological consequences of the Spanish outbreaks caused by *Xylella fastidiosa* subsp. *multiplex*. 2nd EFSA Conference on *Xylella fastidiosa*, Ajaccio, France.
- Purcell AH. and Saunders SR. (1999). Fate of Pierce's disease strains of *Xylella fastidiosa* in common riparian plants in California. *Plant Disease* 83, 825–830.
- Rashed A., Kwan J., Baraff B., Ling D., Daugherty M.P., Killiny N., and Almeida R.P.P. (2013). Relative susceptibility of *Vitis vinifera* cultivars to vector-borne *Xylella fastidiosa* through time. *PLoS ONE* 8, e55326.
- Saponari M., Boscia D., Nigro F., and Martelli GP. (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.
- Scally M., Schuenzel EL., Stouthamer R and Nunney L. 2005. Multilocus sequence type system for the plant pathogen *Xylella fastidiosa* and relative contribution and point mutation to clonal diversity. *Applied environmental microbiology* 71, 8491-8499.
- Serio FD., Bodino N., Cavalieri V., Demichelis S., Di M., Dongiovanni C., Fumarola G., Gilioli G., Guerrieri E., Plazio E., et al. (2019). Collection of data and information on biology and control of vectors of *Xylella fastidiosa*. *EFSA Journal* 102.
- Sicard A., Zeilinger AR., Vanhove M., ScharTEL TE., Beal DJ., Daugherty MP., and Almeida RPP. (2018). *Xylella fastidiosa*: Insights into an emerging plant pathogen. *Annual Review of Phytopathology* 56, 181-202.
- Su, C.-C., Chang, C.J., Chang, C.-M., Shih, H.-T., Tzeng, K.-C., Jan, F.-J., Kao, C.-W., and Deng, W.-L. (2013). Pierce's disease of grapevines in Taiwan: Isolation, cultivation and pathogenicity of *Xylella fastidiosa*. *J Phytopathol* 161, 389–396.
- Su C-C., Deng W-L., Jan F-J., Chang C-J., Huang H., Shih H-T., and Chen J. (2016). *Xylella taiwanensis* sp. nov., causing pear leaf scorch disease. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 66, 4766–4771.
- Vanhove M., Adam C. Retchless, Sicard A., Rieux A., Coletta-Filho HD., De La Fuente L., Stenger DC., and Almeida RPP. (2019). Genomic diversity and recombination among *Xylella fastidiosa* subspecies. *Applied Environmental Microbiology* AEM 85, e02972-18.

7.2 Normes

NF X 50-110 (mai 2003) Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise. AFNOR (indice de classement X 50-110).

7.3 Législation et réglementation

Décision d'exécution (UE) 2015/789 de la commission du 18 mai 2015 relative à des mesures visant à éviter l'introduction et la propagation dans l'Union de *Xylella fastidiosa* (Wells et al.)

modifiée par :

Décision d'exécution (UE) 2015/2417 de la commission du 17 décembre 2015

Décision d'exécution (UE) 2016/764 de la commission du 12 mai 2016

Décision d'exécution (UE) 2017/2352 de la commission du 14 décembre 2017

Plan national d'intervention sanitaire d'urgence (PNISU) *Xylella fastidiosa* (2018) Ministère de l'agriculture et de l'alimentation

ANNEXES

Annexe 1 : Lettre de la demande



MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE ET DE L'ALIMENTATION

Direction générale de l'alimentation

Monsieur Roger GENET

Service des actions sanitaires en production
primaire
Sous-direction de la qualité, de la santé et de la
protection des végétaux
Bureau de la santé des végétaux
251 rue de Vaugirard
75352 Paris cedex 15
Dossier suivi par : Saoussen Joudar
Mél : bsv.sdqspv.dgal@agriculture.gouv.fr
Tel : 01 49 55 81 48

Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de
l'Alimentation, de l'Environnement et du
Travail

14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort

Paris, le **26 NOV. 2019**

Réf. interne : BSV/2019 -

11 / 006

Objet : Demande d'appui scientifique et technique relatif à la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*

Conformément à l'article L.1313-3 du code de la santé publique, j'ai l'honneur de solliciter l'avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire, de l'alimentation de l'environnement et du travail concernant l'évaluation de la stratégie de lutte vis-à-vis de *Xylella fastidiosa*.

