



**COLEGIO DE POSTGRADUADOS
CAMPUS MONTECILLO
POSGRADO EN FITOSANIDAD**

**Avances de investigación LGAC
FITOSANIDAD 2026**

MEMORIA

FITOPATOLOGÍA



DIRECTORIO COMITÉ ORGANIZADOR POSGRADO EN FITOSANIDAD- FITOPATOLOGÍA

Personal académico e investigadores

Ana María Hernández Anguiano
Candelario Ortega Acosta
Rodrigo Muñoz Javier
José Sergio Sandoval Islas
Carlos Castillo Cabrera

Estudiantes de Posgrado

Jessica Berenice Valencia Luna
Verónica Inés Martínez Bustamante
Luis Enríque Ortiz Martínez
Juan Agustin Gonzalez Cruces
Adelaida Stephany Hernández Valencia
Erick Ortega Piña
Roxana Borda Mamani
Karen Ivonne Hidalgo Téllez
María del Carmen Zúñiga Romano
Citlalmina Erandy Montes Hernández
María del Rocío Soriano Fleisher
Hiddai Ximena Gaona Vences
Ulises Daniel Álvarez Chávez

EDITORES

Ana María Hernández Anguiano
Candelario Ortega Acosta
Luis Enríque Ortiz Martínez
Rodrigo Muñoz Javier

Los autores son responsables del contenido de su resumen; y los editores, del formato del resumen, la organización de los resúmenes, y de la difusión de la memoria.

Sugerencia para citar este documento.

Hernández-Anguiano AM, Ortega-Acosta C, Martínez-Ortiz LE, Muñoz-Javier R. (Eds.) 2026. Avances de Investigación LGAC. Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, Colegio de Postgraduados. 2 y 3 de julio de 2026. Montecillo, Texcoco, Edo. México. 86 pp.

DISEÑO DE PORTADA: Rodrigo Muñoz Javier, Aguilar Castillo Carlos Eduardo

Montecillo, Texcoco, México, 2 y 3 de julio de 2026

INTRODUCCIÓN

La sanidad vegetal constituye un componente estratégico para garantizar la productividad agrícola, inocuidad de los alimentos, conservación de recursos naturales, seguridad alimentaria y sostenibilidad de los sistemas agroalimentarios. En un escenario caracterizado por el cambio climático, la intensificación de sistemas de producción, globalización del comercio y emergencia de nuevos problemas fitosanitarios, la generación de conocimiento científico y la formación de especialistas altamente capacitados son esenciales para enfrentar los desafíos actuales y futuros de la agricultura. En este contexto, la investigación científica no solo contribuye a comprender los procesos biológicos que determinan la salud de los cultivos, sino también al desarrollo de tecnologías y estrategias innovadoras para una agricultura competitiva, resiliente y ambientalmente responsable.

Con esta visión, el Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología mantiene el compromiso de formar recursos humanos de excelencia, capaces de desarrollar investigación original, interdisciplinaria y pertinente para atender las necesidades del sector agroalimentario nacional e internacional. Como parte de este proceso formativo, el evento **Avances de Investigación LGAC Fitosanidad 2026** constituye un espacio de intercambio científico donde estudiantes de maestría y doctorado presentan los avances de sus proyectos, reciben retroalimentación de profesores e investigadores, fortalecen sus capacidades de comunicación científica y promueven la integración académica en torno a las Líneas de Generación y Aplicación del Conocimiento (LGAC): **Diagnóstico, ecología y manejo integrado de plagas, y Biotecnología, Inocuidad y Bioseguridad** que articulan el programa.

La presente memoria reúne quince contribuciones científicas desarrolladas por estudiantes del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología y un Investigador por México de la Secretaría de Ciencias, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), las cuales reflejan el avance de sus proyectos de investigación y la diversidad temática que caracteriza al Programa. Las contribuciones abordan problemáticas fitosanitarias de alta relevancia para la agricultura mexicana en once cultivos de importancia económica: agave, chía, chile, espárrago, fresa, haba, jitomate, maíz, piña, trigo y zarzamora. Los estudios comprenden enfermedades causadas por hongos, bacterias y nematodos fitopatógenos, así como el empleo de microorganismos benéficos para el control biológico. Asimismo, incorporan metodologías contemporáneas como diagnóstico morfológico y molecular, la filogenia, epidemiología, metagenómica, caracterización de comunidades microbianas, análisis espaciales y la evaluación de la resistencia genética y de agentes de control biológico, esto evidencia el carácter multidisciplinario y el rigor científico que distinguen la formación de las y los estudiantes en nuestro Posgrado.

En conjunto, las contribuciones abarcan desde investigaciones orientadas a comprender la diversidad biológica e interacción de organismos de importancia fitosanitaria, hasta estudios aplicados enfocados en el desarrollo de herramientas para diagnóstico, resistencia genética, control biológico y el manejo integrado

de enfermedades. Esta diversidad de enfoques refleja el vínculo entre la investigación básica y la investigación aplicada, donde la generación de conocimiento constituye la base para el desarrollo de tecnologías y estrategias que contribuyan a una agricultura más productiva, sostenible y segura.

La memoria pone de manifiesto que la investigación fitosanitaria contemporánea requiere enfoques integrales para comprender sistemas biológicos complejos. Los trabajos aquí reunidos integran herramientas de la fitopatología clásica con metodologías de microbiología, biología molecular, bioinformática, edafología, epidemiología y análisis espacial, reflejando la evolución de la disciplina hacia esquemas de investigación interdisciplinarios. Esta convergencia metodológica fortalece la capacidad del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología para formar investigadores con una visión científica amplia, capaces de abordar los problemas fitosanitarios desde los procesos moleculares hasta su impacto en los sistemas de producción agrícola.

Los avances presentados evidencian el compromiso institucional con la formación de investigadores capaces de generar conocimiento original, desarrollar tecnologías aplicables al sector agroalimentario y contribuir al fortalecimiento de la sanidad vegetal, la inocuidad alimentaria y la sostenibilidad de los sistemas agroalimentarios, en el contexto de políticas públicas del sector y de la SECIHTI. Asimismo, constituyen la base para futuras publicaciones científicas, innovaciones tecnológicas, vinculación con el sector productivo y generación de recomendaciones técnicas que contribuyan a la solución de problemas fitosanitarios de importancia nacional.

Los editores expresan su reconocimiento a la comunidad académica y administrativa, así como al personal de apoyo que hicieron posible la realización del evento **Avances de Investigación LGAC Fitosanidad 2026**. Se espera que esta memoria contribuya a la difusión del conocimiento generado en el Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología, fortalezca el intercambio académico entre investigadores y estudiantes y promueva nuevas colaboraciones científicas orientadas a la protección de la sanidad vegetal, el fortalecimiento de la seguridad alimentaria y la consolidación de sistemas agroalimentarios más resilientes, sostenibles y competitivos.

Ana María Hernández Anguiano

Coordinadora de Avances de Investigación por Fitopatología

Gustavo Mora Aguilera

Coordinador del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología

CONTENIDO

FACTORES EDÁFICOS ASOCIADOS A LA PUDRICIÓN DE RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA (<i>Fragaria</i> × <i>ananassa</i> Duch.), EN MICHOACÁN, MÉXICO	6
ESTRUCTURA POBLACIONAL DE BACTERIAS ENDOFÍTICAS EN ZARZAMORA SINTOMÁTICA Y ASINTOMÁTICA A MARCHITEZ	11
HONGOS ASOCIADOS A MARCHITEZ DE LA FRESA (<i>Fragaria</i> × <i>ananassa</i>) Y CARACTERIZACIÓN INTEGRAL DE <i>Fusarium</i> spp.	16
DECLINAMIENTO DE LA PIÑA (<i>Ananas comosus</i>) ASOCIADO A <i>Fusarium</i> spp. CON <i>Meloidogyne incognita</i> EN VERACRUZ, MÉXICO	21
EFFECTIVIDAD BIOLÓGICA DE <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Y <i>Bacillus velezensis</i> CONTRA <i>Clavibacter michiganensis</i> subsp. <i>michiganensis</i> EN EL CULTIVO DE JITOMATE EN INVERNADERO	26
DINÁMICA ESPACIAL Y TEMPORAL DEL SÍNDROME DE DECLINAMIENTO DEL ESPÁRRAGO (<i>Asparagus officinalis</i> L.) EN EL ESTADO DE MÉXICO	31
PREVALENCIA DE ESPECIES DE <i>Fusarium</i> EN GRANO DE MAÍZ CRIOLLO E HÍBRIDO ALMACENADO, PRODUCIDO EN CAMPECHE Y VERACRUZ, MÉXICO	36
CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA GENÉTICA DEL HABA (<i>Vicia faba</i> L.) A LA MANCHA CHOCOLATE	41
CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE LÍNEAS DE TRIGO DURO RESISTENTES A ROYA DE LA HOJA EN PLÁNTULA Y PLANTA ADULTA	46
RESPUESTA DEL CHILE CRIOLLO DE JOJUTLA (<i>Capsicum annuum</i>) FRENTE A <i>Bactericera cockerelli</i> (HEMIPTERA: TRIOZIDAE) Y <i>Candidatus Liberibacter solanacearum</i>	51
BIODIVERSIDAD DE ESPECIES DE ERYSIPIHALES EN LOCALIDADES DEL ESTADO DE MÉXICO, MÉXICO	56
IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PATÓGENOS ASOCIADOS AL CULTIVO DE CHÍA (<i>Salvia hispanica</i>) EN JALISCO, MÉXICO	61
MANEJO ALTERNATIVO DE LA MARCHITEZ (<i>Fusarium</i> spp.) DEL AGAVE (<i>Agave angustifolia</i>) EN SAN PEDRO IXHUATEPEC, PUEBLA	66
EVALUACIÓN Y SELECCIÓN DE CEPAS NATIVAS DE <i>Trichoderma</i> spp. CON POTENCIAL ANTAGÓNICO CONTRA ESPECIES DE <i>Neopestalotiopsis</i>	71
POTENCIAL ANTAGÓNICO DE <i>Chaetomium globosum</i> CONTRA <i>Neopestalotiopsis rosae</i> Y <i>N. clavispora</i>	76
BIOPROSPECCIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE ESPECIES NATIVAS <i>Trichoderma</i> spp. PARA RESTAURAR SUPRESIVIDAD DE SUELOS AGAVEROS DE JALISCO	81
CONSIDERACIONES FINALES	86

FACTORES EDÁFICOS ASOCIADOS A LA PUDRICIÓN DE RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA (*Fragaria* × *ananassa* Duch.), EN MICHOACÁN, MÉXICO

Alfredo **Gómez-Domingo**¹, Remigio Anastacio **Guzmán-Plazola**^{1*}, Olga **Gómez-Rodríguez**¹, José Sergio **Sandoval-Islas**¹, Gerardo Sergio **Benedicto-Valdés**², Ángel **Rebollar-Alviter**³

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Edafología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264. ³Universidad Autónoma Chapingo-Centro Regional Morelia. Morelia, Michoacán. CP 58170. *Autor para correspondencia:

rguzmanp@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La fresa (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) es uno de los cultivos de mayor importancia económica en México, el cual se encuentra entre los principales productores y exportadores de esta frutilla a nivel mundial (FAO, 2026). Entre los principales factores que limitan la producción de fresa, el marchitamiento y la pudrición de raíz y corona constituyen el principal problema fitosanitario en las regiones productoras del país (Narro-Sánchez et al., 2006), con pérdidas que pueden superar el 50 % (Martínez y Del Río, 1977). Entre los hongos asociados a estos síntomas se encuentran *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Verticillium* spp., *Rhizoctonia* spp., *Phytophthora* spp. (Narro-Sánchez et al., 2006). Recientemente se han reportado *Macrophomina* spp. (Qamar et al., 2019) y *Neopestalotiopsis* spp. (Rebollar-Alviter et al., 2020). Los hongos del suelo asociados a la fresa se consideran un problema y causan pérdidas significativas, en función de las condiciones ambientales, del manejo del cultivo y de las características edáficas (Ceja et al., 2008). Las propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo desempeñan un papel determinante en la expresión de enfermedades causadas por patógenos edáficos: el pH, la textura, la humedad, la materia orgánica y la disponibilidad de nutrientes pueden modificar la interacción patógeno-hospedante y la severidad de la enfermedad (Montesinos, 2019). La incidencia de enfermedades radicales se relaciona con el deterioro de las propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo, ya que estas condiciones favorecen el establecimiento y desarrollo de patógenos de importancia agrícola, como *Fusarium* spp. En suelos donde ocurre este patógeno se han documentado incrementos en el contenido de humedad, reducción de la aireación, bajos contenidos de materia orgánica, disminución del nitrógeno disponible, menor disponibilidad de potasio intercambiable y baja saturación de bases (Chau et al., 2026). El exceso de humedad favorece el desarrollo y la

propagación de enfermedades radicales al reducir la difusión de oxígeno en la rizosfera y generar condiciones hipóxicas que afectan el funcionamiento de las raíces (Yan & Nelson, 2022). El conocimiento de los agentes causales y de los factores asociados al desarrollo de la enfermedad constituye una herramienta fundamental para el diseño de estrategias de manejo más eficientes (Martínez-Ruiz et al., 2016). En este contexto, el objetivo de este estudio fue evaluar la relación entre las propiedades del suelo y la incidencia y severidad de la marchitez y de la pudrición de la raíz y corona de la fresa en Michoacán, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio y muestreo. En 2024 se colectaron muestras de suelo en 64 unidades de producción (UP) de fresa en Michoacán, México. En cada UP se obtuvieron dos muestras compuestas; una de áreas con plantas con síntomas de pudrición de raíz y corona y otra de áreas con plantas asintomáticas. Asimismo, se evaluaron la incidencia y la severidad de la enfermedad en cada UP mediante la escala de severidad propuesta por Acosta-González et al. (2024).

Caracterización de suelo. Se determinaron el porcentaje de arena, limo y arcilla, clase textural, densidad aparente (Dap), densidad real (Dr), porosidad total (PT), capacidad de campo (CC), punto de marchitez permanente (PMP), pH, conductividad eléctrica (CE) y el contenido de materia orgánica (MO) (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [RECNAT], 2002). Los tres últimos parámetros no se incluyeron por encontrarse aún en proceso de determinación.

Análisis estadístico. Las diferencias en las propiedades físicas del suelo entre áreas con plantas sintomáticas y asintomáticas se evaluaron mediante un diseño de bloques completos al azar, considerando cada unidad de producción (UP) como bloque y la condición sanitaria como factor de estudio. Se realizó un análisis de varianza multivariado (MANOVA) con las variables arena, limo, Dap, Dr, CC y PMP, utilizando el estadístico de Pillai para evaluar la significancia. Posteriormente, se efectuaron análisis de varianza individuales y, cuando no se cumplió el supuesto de normalidad (Shapiro-Wilk), se aplicó la prueba de rangos con signo de Wilcoxon para muestras pareadas. La asociación entre las propiedades del suelo y la enfermedad se exploró mediante análisis de componentes principales (PCA) y la correlación de Spearman, utilizando los valores promedio de las propiedades edáficas por UP. En el PCA, los valores de incidencia y severidad se agruparon en cinco clases, mientras que en la correlación de Spearman se emplearon los valores originales. La relación entre la textura del suelo y los niveles de incidencia o severidad se evaluó

mediante la prueba exacta de Fisher con simulación de Monte Carlo (10,000 repeticiones) y análisis de correspondencia simple. Para ello se utilizaron cuatro clases texturales (arcilla, arcilla limosa, franco y franco arcilloso). Todos los análisis estadísticos se realizaron utilizando el software R (R Core Team, 2025).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El MANOVA indicó diferencias multivariadas significativas en las propiedades físicas del suelo entre áreas con plantas sintomáticas y asintomáticas ($p = 0.001$). Los ANOVA mostraron que la densidad aparente (Dap), la capacidad de campo (CC) contribuyeron principalmente a estas diferencias ($p < 0.05$), con valores más altos en áreas con plantas sintomáticas (Dap = 1.62 g cm^{-3} ; CC = 46.57 %) que en áreas con plantas asintomáticas (Dap = 1.56 g cm^{-3} ; CC = 45.53 %). La prueba de Wilcoxon confirmó estos resultados. El análisis de componentes principales explicó el 70.81 % de la variación total (PC1 = 53.66 %; PC2 = 17.15 %); sin embargo, las UP con diferentes niveles de incidencia y severidad mostraron un amplio traslape, sin agrupamientos definidos. Las correlaciones de Spearman fueron débiles, con coeficientes entre -0.39 y 0.17 para incidencia y entre -0.34 y 0.16 para severidad. En contraste, la textura del suelo mostró una asociación con la incidencia (Fisher, $p = 0.0391$), pero no con la severidad ($p > 0.05$). El análisis de correspondencia explicó el 93.7 % de la inercia total y mostró una tendencia de las incidencias intermedias (clase 3) a asociarse con suelos franco-arcillosos y de las incidencias altas (clase 4) con suelos arcillosos. Los residuos estandarizados indicaron una mayor frecuencia de incidencia de clase 3 en suelos franco-arcillosos (stdres = 2.58) y de clase 4 en suelos arcillosos (stdres = 2.29), mientras que las incidencias bajas fueron menos frecuentes de lo esperado en suelos franco-arcillosos (stdres = -2.23). El PCA por clases texturales mostró que los suelos arcillosos se asociaron con mayores valores de Dap, CC y PMP, mientras que los suelos francos y franco-arcillosos se relacionaron con mayores contenidos de arena, limo y porosidad; los suelos arcillo-limosos ocuparon una posición intermedia. En conjunto, los resultados sugieren que la textura podría influir en la distribución de la enfermedad en las UP mediante efectos sobre la retención de humedad, la aireación y el desarrollo radical (Chau et al., 2026; Yan & Nelson, 2022), aunque no necesariamente en la intensidad de los síntomas. Asimismo, factores como el estado fitosanitario de las plantas de vivero, las variedades cultivadas y las prácticas de manejo podrían contribuir a la variación observada en la incidencia y severidad de la marchitez y la pudrición de la raíz y corona de la fresa en Michoacán.

Las propiedades físicas del suelo difirieron entre áreas con plantas sintomáticas y asintomáticas dentro de las UP, principalmente debido a cambios en la densidad aparente y en la capacidad de campo. Sin embargo, estas variables no mostraron una relación consistente con la incidencia y severidad de la enfermedad entre las unidades de producción. En contraste, la textura del suelo se asoció con los niveles de incidencia, lo que sugiere que esta propiedad podría influir en la distribución de la marchitez y la pudrición de raíz y corona de la fresa en Michoacán.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada para el desarrollo de los estudios doctorales del primer autor.

LITERATURA CITADA

- Acosta-González, U., Leyva-Mir, S. G., Silva-Rojas, H. V., & Rebollar-Alviter, A. (2024). Preventive and curative effects of treatments to manage strawberry root and crown rot caused by *Neopestalotiopsis rosae*. *Plant Disease*, 108(5), 1278–1288. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-23-0958-RE>
- Ceja, T. L. F., Mora, G., Téliz, D., Mora, A., Sánchez, P. G., Muñoz, R., Tlapal, B., y de la Torre, A. (2008). Ocurrencia de hongos y etiología de la secadera en la fresa con diferentes sistemas de manejo agronómico. *Agrociencia*, 42, 451–461.
- Chau, A. T. T., Nguyen, N. T., Tat, A. T., Nguyen, K. N., Robatjazi, J., & Vo, G. T. (2026). Site-specific relationship between root rot disease and soil properties in king mandarin (*Citrus nobilis*) orchards. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 59(2), 94–109. <https://doi.org/10.1080/03235408.2025.2599398>
- FAO. (2026). FAOSTAT Statistical Database. Production – Crops. FAOSTAT. <https://www.fao.org/faostat/es/#data>
- Martínez, A. J., y Del Río, M. A. O. (1977). Principales enfermedades de la fresa en el Valle de Zamora, Michoacán. Memorias Del VII Congreso Nacional de La Sociedad Mexicana de Fitopatología, Resumen, 47.

- Martínez-Ruiz, F., Cervantes-Díaz, L., Aíl-Catzím, C., Hernández-Montiel, L., Sánchez, C., & Rueda-Puente, E. (2016). Hongos fitopatógenos asociados al tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en la zona árida del Noroeste de México: La importancia de su diagnóstico. *European Scientific Journal*, 12(18), 232. <https://doi.org/10.19044/esj.2016.v12n18p232>
- Montesinos, E. (2019). Cambio climático y enfermedades bacterianas de las plantas. *Fitopatología*, 4, 18–24.
- Narro-Sánchez, J., Dávalos-González, P. A., Velásquez-Valle, R., & Castro-Franco, J. (2006). Main strawberry diseases in Irapuato, Guanajuato, & Zamora, Michoacan, Mexico. In G. Waite (Ed.), Vth Int. Strawberry Symposium (pp. 167–172). Acta Hort. 708, ISHS.
- Qamar, M. I., Ghanzafar, M. U., Abbas, M. F., Zainab, R., Andleeb, S., Shafiq, M., & Mushtaq, S. (2019). First report of *Macrophomina phaseolina* causing crown and root rot on strawberry in Sargodha, Pakistan. *Plant Disease*, 103(6), 1420–1420. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-18-1876-PDN>
- R Core Team. (2025). R: A language and environment for statistical computing (Version 4.5.1) [Software]. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Rebollar-Alviter, A., Silva-Rojas, H. V., Fuentes-Aragón, D., Acosta-González, U., Martínez-Ruiz, M., & Parra-Robles, B. E. (2020). An emerging strawberry fungal disease associated with root rot, crown rot and leaf spot caused by *Neopestalotiopsis rosae* in Mexico. *Plant Disease*, 104(8), 2054–2059. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2493-SC>.
- Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [RECENAT]. (2002). Norma Oficial Mexicana NOM-021-RECENAT-2000. Especificaciones de fertilidad, salinidad y clasificación de suelos. Estudios, muestreo y análisis.
- Yan, H., & Nelson, B. (2022). Effects of soil type, temperature, and moisture on development of *Fusarium* root rot of soybean by *Fusarium solani* (FSSC 11) and *Fusarium tricinctum*. *Plant Disease*, 106(11), 2974–2983. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-21-2738-RE>

ESTRUCTURA POBLACIONAL DE BACTERIAS ENDOFÍTICAS EN ZARZAMORA SINTOMÁTICA Y ASINTOMÁTICA A MARCHITEZ

Citlalmina Erandy **Montes-Hernández**¹, Sergio **Aranda-Ocampo**¹, Gustavo **Mora-Aguilera**^{1*}, José Antonio **Mora-Aguilera**¹, Dulce Jazmín **Hernández-Melchor**²

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Edafología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264. *Autor para correspondencia: morag@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Ante el incremento en la producción y demanda internacional de zarzamora, existen problemas sanitarios que comprometen su rendimiento, destacando la marchitez asociada a *Fusarium* spp. (Pastrana et al., 2020). Una alternativa son las bacterias endófitas, las cuales viven dentro de la planta sin causar daño, con mayor diversidad en raíz que en hojas. Otra alternativa es el uso de cultivares de *Rubus* sp. a partir de pocas especies silvestres (Meng et al., 2022). Estas bacterias producen beneficios directos o indirectos, en la estimulación del crecimiento o protección contra patógenos (Kandasamy & Kathirvel, 2023). Debido a limitaciones de microbiología clásica para aislamiento de bacterias endófitas, actualmente se emplea el análisis de ADN total, el cual permite caracterizar estas comunidades (Kuramshina et al., 2023). La domesticación de *Rubus* sp. y su manejo agrícola dinámico ha generado un cuello de botella genético y en su microbioma, alterando sus poblaciones bacterianas para la defensa contra patógenos y rendimiento. El objetivo de este estudio fue identificar y comparar la diversidad bacteriana asociada a tejidos de zarzamora, mediante un enfoque dual: consistente en aislamiento por cultivos *in vitro* tradicionales y el análisis metagenómico a partir de ADN total.

MATERIALES Y MÉTODOS

Lugar de colecta y aislamiento: En agosto del 2025, se muestrearon cuatro predios comerciales de cv. Tupy con diferentes manejos agronómicos (TEN, TRI, TJ1, TPZ) y tres sitios de plantas silvestres en Zitácuaro, Michoacán (TRG, TAG, TFO).

A partir de muestras compuestas de 3 g de tallo y raíz previamente lavados y desinfectados, se molieron a 127V durante 1 min con 30 mL de agua destilada estéril. Se realizaron diluciones seriadas 1×10^{-2} y se sembraron alícuotas de 100 μ l en placas de agar nutritivo (AN) con tres

repeticiones. Después de incubar a 28°C por 72 h, se cuantificaron las unidades formadoras de colonias (UFC) y se aislaron las prevalentes.

Caracterización cultural: Un total de 123 aislamientos se caracterizaron de acuerdo con su morfología colonial en medio de cultivo AN en incubación a 28°C en oscuridad (Das et al., 2024). Se diferenció la pared celular por KOH 3%. Las bacterias purificadas se seleccionaron para caracterización molecular y se conservaron por duplicado en glicerol al 20%.

Caracterización molecular de aislados cultivados: El ADN bacteriano se extrajo con el protocolo CTAB 2 % con modificaciones (Doyle y Doyle 1990). Los fragmentos se amplificaron usando los genes 16S y GyrB con los iniciadores 8F / 1492R y gyrB3/ gyrB4 (Glaeser & Kämpfer, 2015). La PCR punto final (25 µL) contuvo: 5X Green Buffer GoTaq Promega, 10 mM de dNTPs Promega, 200 nM de cada iniciador, 0.2 U de GoTaq® DNA polimerasa (Promega) y 1 µL de ADN (10 ng/µL). Las condiciones térmicas siguieron a Glaeser y Kämpfer (2015). Las muestras se secuenciaron en MacroGen Inc. (Corea).

Análisis metagenómico de ADN total: El ADN de plantas se extrajo con CTAB 2% modificado (Healey et al., 2014), verificando calidad (1.8) y concentración (40 ng/µL). El servicio comercial de Innomics Inc. realizó la secuenciación estándar de amplicones V3-V4 (PE300, 100K etiquetas) del gen 16S rRNA para bacterias, ITS1 (PE300, 100K etiquetas) del gen ITS para hongos, y metagenómica *Shotgun* para genomas completos. El análisis bioinformático se corrió en el servidor Galaxy Europe.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se registraron los síntomas y severidad de marchitez en plantas comerciales y silvestres, identificadas como *Rubus adenotrichos* (Rodríguez-Bautista et al., 2021). La composición endofítica fue mayor en Tupy.

El número de unidades formadoras de colonias fue mayor número en raíces, con promedios de 431 colonias en cv. Tupy y 379 colonias en *R. adenotrichos*. Se obtuvieron un total de 29 colonias con diferente morfología, (18 de Tupy y 11 de *R. adenotrichos*) y 33 en raíz (24 de Tupy y 9 de *R. adenotrichos*). En Tupy, se encontraron cinco morfologías (amiboide, circular, irregular, puntiforme y rizoide), con predominancia de la circular. En contraste, con aislamientos de plantas silvestres no se encontró la morfología rizoide. La prueba de KOH 3%, permitió diferenciar que el

83.33% y 65.62% del total de bacterias de plantaciones Tupy y silvestre respectivamente, corresponden a Gram (-).

La identificación taxonómica con 16S y GyrB, (homología $\geq 90\%$ con NCBI) se generó con árboles filogenéticos. El contraste de diversidad evidenció que las prácticas agrícolas actúan como filtro de selección sobre el microbioma con posibles implicaciones en su vulnerabilidad (Wagas et al., 2025). La comunidad cultivable en Tupy mostró menor variabilidad; dominada por *Bacillus* spp., *Pseudomonas* spp. y *Klebsiella* sp. En plantas silvestres predominaron *Bacillus* spp., *Pseudomonas* spp., *Microbacterium* spp., *Stenotrophomonas* spp. y *Lelliottia* sp, en ese orden.

El análisis de secuenciación masiva en tallos empleando herramientas FASTQC, CutAdapt, Kraken2, Pavian y asignación taxonómica con GreenGenes 2022 permitió caracterizar la estructura de poblaciones bacterianas cultivables y no cultivables, selección por putativa estabilidad en comunidades. La diversidad alfa representada por el índice de Shannon fue mayor en la muestra TRG y TJ1 con 2.40 y 1.63 respectivamente. Para evaluar la complejidad del microbioma por nicho ecológico, se propone el Índice de Microbioma Bacteriano (IMB), 6.14 para TRG y 6.00 para TJ1. El cálculo de A nivel de *phylum* bacteriano, se obtuvieron variaciones en abundancia relativa entre las muestras de zarzamora TJ1-Tupy y TRG-silvestre. Esto confirma que el manejo agronómico ejerce presión de selección sobre el microbioma de la planta. En TRG-silvestre, la comunidad bacteriana exhibió una distribución equilibrada y diversa, dominada por tres *phylum*, Proteobacteria (~35%), Firmicutes (~34%) y Bacterioidetes (~25%). En menor proporción se detectó Actinobacteria (~5%) y *phylum* minoritarios de Acidobacteria, Thermi y un porcentaje bajo de secuencias no asignadas de taxones no definidos.