Éléments de contexte et données utiles

Depuis la détection de *Xylella fastidiosa* en PACA en 2015, la bactérie est essentiellement présente en milieu urbain, dans 18 communes des départements du Var et des Alpes-Maritimes. À ce jour, 28 espèces végétales (très majoritairement des espèces ornementales) ont été trouvées contaminées par la bactérie, dont le Polygale à feuilles de myrte (52% des échantillons contaminés), le Genêt d'Espagne (10%), l'Euryops à fleurs de chrysanthème (9%) et l'Immortelle d'Italie (5%). La majorité de ces foyers sont associés à la sous-espèce *multiplex*, à l'exception d'un foyer situé à Menton où la sous-espèce *pauca* avait été identifiée suite à des prélèvements d'octobre 2015 sur trois polygales à feuilles de myrte. En août 2019, pour la première fois, deux oliviers ont été trouvés contaminés en France, le premier situé à Antibes (sous-espèce *multiplex*) et le second à Menton (sous-espèce *pauca*, de *sequence type* « ST53 »).

Conformément à la décision d'exécution 2015/789/UE relative aux mesures visant à empêcher l'introduction et la dissémination de *Xylella fastidiosa* dans l'UE, lorsqu'un végétal est trouvé contaminé vis-à-vis d'une sous-espèce de la bactérie, tous les végétaux potentiellement sensibles à cette sous-espèce (dits « végétaux hôtes », i.e les végétaux identifiés comme sensibles à une sous-espèce de la bactérie en Europe) doivent être détruits dans un rayon de 100 mètres autour de ce végétal contaminé (zone infectée) et une surveillance pluriannuelle est réalisée dans un rayon de 1 à 5 km autour du végétal contaminé (zone tampon). La stratégie d'éradication engagée en PACA imposerait donc, outre l'arrachage des sujets contaminés, celui des espèces hôtes de la bactérie dont les oliviers présents dans les zones infectées.

En réalité, l'obligation d'arrachage de tous les oliviers des zones infectées existait depuis la découverte d'oliviers contaminés par *Xylella fastidiosa* sous-espèce *multiplex* en Espagne en 2017. Réglementairement, la découverte d'un cas d'olivier contaminé en PACA entraîne donc en théorie la même obligation d'arrachage.

Cependant, en région PACA plus de 2 000 oliviers sont concernés par cette obligation d'arrachage en zones infectées, et peu d'oliviers ont été arrachés à ce jour du fait de l'importance patrimoniale que revêt cette espèce dans la région et du fait qu'aucun olivier n'avait auparavant été trouvé positif en France. En contrepartie, une surveillance renforcée pluriannuelle était conduite depuis 2017 afin de vérifier l'état phytosanitaire des oliviers.

La Commission européenne a engagé des discussions visant l'évolution de la décision d'exécution 2015/789/UE. Parmi les évolutions envisagées, notons la réduction significative du périmètre de lutte avec une réduction du rayon de la zone infectée (de 100 mètres à 50 mètres) et de la zone tampon (de 5 kilomètres max à 2,5 kilomètres max). Les autres évolutions notables de la décision sont présentées en annexe.

De ce fait, si une réduction du rayon des zones infectées de 100 mètres à 50 mètres était confirmée, cela réduirait considérablement le nombre d'oliviers impactés par ces mesures d'arrachage (on estime qu'il en resterait une cinquantaine dans les zones infectées).

Les actions mises en œuvre à ce jour pour la gestion des foyers de Menton et d'Antibes sont les suivantes :

- Arrachage des 2 oliviers contaminés et de ceux présents dans un rayon de 10 mètres¹, soit :
 - o A Menton : arrachage de trois oliviers le 10 septembre 2019
 - o A Antibes : arrachage d'un olivier le 11 septembre 2019
- Élagage (enlèvement des parties susceptibles d'être piquées par les vecteurs), mise sous filet « insect-proof » et surveillance renforcée pour les oliviers restants entre 10 et 100 mètres, soit :
 - o A Menton : 17 oliviers restants
 - o A Antibes : 20 oliviers restants
- Arrachage de tous les autres végétaux hôtes dans un rayon de 100m

La question de la gestion des foyers d'Antibes et Menton se pose pour le moyen et le long terme, notamment dans le contexte d'une réduction du périmètre de lutte. D'une façon générale, la gestion des oliviers actuellement situés dans toutes les zones infectées, et notamment celles où ce n'est pas l'olivier qui a été détecté porteur de la bactérie (2000 sujets estimés) se pose également, même si une grande partie ne sera plus concernée par les mesures d'arrachage.