A nivel género, se detectó a *Pseudomonas* y *Rhizobium* dominante, consolidándose como los principales componentes del microbioma del tallo. *Sphingomonas*, *Methylobacterium*, *Paenibacillus* y *Flavobacterium* en frecuencias moderadas se han reportado como endófitos de tejidos aéreos con potencial en promoción de crecimiento. Esta estructura de comunidad equilibrada sugiere que, en ausencia de presión de selección antropogénica, el nicho silvestre coevoluciona hacia comunidades microbianas funcionalmente diversas y estables (Yang et al., 2025). En contraste, TJ1-Tupy tuvo menor diversidad, se caracterizó por la predominancia del *phylum* Firmicutes (~55%) y Bacterioidetes (~38%). El *phylum* Proteobacteria (5%) en menor abundancia respecto a la muestra silvestre (5% vs 35%). A nivel género, se encontró a

Pseudomonas, *Methylobacterium*, *Acinetobacter* y *Dietzia*. Los cuales son reconocidos por su potencial benéfico principalmente, en inducción de resistencia. La presencia de bacterias como *Terriglobus*, *Akkermansia*, *Oscillospora*, *Prevotella*, *Dehallobacter*, *Anaeroplasm* y *Desulfovibrio*, además de secuencias sin asignar a un taxón, que podrían funcionar como un reservorio genético en plantas representan una fracción importante de organismos difíciles de cultivar en medios de cultivo (Lloyd et al., 2018).

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por la beca de posgrado otorgada. Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo por sus áreas de investigación, equipos y materiales brindados. A mi Consejo Particular; Laboratorio CP-LANREF por su colaboración y apoyo en todo el proceso experimental, M. en C. Rodrigo Muñoz Javier por consultas genómicas; y a los productores que nos facilitaron el ingreso a sus plantaciones para el muestreo.

LITERATURA CITADA

- Das, T., Mahapatra, S., Bhushan, B. T., Hasibul, S. K., Rayanoothala, P. S., & Kashyap, P. (2024). Molecular identification and characterizations of rhizobacterial isolates collected from lentil rhizosphere of Indo-gangetic plains. *Brazilian Journal of Microbiology*, 1897–1911. <https://doi.org/10.1007/s42770-024-01366-2>
- Healey, A., Furtado, A., Cooper, T., & Henry, R. (2014). Protocol: a simple method for extracting next-generation sequencing quality genomic DNA from recalcitrant plant species. *Plant Methods* 10, 21. <https://doi.org/10.1186/1746-4811-10-21>
- Kandasamy, G., & Kathirvel, P. (2023). Insights into bacterial endophytic diversity and isolation with a focus on their potential applications: A review. *Microbiological Research*, 266, 127256. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127256>
- Kuramshina, Z. M., Khairulli, R. M., & Maksimov, I. V. (2023). Endophytic bacteria *bacillus* spp. in the formation of adaptive potential of plants. *Russian Journal Plant Physiology*, 70, 186. <https://doi.org/10.1134/S1021443723602021>

- Lloyd, K. G., Steen, A. D., Ladau, J., Yin, J., & Crosby, L. (2018). Phylogenetically novel uncultured microbial cells dominate earth microbiomes. *mSystems*, 3(5), e00055-18. <https://doi.org/10.1128/msystems.00055-18>
- Pastrana, A. M., Cline, W. O., Wong, T. W., Watson, D. C., Mercier, J., Broome, J. C., Quesada-Ocampo, L. M., & Gordon, T. R. (2020). First report of *Fusarium* wilt of blackberry caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *mori* in North Carolina. *Plant Disease*, 104, 971. <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-09-19-1980-PDN>
- Rodríguez-Bautista, G., Segura-Ledezma, S. D., Cruz-Izquierdo, S., López-Medina, J., Cruz-Huerta, N., y Valenzuela-Nuñez, L. M. (2021). Distribución potencial y caracterización eco-climática de especies silvestres de *Rubus* subgenus *Eubatus* en México. *Polibotánica*, 52, 103-116. <http://dx.doi.org/10.18387/polibotanica.52>
- Yang, H., Zhang, X., Yan, Z., Wang, Y., Wang, Q., Lu, B., Chen, J., & Wu, X. (2025). Diversity and function of strawberry endophytic bacterial communities associated with host genotype and niche. *Current Microbiology*, 82, 244. <https://doi.org/10.1007/s00284-025-04223-z>
- Wagas, M., McCouch, S. R., Francioli, D., Tringe, S., Manzella, D., Khoury, C., Rieseberg, L., Dempewolf, H., Langridge, P., & Geilfus, C. (2025). Blueprints for sustainable plant production through the utilization of crop wild relatives and their microbiomes. *Nature communications*, 16, 6364. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-61779-x>

HONGOS ASOCIADOS A MARCHITEZ DE LA FRESA (*Fragaria* × *ananassa*) Y CARACTERIZACIÓN INTEGRAL DE *Fusarium* spp.

Uriel Acosta-González¹, José Antonio Mora-Aguilera^{1*}, Daniel Téliz-Ortiz¹, Cristian Nava-Díaz¹, Hilda Victoria Silva-Rojas², Ángel Rebollar-Alviter³

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Producción de Semillas. Colegio de Postgraduados-Montecillo.

Texcoco, Edo. de México. CP 56264. ³Universidad Autónoma Chapingo-Centro Regional Morelia. Morelia,

Michoacán. CP 58170. *Autor para correspondencia: aguilera@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La fresa (*Fragaria* × *ananassa*) es uno de los cultivos de mayor importancia económica a nivel mundial por su alta demanda comercial. México ocupa el cuarto lugar mundial en producción, siendo Michoacán, Baja California y Guanajuato los principales estados productores. Sin embargo, la productividad del cultivo es afectada por enfermedades que dañan el sistema radical y la corona, provocando marchitez y pérdidas significativas de rendimiento. La marchitez de la fresa es una enfermedad compleja asociada con diversos hongos y oomicetos, entre ellos especies de *Fusarium*, *Neopestalotiopsis*, *Macrophomina*, *Colletotrichum*, *Phytophthora* y *Pythium* (Koike y Gordon, 2015; Rebollar-Alviter et al., 2020). Aunque varios de estos patógenos han sido reportados en México (Cejá-Torres et al., 2008; Mariscal-Amaro et al., 2017), la información sobre su diversidad y distribución en las principales regiones productoras sigue siendo limitada. Esta situación cobra relevancia debido a la introducción continua de nuevas variedades comerciales y a las diferencias regionales en clima, altitud, suelo, manejo agronómico y cultivares, factores que pueden favorecer el desarrollo epidémico o la selección local de microorganismos. Estudios preliminares realizados como parte de esta investigación revelaron una alta frecuencia de aislamiento de *Fusarium* spp. en plantas sintomáticas, sugiriendo que este género es uno de los principales componentes del complejo etiológico de la marchitez. Los objetivos de este estudio fueron: i) determinar la diversidad y prevalencia de hongos asociados a la marchitez de la fresa en seis de los principales estados productores de México; ii) caracterizar morfológica y molecularmente aislamientos representativos de *Fusarium* spp.; y iii) evaluar su patogenicidad y agresividad en el cultivar ‘Adelanto’.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo y aislamiento de hongos. Se muestrearon zonas productoras de fresa durante dos temporadas consecutivas (septiembre–febrero de 2024–2025 y 2025–2026) en Michoacán, Guanajuato, Baja California, Jalisco, Estado de México y Puebla. En cada predio visitado se seleccionaron cinco sitios de muestreo y recolectaron una planta con marchitez y una asintomática por sitio. A partir de muestras de raíz y corona se obtuvieron aislamientos fúngicos monoconidiales mediante técnicas microbiológicas convencionales.

Diversidad de hongos asociados a marchitez. Los aislamientos obtenidos se agruparon a nivel de género con base en morfología y se estimó la frecuencia de aislamiento de cada uno. Asimismo, se elaboró un mapa de distribución y calcularon los índices de diversidad de Shannon-Wiener y Simpson (Shannon, 1948; Simpson, 1949).

Caracterización cultural y morfológica de *Fusarium* spp. Los aislamientos de *Fusarium* spp. fueron caracterizados mediante variables culturales y microscópicas en los medios PDA, SNA y agar Sabouraud (McKnight, 1972; Crous et al., 2021). Posteriormente, se realizó un análisis de agrupamiento por K-means para definir grupos morfológicos y seleccionar aislamientos representativos para caracterización molecular y evaluación de patogenicidad.

Caracterización molecular. El ADN se extrajo mediante el método CTAB al 2% (Doyle y Doyle, 1990). La identificación molecular se realizó mediante amplificación y secuenciación del gen *tef1* con los cebadores EF1/EF2. Las secuencias obtenidas se compararon con registros de referencia disponibles en GenBank. Adicionalmente, se incorporarán las regiones ITS, *tub2* y *rpb2* para análisis filogenéticos multilocus.

Patogenicidad. Se evaluaron 54 aislamientos representativos de *Fusarium* spp. en plantas de fresa cv. ‘Adelanto’ bajo condiciones de invernadero. El inóculo se obtuvo de cultivos monoconidiales e incrementó en semillas de arroz (Acosta-González et al., 2022). La inoculación se realizó por inmersión radicular en una suspensión de 1×10^6 conidios mL⁻¹. Se inocularon 15 plantas por aislamiento y se registraron el período de incubación, incidencia, severidad y mortalidad. La severidad se evaluó mediante una escala diagramática desarrollada para este estudio con base en Villarino et al. (2019).

Análisis estadístico. La frecuencia relativa y los índices de Shannon-Wiener y Simpson se calcularon para cada entidad federativa. Los valores de severidad, fueron transformados a porcentaje y posteriormente se analizaron junto con la incidencia y mortalidad, mediante modelos lineales mixtos de medidas repetidas en R v. 4.5.0 (R Core Team, Vienna, Austria), usando la interfaz RStudio (Posit Software, PBC, Boston, MA, USA). La comparación de medias se realizó mediante la prueba de Tukey y se calculó el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diversidad de hongos asociados a marchitez. Se obtuvieron 1049 aislamientos fúngicos agrupados en 11 categorías taxonómicas. *Fusarium* fue el género predominante con 414 aislamientos (39.47 %), seguido por *Neopestalotiopsis* (18.40 %), *Alternaria* (7.72 %), *Macrophomina* (6.48 %) y *Rhizoctonia* (6.10 %). Los índices indicaron una diversidad moderada (Shannon, $H' = 1.87$; Simpson, $1-D = 0.78$). La amplia distribución y frecuencia de *Fusarium* en las entidades muestreadas evidencian su relevancia dentro del complejo de marchitez de la fresa en México. Asimismo, la detección frecuente de *Alternaria* spp., amplía los registros previos para esta enfermedad en México.

Caracterización morfológica de *Fusarium* spp. El análisis de 414 aislados permitió identificar dos clados principales y 28 grupos morfológicos, de los cuales se seleccionaron 125 aislamientos, para su caracterización molecular y evaluación de patogenicidad. La variabilidad fenotípica observada sugiere la presencia de múltiples especies o complejos de especies asociados a la marchitez de la fresa en México, lo cual concuerda con la complejidad taxonómica reportada para el género *Fusarium* (Crous et al., 2021).

Caracterización molecular de *Fusarium* spp. Se obtuvieron 10 secuencias parciales del gen *tef1*. Su comparación con secuencias de referencia permitió asociar los aislamientos a los complejos de especies *F. oxysporum* (FOSC) y *F. fujikuroi* (FFSC), sugiriendo diversos linajes de *Fusarium* asociados a la marchitez de la fresa en México. Estos resultados concuerdan con la variabilidad observada durante la caracterización morfológica y sugieren que la diversidad de *Fusarium* es mayor a la reportada previamente por Ceja-Torres et al. (2008) y Mariscal-Amaro et

al. (2017) para este cultivo. La incorporación de ITS, *tub2* y *rpb2* permitirá realizar análisis filogenéticos multilocus para delimitar con mayor precisión la diversidad de especies.

Patogenicidad de *Fusarium* spp. en el cv. ‘Adelanto’. Los aislamientos evaluados mostraron variabilidad en agresividad, desde no patogénicos hasta altamente virulentos. CP87M, CP64M y CP65M fueron los más agresivos, con 100 % de incidencia, severidad y mortalidad, y un periodo de incubación de 12 d. Los síntomas incluyeron marchitez, necrosis radicular y muerte de plantas. El análisis de medidas repetidas detectó diferencias significativas en la progresión de la enfermedad entre aislamientos, mientras que la presencia de aislamientos no patogénicos indicó que no todas las poblaciones de *Fusarium* recuperadas de plantas enfermas participan directamente en la marchitez. En conjunto, los resultados demuestran que *Fusarium* spp. constituyen uno de los principales grupos fúngicos asociados a marchitez de la fresa en México y presentan amplia variabilidad morfológica, molecular y patogénica, con aislados altamente agresivos que representan un riesgo potencial para la producción del cultivo.

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por la beca otorgada al primer autor para el desarrollo de sus estudios de Doctorado. Al Colegio de Postgraduados por el apoyo financiero, y a la Universidad Autónoma Chapingo (CAR) y al Consejo Particular por el apoyo brindado para esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Acosta-González, U., Silva-Rojas, H. V., Fuentes-Aragón, D., Hernández-Castrejón, J., Romero-Bautista, A., & Rebollar-Alviter, A. (2022). Comparative performance of fungicides and biocontrol products in the management of *Fusarium* wilt of blackberry. *Plant Disease*, 106(5), 1419-1427. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-21-1742-RE>
- Ceja-Torres, L. F., Mora-Aguilera, G., Téliz-Ortiz, D., Mora-Aguilera, A., Sánchez-García, P., Muñoz-Ruíz, C., Tlapal-Bolaños, B., y La Torre-Almaraz, D. (2008). Ocurrencia de hongos y etiología de la secadera de la fresa con diferentes sistemas de manejo agronómico. *Agrociencia*, 42(4), 451–461.
- Crous, P. W., Lombard, L., Sandoval-Denis, M., Seifert, K. A., Schroers, H. J., Chaverri, P., ... & Thines, M. (2021). *Fusarium*: more than a node or a foot-shaped basal cell. *Studies in mycology*, 98, 100116. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2021.100116>

- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Koike, S. T., & Gordon, T. R. (2015). Management of *Fusarium* wilt of strawberry. *Crop Protection*, 73, 67-72. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.02.003>
- Mariscal-Amaro, L. A., Rivera-Yerena, A., Dávalos-González, P. A., y Ávila-Martínez, D. (2017). Situación actual de hongos asociados a la secadera de la fresa (*Fragaria × ananassa* Duch.) en Guanajuato, México. *Agrociencia*, 51(6), 673-681.
- McKnight, K. H. (1972). Review of the book a mycological colour chart, by R. W. Rayner. *Mycologia*, 64(1), 230–233. <https://doi.org/10.2307/3758035>
- Rebollar-Alviter, A., Silva-Rojas, H. V., Fuentes-Aragón, D., Acosta-González, U., Martínez-Ruiz, M., & Parra-Robles, B. E. (2020). An emerging strawberry fungal disease associated with root rot, crown rot and leaf spot caused by *Neopestalotiopsis rosae* in Mexico. *Plant Disease*, 104(8), 2054-2059. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2493-SC>
- Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *The Bell system technical journal*, 27 (3), 379-423. <https://doi.org/10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x>
- Simpson, E. H. (1949). Measurement of diversity. *Nature*, 163(4148), 688-688. <https://doi.org/10.1038/163688a0>
- Villarino, M., De la Lastra, E., Basallote-Ureba, M. J., Capote, N., Larena, I., Melgarejo, P., & De Cal, A. (2019). Characterization of *Fusarium solani* populations associated with Spanish strawberry crops. *Plant disease*, 103(8), 1974-1982. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-19-0342-RE>

DECLINAMIENTO DE LA PIÑA (*Ananas comosus*) ASOCIADO A *Fusarium* spp. CON *Meloidogyne incognita* EN VERACRUZ, MÉXICO

Japhet **Torres-López**^{1*}, José Antonio **Mora-Aguilera**¹, Daniel **Téliz-Ortiz**¹, Cristian **Nava-Díaz**¹,

Luis Alfonso **Aguilar-Pérez**²

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias-Córdoba. Universidad Veracruzana. CP 94945. *Autor para

correspondencia: torres.japhet@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Los frutales tropicales desempeñan un papel importante en la superficie cultivada y valor de la producción agrícola de México. En 2024, la superficie nacional establecida con piña fue de 47,141.24 ha, de la cual Veracruz concentró la mayor superficie con 38,784.87 ha. En Veracruz, las mayores superficies se encuentran en Isla (11,511.38 ha), Juan Rodríguez Clara (11,442.58 ha) y José Azueta (10,621.94 ha), siendo la principal variedad ‘MD-2’ (SIAP, 2024). Los principales problemas parasitarios que limitan la producción de piña a nivel mundial incluyen la pudrición del cogollo (*Phytophthora nicotianae*, *P. palmivora* y *P. cinnamomi* (Rohrbach & Johnson, 2003), del fruto (*Dickeya zeae*) y declinamiento, asociado a nemátodos fitoparásitos de los géneros *Meloidogyne*, *Pratylenchus*, *Helicotylenchus*, *Rotylenchulus*, *Mesocriconema*, y *Hoplolaimus* (Phadungkit et al., 2024) y *Fusarium* spp.

Los nemátodos causan pérdidas de hasta 40% en piña (Phadungkit et al., 2024). Destaca *Meloidogyne* por causar agallas y declinamiento en casos severos. En el año 2022, se describió el síndrome del declinamiento, asociado a *Fusarium* spp. en Costa Rica. El problema se presenta en manchones, causa clorosis y desecamiento de hojas, pérdida gradual de vigor, lesiones del tejido vascular en tallos y muerte descendente (Blanco-Meneses et al., 2022). También, en el año 2025, se observaron daños en plantas del cv. ‘MD-2’ con clorosis foliar, decoloración del tejido vascular del tallo, pudrición y endurecimiento de raíces, así como presencia de tejido de textura gelatinosa y asociación con poblaciones endógenas de *Fusarium* spp. en Veracruz (Torres-López, Japhet, datos no publicados).

Cuando los nematodos interactúan con *Fusarium* pueden aumentar la incidencia y la tasa de mortalidad de plantas (Khan & Sharma, 2020). Los antecedentes mencionados sugieren la presencia de un complejo fitosanitario asociado al declinamiento de piña, cuya etiología aún no ha sido esclarecida en México. Considerando que *Fusarium* spp. y diversos nematodos fitoparásitos se asocian con síntomas de declinamiento, y que sus interacciones pueden incrementar la severidad de la enfermedad, se planteó la presente investigación con los siguientes objetivos generales: a) Caracterización patogénica, morfológica y molecular de especies de *Fusarium* asociadas al declinamiento de la piña en Veracruz, b) Evaluar el efecto de la interacción entre *M. incognita* y *Fusarium* spp. sobre la severidad del declinamiento y alteraciones anatómicas en plantas con infección experimental, y c) Determinación de la tipología de alteraciones fisiológicas, anatómicas y análisis histoquímico de depósitos de exudados “gelatinosos” derivados de la interacción infectiva hongo-nematodo en hojas, corona y raíces de plantas inoculadas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo. El área de estudio comprenderá Isla, Juan Rodríguez Clara y José Azueta, Veracruz. Se considerarán 36 sitios de muestreo determinados con base en contrastes edafoclimáticos, que incluyen textura, tipo de suelo y precipitación. Se recopilará información cartográfica digital correspondiente a los límites municipales, tipos de suelo y precipitación con base en la Carta Edafológica Serie II y otras bases de datos del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). Las capas vectoriales serán integradas y procesadas mediante QGIS®. En cada sitio se recolectarán dos muestras, cada una conformada por tres plantas, una con síntomas de declinamiento y dos asintomáticas.

Aislamiento, identificación y caracterización morfológica y patogénica de *Fusarium*. Los tejidos se desinfestarán con procedimientos de laboratorio de rutina e incubarán a 24 °C en cajas Petri con medio de cultivo papa-dextrosa-agar (PDA) y agar V8 (V8 agar). Los crecimientos fúngicos se transferirán a PDA y al medio selectivo de Komada para el aislamiento y la purificación de *Fusarium* spp.

Morfología. Las características microscópicas se determinarán a partir de cultivos monospóricos en medio de cultivo PDA y SNA (Nelson et al., 1983) y se considerará la tasa de crecimiento micelial.

Identificación molecular. La extracción de ADN se realizará según Doyle y Doyle (1990). Se amplificarán tres regiones genómicas: espaciador transcrito interno del ADN ribosomal (ITS

rDNA) con los cebadores ITS5 e ITS4, factor de elongación de la traducción 1-alfa (TEF1- α) con EF1-688F y EF1-1251R, y región del segundo gen de la subunidad de la ARN polimerasa II (RPB2), con RPB2-7cF y RPB2-7cR. La secuenciación de productos se hará por MacroGen^R. El análisis tendrá un contexto filogenético.

Patogenicidad de *Fusarium* spp. y coinfección con *M. incognita*. Plantas del cv. ‘MD-2’ se inocularán (densidad de 1×10^6 conidios/ml) vía *drench*, por inmersión e inyección. *M. incognita* se inoculará con 2000 juveniles (J2) en cada maceta. Se harán inoculaciones individuales y combinadas y se determinarán los periodos de incubación (PI), latencia (PL), incidencia, severidad y mortalidad.

Aislamiento e identificación morfológica y molecular de *M. incognita*. Hembras adultas y masas de huevos se extraerán de raíces mediante el método de disección. Los nematodos se fijarán preliminarmente y harán preparaciones permanentes. La identificación se realizará con base en características morfométricas y patrón perineal. La extracción de ADN se realizará a partir de un espécimen según el método descrito por Williams et al. (1992), modificado por el SENASICA (2018). Se amplificarán dos regiones genómicas: D2–D3 del gen ribosomal 28S (28S rRNA) con los cebadores D2A y D3B, citocromo oxidasa subunidad I (COI mtDNA) con los cebadores JB3 y JB4.5 y región entre citocromo oxidasa subunidad II (COII) y el gen 16S del DNA mitocondrial con los cebadores C2F3 y 1108.

Interacción de *Fusarium* spp. con *M. incognita*. Se desarrollarán procedimientos de infección individual y coinfección hongo–nematodo. Posteriormente, se evaluará el efecto de la interacción entre ambos fitopatógenos sobre la incidencia y severidad del declinamiento y densidad de colonización interna de tejidos de plantas del cv. ‘MD-2’. Las variables serán altura de planta, número de hojas, contenido de clorofila y peso seco de raíces. Se determinará la naturaleza bioquímica de los depósitos de “gelatina” formados en nichos de infección, y documentarán alteraciones histológicas de raíces y tallos de plantas inoculadas de forma independiente o en coinfección, por el método de inclusión en parafina (Sikandar et al., 2024).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Generación de mapa de muestreo. Se dispone de una base geoespacial de 36 sitios de muestreo. Se identificaron nueve grupos de suelo (Acrisol, Arenosol, Cambisol, Fluvisol, Gleysol, Luvisol, Phaeozem, Regosol y Vertisol) y un gradiente de precipitación media anual comprendido entre 1,200 y 1,500 mm. **Identificación de *M. incognita*.** Verificada por amplificación del gen

CO1 y análisis filogenético. Se observaron patrones perineales distintivos de la especie, como la presencia de un arco dorsal alto y cuadrado (Eisenback, 1985). Se han obtenido 115 aislamientos fúngicos. Por prevalencia, destacan los géneros *Fusarium*, *Archopilus*, *Geotrichum*, *Microsphaeropsis*, *Epicoccum* y *Setosphaeria*. Del total, 59 aislamientos correspondieron al género *Fusarium*; de los cuales, 24 se obtuvieron de tallo, 19 de raíces y 15 de follaje, representando, aproximadamente, 30 morfotipos. Se han identificado, preliminarmente, a *F. oxysporum*, *F. solani*, *F. verticillioides*, *F. musae*, *F. sacchari*, *F. piperis*, *F. proliferatum* y *F. mangiferae*. La fusariosis afecta principalmente al fruto (Anuar et al., 2024). En este estudio, se identificó a *F. verticillioides* y *F. oxysporum* en follaje, *F. oxysporum* y *F. mangiferae* en tallo y a *F. solani* en raíz. La detección de *F. oxysporum* en follaje y tallo coincide con reportes previos de su presencia en plantas de piña (cita). Asimismo, Barral et al. (2020) lo han señalado como una de las especies asociadas a la pudrición del corazón del fruto, lo cual, evidencia su capacidad para colonizar distintos órganos de la planta.

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por la beca otorgada a M.C. Japhet Torres López para poder realizar sus estudios de doctorado y desarrollar esta investigación. Al Colegio de Postgraduados por brindar parte del equipo, el espacio y las facilidades para llevar a cabo este trabajo.

LITERATURA CITADA

- Barral, B., Chillet, M., Doizy, A., Grassi, M., Ragot, L., Léchaudel, M., Durand, N., Rose, L. J., Viljoen, A., & Schorr-Galindo, S. (2020). Diversity and toxigenicity of fungi that cause pineapple fruitlet core rot. *Toxins*, 12(5), 339. <https://doi.org/10.3390/toxins12050339>.
- Blanco-Meneses, M., Castro-Zúñiga, O., y Umaña-Rojas, G. (2022). Estudio preliminar de especies de *Fusarium* presentes en piña (*Ananas comosus*) en Costa Rica. *Agronomía Costarricense*, 46(1), 47–64.
- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Eisenback, J. D. (1985). The perineal pattern in *Meloidogyne* taxonomy: A review. En J. N. Sasser & C. C. Carter (Eds.), *An advanced treatise on Meloidogyne* (Vol. 1, Biology and control, pp. 45–69). North Carolina State University Graphics.
- Khan, M. R., & Sharma, R. K. (2020). *Fusarium*–nematode wilt disease complexes, etiology and mechanism of development. *Indian Phytopathology*, 73(4), 615–628.

- Nelson, P. E., Toussoun, T. A., & Marasas, W. F. O. (1983). *Fusarium* Species. In: An illustrated manual for identification, Pennsylvania State University Press, University Park, 193.
- Phadungkit, P., Beesa, N., Jindapunnapat, K., Chowpongpan, S., Chinnasri, B., & Sasnarukkit, A. (2024). Morphological and molecular characterization of predominant plant-parasitic nematodes associated with Pattawia pineapple-cultivated areas in Prachuap Khiri Khan, Thailand. *Trends in Sciences*, 21(9), 8017.
- Sikandar, A., Rao, W., He, H., Chen, B., Xu, X., & Wu, H. (2024). Metabolomics and histopathological analysis of two tomato cultivars after co-infection with soil-borne pathogens (southern root-knot nematode and *Fusarium* wilt fungus). *Plant Physiology and Biochemistry*, 215, 108983.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2024). Año agrícola 2023. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>
- Williams, B. D., Schrank, B., Huynh, C., Shownkeen, R., & Waterston, R. H. (1992). A genetic mapping system in *Caenorhabditis elegans* based on polymorphic sequence-tagged sites. *Genetics*, 131, 609–624.

EFFECTIVIDAD BIOLÓGICA DE *Bacillus amyloliquefaciens* Y *Bacillus velezensis* CONTRA *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* EN EL CULTIVO DE JITOMATE EN INVERNADERO

Elizabeth **Hernández-Gómez**^{1*}, Sergio **Aranda-Ocampo**¹, Leobardo Daniel **Ochoa-Martínez**¹, Obdulia Lourdes **Segura-León**¹, Cristian **Nava-Díaz**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

*Autor para correspondencia: hernandez.elizabeth@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) se encuentra entre los cultivos hortícolas más relevantes a nivel mundial, con una producción que superó los 189 millones de toneladas en 2022 (FAOSTAT, 2023). México se ubica como uno de los principales productores y exportadores con más de tres millones de toneladas al año, destinadas en su mayoría a los mercados de Estados Unidos y Canadá, lo que representa una fuente significativa de ingresos y empleo en el sector agrícola (SIAP, 2024). El cancro bacteriano, causado por *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*, es una de las enfermedades más devastadoras para el cultivo. Esta enfermedad se manifiesta con necrosis en tallos, amarillamiento, marchitez de hojas basales y canchales en frutos; en condiciones óptimas para el patógeno, es capaz de provocar graves pérdidas económicas y reducciones drásticas en el rendimiento del cultivo (EPPO, 2018). El manejo de esta enfermedad se basa en el uso de tratamientos químicos, dada la falta de cultivares resistentes. Sin embargo, el exceso de estos productos no solo tiene consecuencias para la salud humana, sino que afecta de forma significativa la biodiversidad del suelo, su estructura, su capacidad productiva, y la sostenibilidad a largo plazo de los sistemas agrícolas (FAO, 2024). Una alternativa para el control de fitopatógenos son los microorganismos benéficos, como *Bacillus* spp. que además de actuar como agentes de biocontrol, promueven el crecimiento vegetal (Lin et al., 2022). Estas bacterias son eficientes colonizadoras de la filósfera y rizósfera, toleran condiciones ambientales adversas gracias a su capacidad de formar endosporas (Cho & Chung, 2020). Especies como *B. amyloliquefaciens* y *B. velezensis* han mostrado reducir de forma significativa la severidad de la marchitez bacteriana en jitomate (Chou et al., 2022), por diferentes mecanismos que incluyen la mejor disponibilidad de nutrientes en el suelo al solubilizar fósforo y producir fitohormonas, producción de lipopéptidos antimicrobianos, promoción del crecimiento vegetal e inducción de

resistencia sistémica. Lo anterior promueve sistemas agrícolas más sostenibles (Ho et al., 2020; Lin et al., 2022; Li et al., 2023). En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la efectividad biológica de *B. amyloliquefaciens* y *B. velezensis* contra *C. michiganensis* subsp. *michiganensis* en el cultivo de jitomate.