Questions posées et délais

Je vous saurais gré de bien vouloir examiner les questions suivantes, en remplacement de celles contenues dans la demande d'AST de novembre 2018 relative aux stratégies de lutte contre *Xylella fastidiosa*.

Phase 1 :

- o Pour les foyers d'Antibes et Menton, quelle gestion des oliviers (surveillance ou arrachage) qui sont mis pour l'instant sous filet « insect-proof » (solution non durable car dommageable pour les arbres) faut-il mettre en œuvre?

¹ Initialement, le projet de la future décision prévoyait une réduction de la zone infectée à 10 mètres. Depuis, les discussions ont conduit à revoir ce périmètre à 50 mètres.

- Quel protocole de prélèvement mettre en œuvre pour optimiser la qualité des échantillons d'oliviers en vue de tests de détection de *Xylella fastidiosa* ?

Phase 2 :

- Quelle gestion des oliviers (surveillance ou arrachage), situés dans les zones délimitées (zones infectées et zones tampons) actuelles et futures, dans la perspective d'une réduction des périmètres de lutte en PACA, faut-il mettre en œuvre ? cette gestion peut-elle être modulée en fonction de différents critères de risque (sous-espèce de la bactérie, contexte urbain/naturel, proximité de zones agricoles) ?
- Des dispositions préventives supplémentaires devraient-elles être mises en œuvre, au-delà de celles prévues dans la décision ?

La DGAI-SDQSPV s'engage à transmettre à l'Anses les données relatives à la surveillance de *Xylella fastidiosa* en France.

Je souhaiterais disposer de votre avis dans les délais suivants :

- Phase 1 : 1^{er} mars 2020 ;
- Phase 2 : 1^{er} juin 2020.

Votre réponse est à adresser par e-mail à aux adresses électroniques suivantes : Bsv.sdqspv.dgal@agriculture.gouv.fr; saoussen.iouidar@agriculture.gouv.fr; saisines-anses.dgal@agriculture.gouv.fr.

Mes services se tiennent à votre disposition pour vous apporter toute information complémentaire.

Je vous remercie de bien vouloir accuser réception de la présente demande.


Le Directeur Général de l'Alimentation
Bruno FERREIRA

Annexe

La Commission européenne a engagé des discussions visant l'évolution de la décision d'exécution 2015/789/UE. Un groupe de travail restreint, réunissant la Commission, la France, l'Italie et l'Espagne, s'est réuni à Majorque du 2 au 3 juillet 2019. Un second groupe de travail se réunira les 2 et 3 septembre à Bruxelles en présence, cette fois, de tous les États membres. La publication de la décision modifiée est programmée pour fin 2019.

Les modifications proposées à ce jour par la Commission européenne tiennent compte d'un avis de l'EFSA (*Update of the Scientific Opinion on the risks to plant health posed by Xylella fastidiosa in the EU territory*; avril 2019) ainsi que d'une note des autorités françaises transmise en amont.

Parmi les évolutions les plus notables, notons :

- Une re-définition des notions de « végétaux hôtes » et « végétaux spécifiés ». L'association « hôte » et « sous-espèce » est renforcée pour une gestion plus adaptée (ie en prenant en compte la variabilité des hôtes selon les sous-espèces) ;
- Une évolution notable de la surface des périmètres de lutte avec une réduction du rayon de la zone infectée (de 100 mètres à 50 mètres) et de la zone tampon (de 5 kilomètres max à 2,5 kilomètres max) ;
- Une possibilité de déroger à l'obligation d'arrachage des végétaux présentant une valeur patrimoniale particulière en zone infectée, en contrepartie de la mise en place d'une surveillance renforcée ;
- Un assouplissement des mesures relatives au mouvement des végétaux spécifiés en dehors des zones délimitées et à la replantation d'espèces hôtes dans les zones infectées ;
- Une surveillance et capture des insectes obligatoire dans les zones délimitées.

Notes



Agence nationale de sécurité sanitaire
de l'alimentation, de l'environnement et du travail
14 rue Pierre et Marie Curie
F94701 Maisons-Alfort cedex
www.anses.fr
[@Anses_fr](https://twitter.com/Anses_fr)