MATERIALES Y MÉTODOS

El experimento se estableció en el mes de abril del 2026 en un invernadero cenital ubicado en el Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, en Texcoco, Estado de México, México. Para la evaluación de *Bacillus* spp., se utilizaron 120 plantas de jitomate de la variedad Río Grande, establecidas en bolsas negras que contenían una mezcla de turba, perlita y tezontle (1:1:1). El diseño experimental empleado fue de parcelas divididas completamente al azar con diez repeticiones, donde el factor con y sin inoculación de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) formó la parcela grande, mientras que en la parcela chica se evaluaron los tratamientos: T1, BV (*Bacillus velezensis*); T2, BA (*Bacillus amyloliquefaciens*); T3, BV+BA; T4, Serenade®; T5, Actigard 50 GS®; T6, Cmm+BV; T7, Cmm+BA; T8, Cmm+BV+BA; T9, Cmm+Serenade®; T10, Cmm+Actigard 50 GS®; T11, testigo absoluto; y T12, testigo inoculado con Cmm. Las especies de *Bacillus* se evaluaron a una densidad de 3×10^8 UFC/mL tanto individual como en consorcio. La inoculación de *Bacillus* spp. se realizó vía drench en tres momentos: a los 20 días después del trasplante (ddt), a los 40 ddt y a los 60 ddt. La inoculación de Cmm se efectuó mediante el corte de los pecíolos de la tercera hoja apical, utilizando tijeras embebidas en una suspensión bacteriana del patógeno con 3×10^8 UFC/mL, cuando las plantas presentaban 14 hojas verdaderas. En el tratamiento control, el corte se realizó con tijeras embebidas en agua destilada estéril. La severidad de los síntomas se evaluó en intervalos de 10 días utilizando la escala de 0 a 4 propuesta por Rivera et al. (2022). Las variables evaluadas serán: severidad del daño, diámetro del tallo, número de frutos, rendimiento por planta (kg) y tamaño del fruto.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Hasta el momento en la investigación, se han evaluado preliminarmente las variables diámetro de tallo, altura de planta y número de frutos. Los resultados se analizaron mediante un Análisis de Varianza (ANOVA) y la prueba de comparación múltiple de medias de Duncan ($\alpha = 0.05$). Considerando que aún no se cuenta con los datos de incidencia y severidad asociados a la infección por Cmm y dado que algunos tratamientos se repiten, el análisis se limitó a seis de ellos.

El análisis de varianza detectó diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos para las variables diámetro de tallo ($P = 0.0138$) y número de frutos ($P = 0.0368$); por el contrario, la variable altura de planta no mostró diferencias significativas debido a los tratamientos ($P = 0.5390$). Los valores promedio y la separación de medias de las variables evaluadas se muestran en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Evaluación de cepas de *Bacillus* spp. y tratamientos comerciales en el desarrollo vegetativo y fructificación de plantas de jitomate.

Tratamientos	Diámetro de tallo (mm)	Altura (cm)	No. de frutos
BV	9.715 a	69.175 a	20.900 a
BA	9.485 a	66.525 a	21.250 a
BV+BA	9.765 a	69.425 a	19.550 ab
Serenade®	9.845 a	69.263 a	21.052 a
Actigard 50 GS®	8.825 b	68.625 a	17.578 b
Testigo	9.326 ab	67.875 a	21.150 a

Medias con letras iguales dentro de cada columna son estadísticamente iguales según la prueba de Duncan ($\alpha = 0.05$).

De acuerdo con la prueba de comparación de medias de Duncan ($\alpha = 0.05$), para la variable diámetro de tallo, las cepas de *Bacillus* spp. aplicadas de forma individual o en consorcio, así como Serenade®, conformaron el grupo estadístico con los mayores valores (a), mientras que Actigard 50 GS® presentó el menor diámetro (8.825 mm; b). El tratamiento Testigo mostró un comportamiento intermedio (ab), sin diferencias estadísticas respecto a los tratamientos de los grupos a y b. En la variable altura de planta no se detectaron diferencias significativas entre tratamientos, ya que todos se ubicaron dentro del mismo grupo estadístico (a), con valores comprendidos entre 66.525 y 69.425 cm. En cuanto al número de frutos, las aplicaciones individuales de *B. velezensis* (BV), *B. amyloliquefaciens* (BA), Serenade® y el Testigo integraron el grupo con mayor fructificación (a), superando significativamente a Actigard 50 GS® (17.578 frutos por planta; b). El consorcio BV+BA presentó un comportamiento intermedio (ab), compartiendo similitud estadística con ambos grupos.

El comportamiento sobresaliente de los tratamientos basados en *Bacillus* spp. (BV, BA y Serenade®) en las variables diámetro de tallo y número de frutos puede atribuirse a su capacidad para actuar no solo como agentes de biocontrol, sino también como promotores del crecimiento vegetal mediante mecanismos como la producción de fitohormonas, la solubilización de nutrientes y la mejora en la absorción de elementos esenciales (Lin et al., 2022). Los resultados obtenidos

coinciden con lo reportado por Chou et al. (2022) y Li et al. (2023), quienes señalan que especies como *B. amyloliquefaciens* y *B. velezensis* favorecen el desarrollo vegetativo y el rendimiento del cultivo de jitomate. Por otra parte, Actigard 50 GS® presentó los valores más bajos en diámetro de tallo y número de frutos. Este comportamiento podría estar asociado con el costo metabólico que implica la activación sostenida de mecanismos de defensa relacionados con la resistencia sistémica adquirida, lo que puede reducir la disponibilidad de recursos destinados al crecimiento y la producción (Ho et al., 2020). No obstante, se requieren estudios adicionales para confirmar este efecto bajo las condiciones del presente trabajo. En conjunto, los resultados resaltan el potencial de los microorganismos benéficos como una alternativa sostenible para mejorar el crecimiento y la productividad del jitomate.

Los tratamientos evaluados influyeron en el diámetro del tallo y el número de frutos. En ambas variables, las cepas individuales de *Bacillus* spp. (BV y BA) junto con Serenade® mantuvieron los mayores valores, superando estadísticamente al tratamiento comercial Actigard 50 GS®. En contraste, la altura de la planta no mostró diferencias significativas, exhibiendo un comportamiento homogéneo entre tratamientos. La información preliminar permitió obtener una primera aproximación del efecto de los microorganismos en condiciones de invernadero.

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por el apoyo económico, y al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo por la formación profesional.

LITERATURA CITADA

- Cho, M. J., & Chung, S. J. (2020). *Bacillus* spp. for sustainable agriculture: A biocontrol agent for plant diseases. *Agricultural Research*, 12(4), 367–380. <https://doi.org/10.1007/s40011-020-00463-6>
- EPPO (European and Mediterranean Plant Protection Organization). (2018). *Data sheets on quarantine pests: Clavibacter michiganensis subsp. michiganensis*. EPPO Global Database. <https://gd.eppo.int>
- FAO. (2019). *El cambio climático, las plagas y las enfermedades transfronterizas*. Roma. <http://www.fao.org/tempref/docrep/fao/010/i0142s/i0142s06.pdf>
- FAOSTAT. (2023). *Producción mundial de jitomate en 2022*. <https://www.fao.org/faostat>

- Ho, T. H., Chuang, C. Y., Zheng, J. L., Chen, H. H., Liang, Y. S., Huang, T. P., & Lin, Y. H. (2020). *Bacillus amyloliquefaciens* strain PMB05 intensifies plant immune responses to confer resistance against bacterial wilt of tomato. *Phytopathology*, 110(12), 1877–1885. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-20-0026-R>
- Li, J., Guo X., Cai, D., Xu, Y., & Wang, Y. (2023). *Bacillus amyloliquefaciens* 11B91 inoculation enhances the growth of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) under salt stress. *PeerJ*, 11, e15925. <https://doi.org/10.7717/peerj.15925>
- Lin, L., Zhao, C., Wang, E., Raza, A., & Yin, C. (2022). *Bacillus amyloliquefaciens* as an excellent agent for biofertilizer and biocontrol in agriculture: An overview for its mechanisms. *Microbiological Research*, 259, 127016. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127016>
- SIAP. (2024). Anuario estadístico de la producción agrícola. http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=351
- Rivera-Sosa, L. M., Ramírez, G., Martínez-Yáñez, B., y Aranda-Ocampo, S. (2022). Respuesta de variedades de jitomate (*Solanum lycopersicum*) a la infección con *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 40(1), 18–39. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2106-8>

DINÁMICA ESPACIAL Y TEMPORAL DEL SÍNDROME DE DECLINAMIENTO DEL ESPÁRRAGO (*Asparagus officinalis* L.) EN EL ESTADO DE MÉXICO

Juan Agustín **Gonzalez-Cruces**¹, Remigio A. **Guzmán-Plazola**^{1*}, José Sergio **Sandoval-Islas**¹, Cristian **Nava-Díaz**¹, Héctor **Flores-Magdaleno**², Humberto **Vaquera-Huerta**³

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Hidrociencias. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264. ³Posgrado en Estadística y Ciencia de Datos. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

*Autor para correspondencia: rguzmanp@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El espárrago (*Asparagus officinalis* L.) es una especie perenne de alto valor económico cultivada por sus turiones comestibles, con presencia creciente en el Estado de México. El Síndrome de Declinamiento del espárrago (SDE) se considera el principal problema fitosanitario del cultivo a nivel mundial. Este síndrome se asocia estrechamente con infecciones causadas por especies del género *Fusarium*, que colonizan los sistemas radicular y vascular, reducen el vigor de las plantas y disminuyen significativamente el rendimiento (Elmer et al., 1996). Desde una perspectiva epidemiológica, el SDE presenta una distribución espacial heterogénea, influida por la variabilidad físico-química y microbiológica del suelo, así como por las prácticas de manejo agronómico implementadas en el cultivo (Guzmán-Plazola et al., 2004; Brizuela et al., 2020). La cuantificación de esta heterogeneidad mediante índices de dispersión y el ajuste a distribuciones probabilísticas permiten caracterizar los patrones de agregación de la enfermedad y contribuyen a fundamentar el diseño de estrategias de manejo diferenciado por zonas (Campbell & Madden, 1990; Madden et al., 2007). Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue analizar la dinámica espacial y temporal del SDE mediante la evaluación de su incidencia, severidad, distribución espacial y respuesta espectral, con el fin de caracterizar su comportamiento epidemiológico.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio. El estudio se realizó en los años 2025-2026 en parcelas comerciales de espárrago (*Asparagus officinalis* L.) ubicadas en los municipios de Atenco, Huexotla y Papalotla, Estado de México. Los sitios fueron seleccionados por presentar diferencias en las condiciones

edáficas, climáticas y de manejo agronómico. Los tres sitios evaluados correspondieron a plantaciones comerciales de la variedad Sulken, con edades comprendidas entre uno y ocho años, densidades de población entre 35,000 y 40,000 plantas ha⁻¹ y diferentes esquemas de riego y manejo fitosanitario.

Censo fitosanitario. Se evaluaron 2,106 plantas en etapa fenológica de madurez fisiológica, distribuidas en seis parcelas comerciales: Atenco P1 (252 plantas), Atenco P2 (416 plantas), Huexotla P1 (248 plantas), Huexotla P2 (430 plantas), Papalotla P1 (375 plantas) y Papalotla P2 (385 plantas). La información fue organizada en tres escalas: planta individual, cama de cultivo y parcela, lo que permitió evaluar la heterogeneidad espacial de la enfermedad a diferentes niveles de observación (Campbell y Benson, 1994). El censo fitosanitario se realizó mediante la plataforma KoboToolbox[®], utilizando un móvil con capacidad de geoposicionamiento. Todas las observaciones fueron registradas en el sistema de coordenadas UTM Zona 14 Norte (EPSG:32614). La severidad del SDE se evaluó mediante una escala diagramática previamente validada, compuesta por cuatro clases ordinales: clase 0 (0 %), clase 1 (11–30 %), clase 2 (31–60 %) y clase 3 (60–100 %). Para cada planta se registraron la ubicación geográfica y la clase de severidad.

Adquisición de imágenes multiespectrales. Las imágenes multiespectrales fueron procesadas con el software Pix4Dmapper[®] (Pix4D SA, Lausana, Suiza) para generar ortomosaicos multiespectrales georreferenciados y radiométricamente calibrados. El flujo de trabajo englobó la alineación de imágenes, la generación de una nube de puntos densa, el modelo digital de superficie y los ortomosaicos individuales para cada banda espectral. Posteriormente, los ortomosaicos correspondientes a las bandas verde, roja, borde rojo e infrarrojo cercano fueron exportados y verificados en QGIS v.3.40 (QGIS Development Team, Estados Unidos), donde se comprobó su correcta alineación espacial con las parcelas censadas y su correspondencia geométrica.

Segmentación y extracción de variables espectrales. Para delimitar la vegetación activa de cada planta, se definieron buffers circulares en torno a cada punto de muestreo georreferenciado. En Huexotla y Papalotla se aplicó un umbral basado en la banda roja ($Red < 0.12$), mientras que en Atenco, debido a la elevada cobertura de malezas y la complejidad estructural del cultivo, se empleó un criterio basado en el infrarrojo cercano ($NIR > 0.30$). Ambos umbrales se definieron mediante un análisis exploratorio de histogramas de reflectancia y se validaron mediante la

inspección visual de los ortomosaicos multiespectrales. Para cada planta se extrajeron los valores de reflectancia de las bandas Green (550 nm), Red (660 nm), Red Edge (735 nm) e Infrarrojo Cercano (NIR, 790 nm), y se calcularon la media, la mediana, la desviación estándar y los percentiles 10, 25, 75 y 90 de cada banda. Como indicadores de calidad de la segmentación se registraron la fracción vegetada, el área vegetada en m² y el número de píxeles dentro del buffer y de la máscara de vegetación (Hatfield et al., 2008). La correlación entre la clase de severidad individual y las reflectancias medias por banda se evaluó mediante el coeficiente de correlación de Spearman, utilizando la planta como unidad de análisis (n = 245–430 por parcela).

Análisis epidemiológico. Se estimaron parámetros epidemiológicos descriptivos, incluyendo incidencia, severidad promedio, distribución de frecuencias, media, mediana, varianza, desviación estándar y coeficiente de variación (Campbell y Madden, 1990). La incidencia se calculó como $I = x/N$. La severidad se estimó con los valores medios de cada categoría de la escala diagramática (0%, 20.5%, 45.5% y 80.0% para las clases 0– 3, respectivamente) (Campbell y Madden, 1990). El patrón espacial de la enfermedad se evaluó mediante la relación varianza-media (V:M), el índice de dispersión y el ajuste a distribuciones de Poisson, binomial y beta-binomial (Campbell y Madden, 1990; Madden et al., 2007). Se construyeron parcelas de n = 50 plantas ordenadas por posición longitudinal (Madden et al., 2007). La significancia de D se evaluó con $X^2 = (J-1)D$; el parámetro de agregación θ se estimó por momentos y por máxima verosimilitud, y se verificó el ajuste beta-binomial mediante un $LRT \sim X^2$ (Madden y Hughes, 1995). Todos los análisis se realizaron en R v.4.5 (Posit Software, Estados Unidos), Python v.3.12 (Python Software Foundation, Estados Unidos).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La incidencia global varió entre 0.574 (Papalotla P2) y 0.894 (Atenco P2), con cinco de seis parcelas superando $I = 0.70$ y una severidad media entre 25.1% y 54.7% (CV = 50.7–90.3%). Se identificaron cinco patrones de distribución por clase de severidad. Bimodal, unimodal hacia Clase 3, unimodal hacia Clase 1, unimodal hacia Clase 2 y trimodal sin Clase 1; lo cual refleja distintos estados epidemiológicos del SDE. El caso más relevante fue Huexotla P2, cuya dominancia de Clase 1 (64.4%) y severidad media de 25.1% demostraron que una alta incidencia no implica necesariamente una alta severidad, sino una distribución generalizada de síntomas en la Clase 1 (Campbell y Madden, 1990). La relación V:M fue inferior a 1 en todas las parcelas (0.002–0.166),

lo cual es consistente con la saturación de plantas enfermas en las parcelas de mayor incidencia (Campbell y Madden, 1990). El análisis del patrón espacial con parcelas de $n = 50$ plantas reveló distribución agregada en Atenco P1 ($D = 3.60$, $p < 0.01$; $\theta = 0.053$), Papalotla P1 ($D = 4.76$, $p < 0.001$; $\theta = 0.077$) y Papalotla P2 ($D = 19.30$, $p < 0.001$; $\theta = 0.373$; $r = 0.746$), distribución aleatoria en Atenco P2 ($D = 1.63$, ns) y Huexotla P1 ($D = 0.98$, ns), y uniforme en Huexotla P2 ($D = 0.49$, ns; $\theta = 0$), con ajuste beta-binomial significativo en las tres parcelas agregadas (Madden y Hughes, 1995).

El análisis espectral reveló que la severidad del SDE no presenta una relación universal entre las parcelas. Huexotla P1 mostró el patrón fisiológicamente esperado: reducción de la reflectancia NIR y Red Edge con el incremento de la severidad ($\rho_{\text{NIR}} = -0.255$, $p < 0.001$; $\rho_{\text{RE}} = -0.237$, $p < 0.001$) y una mayor respuesta en la banda roja ($\rho = +0.178$, $p = 0.005$), consistente con pérdida de vigor fotosintético (Campbell y Norman, 1998; Hatfield et al., 2008). Huexotla P2 mostró el patrón opuesto ($\rho_{\text{NIR}} = +0.133$, $\rho_{\text{RE}} = +0.134$; $p < 0.01$), atribuible a que las plantas sanas de esa parcela presentan menor biomasa aérea que las plantas con síntomas leves. Papalotla P1 no mostró correlaciones significativas ($\rho = -0.045$ a $+0.062$; $p > 0.23$), mientras que Papalotla P2 presentó respuestas discordantes entre bandas ($\rho_{\text{roja}} = -0.218$, $p < 0.001$; $\rho_{\text{NIR}} = +0.175$, $\rho_{\text{RE}} = +0.165$; $p \leq 0.001$). En Atenco, la presencia de *Cynodon dactylon* senescente requirió una máscara NIR > 0.30 , bajo la cual el rango interclase fue de 0.004–0.005 frente a 0.040 en Huexotla P1, sin correlaciones significativas en ninguna banda ($\rho = -0.099$ a $+0.171$; $p > 0.05$). Estos resultados son congruentes con la naturaleza del SDE: al afectar raíces, corona y tejidos vasculares, la enfermedad genera mosaicos de tejido funcional y deteriorado que suavizan las diferencias espectrales entre categorías visuales (Elmer et al., 1996; Brizuela et al., 2020), lo que sugiere que su detección remota requiere aproximaciones multivariadas que integren índices espectrales derivados y técnicas de clasificación para mejorar la discriminación entre los estados de enfermedad.

El SDE mostró patrones espaciales agregados y respuestas espectrales heterogéneas entre sitios, lo que evidencia que su expresión en campo es epidemiológicamente compleja y no reducible a un modelo único. La integración de análisis espacial beta-binomial y sensores multiespectrales constituye una aproximación promisorio para su caracterización a escala de parcela.

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por el otorgamiento de la beca de estudios de Doctorado en Fitosanidad que hace posible la realización de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Brizuela, A. M., De la Lastra, E., Marín-Guirao, J. I., Gálvez, L., Cara-García, M., Capote, N., & Palmero, D. (2020). *Fusarium* consortium populations associated with asparagus crop in Spain and their role on field decline syndrome. *Journal of Fungi*, 6(4), 336. <https://doi.org/10.3390/jof6040336>
- Campbell, C. L., & Madden, L. V. (1990). *Introduction to plant disease epidemiology*. John Wiley & Sons.
- Campbell, C. L., & Benson, D. M. (Eds.). (1994). *Epidemiology and management of root diseases*. Springer-Verlag.
- Campbell, G. S., & Norman, J. M. (1998). *An introduction to environmental biophysics* (2nd ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4612-1626-1>
- Elmer, W. H., Johnson, D. A., & Mink, G. I. (1996). Epidemiology and management of the diseases causal to asparagus decline. *Plant Disease*, 80(2), 117–125. <https://doi.org/10.1094/PD-80-0117>
- Guzmán-Plazola, R. A., Gómez-Pauza, R., García-Espinosa, R., y Gavi-Reyes, F. (2004). Distribución espacial de la pudrición radical del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) por *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. f. sp. *phaseoli* (Burk.) Snyd. y Hans. en la Vega de Metztitlán, Hidalgo, México. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 22, 246–258.
- Hatfield, J. L., Gitelson, A. A., Schepers, J. S., & Walthall, C. L. (2008). Application of spectral remote sensing for agronomic decisions. *Agronomy Journal*, 100(Supplement 3), S117–S131. <https://doi.org/10.2134/agronj2006.0370c>
- Madden, L. V., & Hughes, G. (1995). Plant disease incidence: Distributions, heterogeneity, and temporal analysis. *Annual Review of Phytopathology*, 33, 529–564. <https://doi.org/10.1146/annurev.py.33.090195.002525>

PREVALENCIA DE ESPECIES DE *Fusarium* EN GRANO DE MAÍZ CRIOLLO E HÍBRIDO ALMACENADO, PRODUCIDO EN CAMPECHE Y VERACRUZ, MÉXICO

Karen Ivonne **Hidalgo Téllez**¹, Cristian **Nava Díaz**¹, Candelario **Ortega Acosta**¹, Ana María **Hernández Anguiano**^{1*}

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

*Autor para correspondencia: ahernandez@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos de mayor importancia económica y alimentaria en México. Sin embargo, puede verse afectado por diversos hongos patógenos, entre los que destacan las especies del género *Fusarium*, debido a su amplia distribución y capacidad para contaminar el grano antes y después de la cosecha, ocasionando pérdidas en la calidad del producto por la producción de micotoxinas, como las fumonisinas, las cuales representan un riesgo para la salud humana y animal al ingresar a la cadena alimentaria. La presencia y acumulación de estas toxinas está influenciada por factores ambientales (temperatura y humedad relativa), prácticas de manejo del cultivo y condiciones de almacenamiento. Valencia-Luna *et al* (2025) reportaron prevalencia de 57 % de especies de *Fusarium* en la composición del microbioma fúngico asociado al grano producido en Campeche y Veracruz, México. Por lo anterior, el objetivo de este estudio es identificar y determinar la prevalencia de especies de *Fusarium* asociadas a grano de maíz criollo e híbrido almacenado, producido en Campeche y Veracruz, así como evaluar la capacidad toxigénica de la especie con mayor prevalencia. La información que se genere contribuirá a ampliar el conocimiento sobre la diversidad y distribución de *Fusarium* en sistemas de producción de maíz del sureste de México y proporcionará información relevante para el diseño de estrategias de monitoreo, prevención y manejo dirigidas a reducir la contaminación fúngica y la presencia de micotoxinas en la cadena de producción de alimentos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se trabajará con una colección de 55 aislamientos de *Fusarium* obtenidos a partir de muestras de granos infectados de maíz criollo e híbrido, cosechadas en Campeche y Veracruz, México, durante el ciclo otoño-invierno 2024–2025. Los aislamientos obtenidos en medio papa-

dextrosa-agar (PDA), se purificaron mediante la técnica de punta de hifa y se preservaron en solución de glicerol al 30 % a -16 °C para este estudio.

Identificación morfológica. La identificación morfológica se realizará utilizando claves taxonómicas especializadas para el género *Fusarium* (Leslie, 2006).

Caracterización molecular. Los aislamientos se reactivarán en papa-sucrosa-agar (PSA) al 2%, y a los siete días de crecimiento, se efectuará la extracción de ADN mediante el método CTAB al 2 % (Doyle y Doyle, 1987). La calidad y cantidad del ADN extraído se verificará en un NanoDrop ND-1000. Para confirmar la identidad mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se establecerán reacciones con los marcadores moleculares indicados en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Iniciadores y secuencias para la identificación de especies de *Fusarium*.

Región	Iniciadores	Dirección	Secuencia (5'-3')	Referencia
ITS	ITS5	Forward	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG	White et al. (1990)
	ITS4	Reverse	TCCTCCGCTTATTGATATGC	White et al. (1990)
<i>rpb2</i>	RPB2-5F2	Forward	GGGGWGAYCAGAAGAAGGC	Sung et al. (2007)
	fRPB2-7cR	Reverse	CCCATRGCTTGYTTRCCCAT	Liu et al. (1999)
<i>tef1</i>	EF-1	Forward	ATGGGTAAGGARGACAAGAC	O'Donnell et al. (1998b)
	EF-2	Reverse	GGARGTACCAGTSATCATG	O'Donnell et al. (1998b)

Los productos de PCR se enviarán a secuenciar a Macrogen CIA (<http://dna.macrogen.com>), Corea y las secuencias se compararán con NCBI Blast (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) para verificar su relación con las especies de *Fusarium*.

Prevalencia de especies de *Fusarium*. La prevalencia se determinará matemáticamente dividiendo el número de semillas infectadas con la especie identificada de *Fusarium* entre el tamaño de muestra de grano analizado (50 granos por muestra) y multiplicando el resultado por 100 (para convertirlo en %).

Capacidad toxigénica de la especie con mayor prevalencia. Esta se determinará mediante la producción de fumonisinas *in vitro*. La cuantificación se realizará utilizando el kit comercial RIDASCREEN® FAST Fumonisin ECO (R-Biopharm AG, Alemania), basado en un inmunoensayo enzimático competitivo (ELISA), de acuerdo con el protocolo del fabricante.

RESULTADOS PRELIMINARES

De 36 aislamientos de *Fusarium* analizados cuatro aislamientos presentaron características taxonómicas de *F. verticillioides*; nueve de *F. subglutinans*; cinco de *F. oxysporum*; y 18 de una especie no identificada. Lo anterior indica que, de este total, el 50 % no presenta características morfológicas distintivas, y resalta la necesidad de complementar la identificación morfológica

mediante herramientas moleculares. El mayor número de especies detectadas se encontró en Veracruz con cuatro especies (Cuadro 2).

Cuadro 2. Especies con características de *Fusarium* en grano de Campeche y Veracruz.

Estado región	Municipio	Clave aislamiento	Especie asociada
Veracruz			
Sur	Acayucan	VER25GRA103-B4	<i>F. oxysporum</i> / <i>F. verticillioides</i>
	Catemaco	VER25GRA104-E8	<i>F. verticillioides</i>
	Catemaco	VER25GRA105-C4R	<i>F. verticillioides</i>
	Catemaco	VER25GRA105-D3A	<i>F. verticillioides</i>
	Hidalgotitlán	VER25GRA106-E6	<i>Fusarium</i> sp.
	Hueyapan de Ocampo	VER25GRA109-A5	<i>Fusarium</i> sp.
	Mecayapan	VER25GRA114-D7	<i>F. oxysporum</i> / <i>F. verticillioides</i>
	San Andrés Tuxtla	VER25GRA116-A10	<i>F. verticillioides</i>
	San Juan Evangelista	VER25GRA119-D 5	<i>Fusarium</i> sp.
	San Juan Evangelista	VER25GRA120-B2	<i>F. subglutinans</i>
	San Juan Evangelista	VER25GRA121-E4	<i>F. subglutinans</i>
Norte	Coyutla	VER25GRA128-A10	<i>Fusarium</i> sp.
	Coxquihui	VER25GRA131-A9	<i>Fusarium</i> sp.
	Coahuatlán	VER25GRA132-B6	<i>Fusarium</i> sp.
	Papantla	VER25GRA133-C1	<i>Fusarium</i> sp.
	Mecatlán	VER25GRA135-B9	<i>Fusarium</i> sp.
	Zozocolco de Hidalgo	VER25GRA136-B2	<i>Fusarium</i> sp.
	Jalacingo	VER25GRA145-B2	<i>Fusarium</i> sp.
Centro	Xico	VER25GRA152-C8	<i>Fusarium</i> sp.
	Xoxocotla	VER25GRA154-B4	<i>Fusarium</i> sp.
	Zongolica	VER25GRA155-A8	<i>Fusarium</i> sp.
	Álamo	VER25GRA156-B7	<i>Fusarium</i> sp.
	Chontla	VER25GRA160-C5	<i>Fusarium</i> sp.
	Ixhuatlán de Madero	VER25GRA164-C6	<i>Fusarium</i> sp.
	Platón Sánchez	VER25GRA166-A2	<i>F. subglutinans</i>
	Tantoyuca	VER25GRA168-A3	<i>F. subglutinans</i>
	Tantoyuca	VER25GRA171-B8	<i>F. subglutinans</i>
	Tantoyuca	VER25GRA171-C2	<i>F. subglutinans</i>
	Tempoal	VER25GRA172-A2	<i>F. subglutinans</i>
Campeche			
	Candelaria	CAM25GRA31-D1	<i>F. oxysporum</i>
	Candelaria	CAM25GRA32-D6	<i>F. oxysporum</i>
	Candelaria	CAM25GRA32-E7	<i>F. subglutinans</i>
	Dzibalché	CAM25GRA35-D7	<i>F. oxysporum</i>
	Hecelchakán	CAM25GRA37-D6	<i>F. oxysporum</i>
	Hecelchakán	CAM25GRA38-C4	<i>F. oxysporum</i>
	Hecelchakán	CAM25GRA40-D6	<i>F. subglutinans</i>

Con base en antecedentes reportados para las zonas productoras de Campeche y Veracruz, las especies pertenecientes al complejo *Fusarium verticillioides* son predominantes debido a su frecuente asociación con el maíz y a su capacidad de colonizar el grano tanto en campo como durante el almacenamiento. La confirmación molecular permitirá determinar con mayor precisión la identidad taxonómica de los aislamientos asociados a este complejo.

AGRADECIMIENTOS

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada a la primera autora. A la M. en C. Jessica Berenice Valencia-Luna por el apoyo técnico brindado durante el desarrollo de este estudio. Asimismo, al Dr. Daniel Leobardo Ochoa Martínez por las facilidades otorgadas y el acceso a su laboratorio para la extracción de ADN.

LITERATURA CITADA

- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19, 11-15.
- Leslie, J. F., & Summerell, B. A. (2006). The *Fusarium* Laboratory Manual. Ames, Iowa, USA: *Blackwell Publishing*. 387 p.
- Liu, Y. J., Whelen, S., & Hall, B. D. (1999). Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular Biology and Evolution*, 16, 1799–1808. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026092
- Munkvold, G. P. (2003). Epidemiology of *Fusarium* diseases and their mycotoxins in maize ears. *European Journal of Plant Pathology*, 109, 705–713.
- O'Donnell, K, Kistler, H. C., & Cigelnik, E., *et al.* (1998b). Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: Concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 95, 2044–2049. DOI: 10.1073/pnas.95.5.2044
- Sung, G. H., Sung, J. M., & Hywel-Jones, N. L. *et al.* (2007). A multi-gene phylogeny of Clavicipitaceae (Ascomycota, Fungi): identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44, 1204–1223. DOI: 10.1016/j.ympev.2007.03.011

- Valencia-Luna, J. B., Palacios-Rojas, N., y Hernández-Anguiano, A. M. (2025). Microbioma fúngico asociado al grano de maíz producido en Campeche y Veracruz, y aislamiento de *Aspergillus flavus* con potencial de control. Memoria del XXV Congreso Internacional de Alimentos. *I encuentro Nacional en Innovación y Tecnología Aplicada a la Inocuidad de Alimentos*. Guadalajara, Jalisco. México.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics MA Innis DH Gelfand JJ Sninsky TJ White (Eds) *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, Academic Press, San Diego, CA 315–322

CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA GENÉTICA DEL HABA (*Vicia faba* L.) A LA MANCHA CHOCOLATE

Saira Jazmín **Martínez-Salgado**^{1*}, José Sergio **Sandoval Islas**¹, Hilda Victoria **Silva-Rojas**², Cristian **Nava Díaz**¹,
Serafín **Cruz Izquierdo**³, Remigio Anastasio **Guzmán-Plazola**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Producción de Semillas. Colegio de Postgraduados-Montecillo.

Texcoco, Edo. de México. CP 56264. ³Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Genética. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264. *Autor para correspondencia:

martinez.saira@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Las leguminosas son plantas altamente relevantes para la humanidad, desde el inicio de su domesticación han aportado nutrientes a la dieta del hombre y han favorecido los sistemas agrícolas mediante su capacidad de enriquecer el suelo con nitrógeno (Maalouf et al., 2019). Por ello, representan el segundo grupo de cultivos más importante a nivel mundial, después de los cereales. *Vicia faba* destaca por sus cualidades nutricionales y su alto contenido proteico (aproximadamente 29% en semillas secas) (Warsame et al., 2018). A nivel global, la producción de haba se distribuye principalmente en Asia, África y Europa (FAOSTAT, 2025), mientras que en México su producción es destinada principalmente para consumo interno, tanto en fresco como en seco (53,806.97 ton y 27,006.57 toneladas, respectivamente) (SIAP, 2026), consolidándose como una leguminosa clave para la alimentación y nutrición de la población, particularmente en la región de los Valles Altos de México. Durante cada año agrícola, su producción es fluctuante y dependiente de diversos factores como los precios de comercialización, las precipitaciones anuales y la incidencia de enfermedades foliares causadas por hongos, principalmente; *Botrytis* spp., *Ascochyta fabae* Speg., *Uromyces viciae-fabae* (Pers.) J. Shört. y *Cercospora zonata* (Ijaz et al., 2020). Entre estas, la mancha chocolate es una de las enfermedades con mayor incidencia a nivel mundial, su manejo está enfocado al uso de fungicidas, prácticas culturales y empleo de materiales resistentes. Diversos autores han determinado que la resistencia del haba a *Botrytis fabae* es de tipo cuantitativa, estando controlada por múltiples genes de efecto menor, lo que dificulta su incorporación y estabilidad en nuevas variedades (Bouhassan et al., 2004). En México no se tiene investigación sobre caracterización de posibles fuentes de resistencia en el cultivo de haba, lo cual constituye una herramienta clave dentro de los programas de mejoramiento. Además, que el estudio

de la variabilidad en la respuesta de diferentes genotipos frente al patógeno permite seleccionar materiales con menor susceptibilidad, y comprender los mecanismos de resistencia involucrados. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue caracterizar la resistencia genética de 56 genotipos de *Vicia faba* frente *Botrytis fabae* (CPO 21.11) bajo condiciones de invernadero.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal. La evaluación se realizó sobre 56 genotipos provenientes de tres programas de mejoramiento genético en México; Instituto de Investigación y Capacitación Agropecuaria, Acuícola y Forestal del Estado de México, Colegio de Postgraduados y de la Universidad Autónoma Chapingo. Se sembraron 15 semillas por genotipo en charolas de germinación de 56 cavidades ($61.3 \times 37.3 \times 13$ cm), utilizando como sustrato turba estéril (Promix). Las charolas se mantuvieron en condiciones de invernadero. A los 20 días después de la siembra, se seleccionaron plantas con buen vigor y uniformidad en tamaño y color de tallo. Los genotipos se distribuyeron de manera aleatoria en las charolas. **Preparación del inóculo.** Se prepararon 250 cajas Petri de plástico (90 mm) con medio de cultivo agar jugo V8 y cada caja se sembró con un disco de medio de cultivo con micelio del aislado CPO 21.11 (originario del Edo. De Tlaxcala), identificado previamente como *B. fabae* (En Prensa). Las cajas se incubaron en una cámara de ambiente controlado a una temperatura de 20 ± 2 °C, bajo luz UV-B durante 15 días. Las cajas fueron trasladadas a un laboratorio de Fitosanidad para la obtención de los conidios. A cada caja se agregó 10 mL de agua destilada estéril con Tween 20 (0,03% v/v), con un pincel se desprendieron y colectaron los conidios. Todo el inóculo de las cajas fue filtrado a través de tela tipo gasa previamente esterilizada, para eliminar restos de micelio. La concentración de conidios se determinó con un hematocitómetro y se ajustó a 5×10^5 conidios mL⁻¹. **Inoculación.** La aspersión de las plantas se realizó a partir de las 6 p.m. (con el objetivo de evitar la exposición de los conidios a temperaturas superiores a 22 °C). La suspensión de conidios se pulverizó mediante un atomizador sobre cada planta de forma individual. Transcurrida 1 hora de la aspersión, las plantas fueron mantenidas en una cámara de humedad construida con material plástico, diseñada para conservar la humedad relativa (>90%) proporcionada por un humidificador. **Evaluación.** El parámetro a evaluar fue la severidad de la enfermedad en hojas individuales a los seis días después de la inoculación, para lo cual se usó una escala con valores de 0 a 5 usada por Hasan et al. (2020) donde 0 = hoja sin manchas de chocolate, 1 = hoja con algunas manchas de chocolate, 2 = el número de manchas aumenta y se dispersan, 3 = las manchas coalescen y aumentan de tamaño, 4 = las

manchas necróticas alcanzan la mitad de la hoja, 5 = la mayor parte de la hoja presenta necrosis y se desprende. Los valores obtenidos se transformaron a porcentaje obteniendo así el índice de severidad porcentual (PSI%): $\sum_{i=0}^n (n \times b) \times 100/T \times N$, donde b es el valor de la escala y n es el número de hojas con ese valor, N es el valor máximo de la escala (5) y T es el número total de hojas evaluadas. La respuesta de los genotipos probados se clasificó en seis grupos de reacción de acuerdo con Abo-Hegazy et al. (2012) donde, del 0 al 2% indica alta resistencia (AR), del 2 al 15% resistencia (R), del 15 al 40% resistencia moderada (RM), del 40 al 60% susceptibilidad moderada (SM) y del 60 al 80% susceptibilidad (S), y del 80 al 100% susceptibilidad alta (SA), según los valores porcentuales de severidad de la enfermedad. Se realizó un análisis de varianza (ANOVA), previa verificación de los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas, utilizando el software R. La comparación de medias se efectuó mediante la prueba de Tukey ($\alpha = 0.05$).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Durante la inoculación y evaluación de los genotipos se evidenció la importancia de mantener una humedad relativa superior al 90%, condición que favoreció el desarrollo de la infección, permitiendo la aparición de los primeros síntomas 8 horas después de la inoculación. En este contexto, los resultados del análisis de varianza para el PSI evidenciaron diferencias significativas entre genotipos ($F = 14.6$, $p < 0.001$), lo que revela que existe diversidad genética en la población de haba evaluada para resistencia a *Botrytis fabae*. Los genotipos G1, G110, G131, G22, G67, G114, G62, G15 y G119 mostraron los valores más altos de PSI, lo que indica una mayor susceptibilidad a *B. fabae* bajo condiciones de invernadero. Referente a las respuestas según Abo-Hegazy et al. (2012) no se observan genotipos con reacción ‘altamente resistente’ (0-2%) ni ‘resistente’ (2 al 15%) dentro de los 56 materiales evaluados de haba. Lo anterior indica una limitada disponibilidad de fuentes de resistencia completa en el germoplasma analizado y respalda la naturaleza cuantitativa de la resistencia a *B. fabae*, caracterizada por respuestas graduales en la severidad (Zebire y Tadesse, 2017). No obstante, los genotipos clasificados como moderadamente resistentes representan una base valiosa para programas de mejoramiento genético, ya que pueden ser utilizados como progenitores en esquemas de selección recurrente o cruzamientos dirigidos, por su naturaleza poligénica. A pesar de que el presente trabajo se enfocó en evaluar la respuesta de los genotipos en condiciones controladas de invernadero en etapa de plántula, los resultados pueden constituir la base para futuras evaluaciones en distintas etapas fenológicas y en condiciones de campo. En conjunto, estos hallazgos aportan información relevante para el entendimiento de la

variabilidad en la respuesta a *B. fabae* y constituyen una base sólida para el diseño de estrategias de mejoramiento genético orientadas al desarrollo de variedades de haba con mayor nivel de resistencia cuantitativa (durable) y de mayor estabilidad contra la mancha chocolate.

Cuadro 1. Respuesta de 56 genotipos de *Vicia faba* a *B. fabae* (CPO 21.11) en plántula en condiciones de invernadero.

Genotipo	PSI (%)*	EE	Respuesta	Genotipo	PSI (%)*	EE	Respuesta
G1	100.0 a	0	SA	G69	38.9 c	6.18	RM
G110	100.0 a	0	SA	G28	38.9 c	6.17	RM
G131	100.0 a	0	SA	G71	37.8 c	5.89	RM
G22	100.0 a	0	SA	G60	37.8 c	4.60	RM
G67	100.0 a	0	SA	G117	37.8 c	5.20	RM
G114	95.0 a	5.00	SA	G18	37.5 c	5.67	RM
G62	93.3 a	6.67	SA	G27	37.2 c	5.90	RM
G15	86.7 a	13.33	SA	G21	36.7 c	5.77	RM
G119	82.2 ab	17.80	SA	G134	35.8 c	4.79	RM
G36	50.0 bc	5.93	SM	G61	35.2 c	7.09	RM
G26	50.0 bc	5.10	SM	G5	33.3 c	1.93	RM
G72	48.9 bc	5.56	SM	G12	33.3 c	5.27	RM
G113	48.9 bc	5.56	SM	G7	33.3 c	5.77	RM
G133	46.7 c	5.44	SM	G70	32.2 c	5.55	RM
G128	45.8 c	4.98	SM	G83	32.2 c	7.29	RM
G112	45.6 c	7.78	SM	G88	31.9 c	6.16	RM
G97	45.0 c	0.96	SM	G102	31.1 c	8.01	RM
G66	44.4 c	2.22	SM	G10	30.7 c	6.42	RM
G33	43.3 c	6.93	SM	G121	30.0 c	8.80	RM
G57	42.5 c	3.15	SM	G55	29.2 c	4.98	RM
G3	41.7 c	2.89	SM	G96	28.9 c	8.98	RM
G17	41.1 c	4.01	SM	G95	28.3 c	5.53	RM
G87	40.8 c	3.43	SM	G132	27.8 c	2.94	RM
G50	40.8 c	2.51	SM	G107	27.4 c	4.64	RM
G68	40.0 c	6.67	RM	G40	27.0 c	5.46	RM
G4	40.0 c	4.08	RM	G85	25.9 c	10.42	RM
G94	40.0 c	3.04	RM	G59	24.4 c	2.22	RM
G120	40.0 c	3.05	RM	G65	24.4 c	1.11	RM

*Los valores de cada columna seguidos de una letra diferente presentan diferencias significativas según la prueba de comparaciones de medias de Tukey ($p \leq 0,05$).

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por la beca otorgada y a los proyectos que financiaron la investigación. Al Colegio de Postgraduados por las facilidades proporcionadas para la realización de la investigación.

LITERATURA CITADA

- Aswini, M. S., Kiran, B., Lenka, B., Shaniware, Y. A., Pandey, P., Dash, A. P., & Haokip, S. W. (2023). The role of genetics and plant breeding for crop improvement: Current progress and future prospects. *International Journal of Plant & Soil Science*, 35(20), 190–202. <https://doi.org/10.9734/IJPSS/2023/v35i203798>
- Abo-Hegazy, S. R., Noha, F., El-Badawy, M. M., & Abd El-Menem, H. (2012). Evaluation of some faba bean genotypes against chocolate spot disease using cDNA fragments of chitinase gene and some traditional methods. *Asian Journal of Agricultural Research*, (6), 60–72.
- Maalouf, F., Hu, J., O’Sullivan, D.M., Zong, X., Hamwieh, A., & Kumar, S. (2019). Breeding and genomics status in faba bean (*Vicia faba*). *Plant Breeding*, 138:465–73. 10.1111/pbr.12644.
- Bouhassan, A., Sadiki, M., & Tivoli, B. (2004). Evaluation of a collection of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes from the Maghreb for resistance to chocolate spot (*Botrytis fabae*) under field and laboratory conditions. *Euphytica*, 135(1), 55–62. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.00000009480.55161.93>
- Zebire, D. A., & Tadesse, K. A. (2017). Evaluation of faba bean (*Vicia faba* L.) varieties for yield and reaction to chocolate spot disease at Chench, Southern Ethiopia. *African Journal of Agricultural Research*, 12(25), 2105–2111. <https://doi.org/10.5897/AJAR2017.12372>
- FAOSTAT. (2025). Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Disponible en línea en: <http://faostat.fao.org>. Consultado el 15 de octubre de 2025.
- Ijaz, U., Adhikari, K., Kimber, R. B. E., Trethowan, R., Bariana, H., & Bansal, U. (2020). Pathogenic specialisation in *Uromyces viciae-fabae* in Australia and rust resistance in faba bean. *Plant Disease*.
- Hasan, K. A., Soliman, H. M., Baka, Z. A., & Shabana, Y. M. (2020). Efficacy of nano-silicon in the control of chocolate spot disease of *Vicia faba* L. caused by *Botrytis fabae*. *Egyptian Journal of Basic and Applied Sciences*, 7(1), 53–66. <https://doi.org/10.1080/2314808X.2020.1727627>

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE LÍNEAS DE TRIGO DURO RESISTENTES A ROYA DE LA HOJA EN PLÁNTULA Y PLANTA ADULTA

Erika Evelin **Ramírez-Ramírez**^{1*}, Julio **Huerta-Espino**², José Sergio **Sandoval-Islas**¹, Héctor Eduardo **Villaseñor-Mir**², Olga **Gómez-Rodríguez**¹, Remigio Anastasio **Guzmán-Plazola**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias-Campo Experimental Valle de México. Texcoco, Edo. de México. CP 56250. *Autor para correspondencia: ramirez.erika@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El trigo duro o cristalino (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) es el segundo trigo más importante a nivel mundial, representando cerca del 6 % del área cultivada y una producción anual de 37–40 millones de toneladas (Mohammadi & Haghparast, 2023). Su producción se concentra principalmente en la región mediterránea, además de América del Norte y Asia, y se destina principalmente a la industria de sémola y derivados como pasta (Martínez-Moreno et al., 2022; Saini et al., 2023). En México, la roya de la hoja causada por *Puccinia triticina* E. es una de las principales limitantes del cultivo, especialmente en el noroeste, donde variedades como Altar C84, Atil C200 y Cirno C2008 han mostrado susceptibilidad frente a nuevas razas del patógeno (Huerta-Espino et al., 2024). La rápida evolución de *P. triticina*, capaz de superar genes de resistencia como *Lr72* y *LrCam*, subraya la necesidad de diversificar las fuentes genéticas de resistencia (Singh et al., 2004). En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar líneas de trigo duro derivadas de cruas amplias e introgresiones interespecíficas para identificar fuentes de resistencia a *Puccinia triticina* E. en plántula y planta adulta.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal y evaluación fenotípica. Se evaluaron 178 líneas avanzadas de trigo duro derivadas de cruas amplias e introgresiones interespecíficas del programa de mejoramiento genético del CIMMYT, incorporando diversidad de materiales élite y parientes silvestres del género *Triticum*. La resistencia a roya de la hoja causada por *Puccinia triticina* E., se caracterizó en plántula y planta adulta.

Evaluación en plántula: Se realizó en invernadero (2023 y 2025) en CIMMYT-El Batán y LANARET-INIFAP. Las líneas se sembraron en charolas con peat moss, inoculadas con la raza BBG/BPCJ mediante aspersión de urediniosporas y posterior incubación en cámara húmeda (20–24 °C, 100 % HR por 16 h). La reacción se registró a los 10–12 días utilizando la escala 0–4 de Stakman et al. (1962), clasificando 0–2 como resistentes y 3–4 como susceptibles.

Evaluación en planta adulta: Se realizó en tres ambientes (CENEB, CIMMYT-El Batán) durante los ciclos 2023–2024. Se establecieron parcelas en hileras de 1 m con 80 cm de separación, utilizando variedades susceptibles como fuentes dispersoras del inóculo. La inoculación artificial con la raza BBG/BPCJ se realizó durante el ciclo del cultivo. La severidad de roya de la hoja se registró utilizando la escala modificada de Cobb, mientras que la respuesta de infección se clasificó como resistente (R), moderadamente resistente (MR), moderadamente susceptible (MS) y susceptible (S), de acuerdo con los criterios descritos por Roelfs et al. (1992).

Los datos se estandarizaron y analizaron mediante estadística descriptiva, diagramas de violín, mapas de calor y agrupamiento jerárquico utilizando valores estandarizados con el software R versión 4.5.1 (R Core Team, 2025).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis se realizó mediante diagramas de violín y agrupamiento jerárquico (Figura 1 panel a) evidenció un aumento general de la susceptibilidad en 2025 respecto a 2023, indicando variación fenotípica entre ciclos de evaluación. A partir de los datos estandarizados (Z-score), se identificaron tres patrones principales de respuesta en plántula. Las líneas derivadas de RCEE_2/*T. urartu* y 1A.1D 5+1-06/*T. boeoticum* (24) mostraron la mayor estabilidad, manteniendo bajas infecciones (Score = 1) en ambos años. En contraste, las cruzas CIRNO/*T. monococcum* y KOFA/PAGA/*T. monococcum* presentaron variación, pasando de resistencia moderada en 2023 (1–2) a alta susceptibilidad en 2025 (4). CIRNO/*T. boeoticum*.

(60)/CIRNO se mantuvo consistentemente como el grupo más susceptible (≥ 4). En conjunto, las introgresiones de *T. urartu* y *T. boeoticum* destacan como fuentes estables de resistencia en plántula.

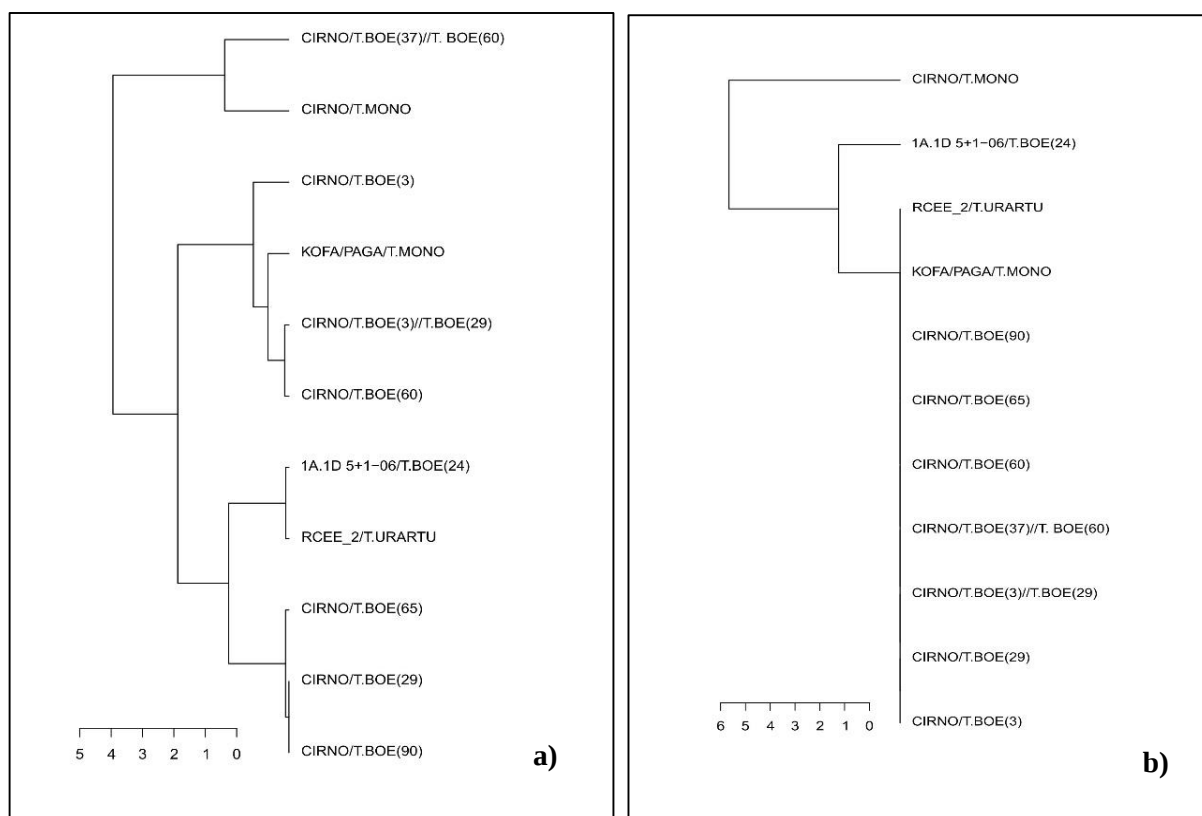


Figura 1. Agrupamiento jerárquico de genotipos de trigo duro basado en la respuesta a roya de la hoja. Los dendrogramas muestran la relación fenotípica entre los genotipos evaluados en etapa de plántula (a) y planta adulta (b).

En planta adulta (Figura 1b), los análisis evidenciaron un cambio marcado en la respuesta fenotípica, con la mayoría de las líneas ubicadas en categorías de resistencia o inmunidad en campo ($\text{Score} \leq 2$) durante los tres años de evaluación. Este patrón sugiere la acción de resistencia de planta adulta (APR), caracterizada por su expresión en etapas fenológicas avanzadas. El mapa de calor agrupó la mayoría de los genotipos en un bloque asociado a resistencia, destacando que materiales susceptibles en plántula, como CIRNO/*T. boeoticum* (60) /CIRNO, redujeron significativamente su severidad en campo. En contraste, el grupo CIRNO/*T. monococcum* se mantuvo como el más susceptible, con puntuaciones de 3 a 6, separándose claramente del resto de los genotipos.

La marcada diferenciación entre las respuestas en plántula y planta adulta evidencia la complejidad genética de la resistencia a *Puccinia triticina* y la contribución de mecanismos dependientes del desarrollo.

En plántula se observaron genotipos con respuestas contrastantes, mientras que en planta adulta la mayoría de las líneas redujo significativamente la severidad de la enfermedad, sugiriendo la acción de resistencia de planta adulta (APR). Este comportamiento coincide con lo reportado por Kolmer y Rouse (2022), quienes demostraron que la APR está controlada por QTL específicos que se expresan en etapas fenológicas avanzadas y contribuyen a la resistencia durable. De forma similar, Huerta-Espino et al. (2022) documentaron en germoplasma tetraploide del CIMMYT la presencia de accesiones susceptibles en plántula que expresan resistencia en planta adulta, destacando la importancia de evaluar en múltiples etapas del desarrollo. En conjunto, estos resultados confirman que la resistencia a *P. triticina* es altamente dinámica y dependiente del estado fenológico del hospedante.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por el apoyo financiero; al INIFAP-CEVAMEX por las facilidades otorgadas para la ejecución de la investigación; y al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, por la formación académica recibida.

LITERATURA CITADA

- Huerta-Espino, J., Pérez-López, B., Crespo-Herrera, L. A., Villaseñor-Mir, H. E., Hortelano-Santa Rosa, R., Singh, R. P., y Ammar, K. (2024). Evolución de *Puccinia triticina* Eriksson, causante de roya de la hoja del trigo cristalino en México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 47(1), 3–10. <https://doi.org/10.35196/rfm.2024.1.3>
- Huerta-Espino, J., Singh, R. P., Villaseñor-Mir, H. E., & Ammar, K. (2022). Mining sources of resistance to durum leaf rust among tetraploid wheat accessions from CIMMYT's germplasm bank. *Plants*, 12(1), 49. <https://doi.org/10.3390/plants12010049>
- Kolmer, J. A., & Rouse, M. N. (2022). Adult plant leaf rust resistance QTL derived from wheat line CI13227 maps to chromosomes 2AL, 4BS, and 7AL. *The Plant Genome*, 15(3), e20215. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20215>
- Martínez-Moreno, F., Ammar, K., & Solís, I. (2022). Global changes in cultivated area and breeding activities of durum wheat from 1800 to date: A historical review. *Agronomy*, 12(5), 1135. <https://doi.org/10.3390/agronomy12051135>

- Mohammadi, R., & Haghparast, R. (2023). Durum wheat: Production, nutritional value and economic importance. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 1(3), 414–445.
- R Core Team. (2025). *R: A language and environment for statistical computing* (Version 4.5.1) [Computer software]. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
- Roelfs, A. P., Singh, R. P., & Saari, E. E. (1992). *Rust diseases of wheat: Concepts and methods of disease management*. CIMMYT.
- Saini, P., Kaur, H., Tyagi, V., Saini, P., Ahmed, N., Dhaliwal, H. S., & Sheikh, I. (2023). Nutritional value and end-use quality of durum wheat. *Cereal Research Communications*, 51(2–3), 273–289. <https://doi.org/10.1007/s42976-022-00305-x>
- Singh, R. P., Huerta-Espino, J., Pfeiffer, W., & Figueroa-López, P. (2004). Occurrence and impact of a new leaf rust race on durum wheat in northwestern Mexico from 2001 to 2003. *Plant Disease*, 88(7), 703–708. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.7.703>
- Stakman, E. C., Stewart, D. M., & Loegering, W. Q. (1962). *Identification of physiologic races of Puccinia graminis var. tritici* (ARS E-617). United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service.

RESPUESTA DEL CHILE CRIOLLO DE JOJUTLA (*Capsicum annuum*) FRENTE A *Bactericera cockerelli* (HEMIPTERA: TRIOZIDAE) Y *Candidatus Liberibacter solanacearum*

Manuel **Silva-Valenzuela**¹, Olivia **Nabor-Romero**¹, Reyna I. **Rojas-Martínez**¹, Víctor M. **Zúñiga-Mayo**^{1,2 *}

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI). *Autor para correspondencia:

zuniga.victor@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El chile es un cultivo de importancia económica, cultural y alimentaria en México. Sin embargo, su producción es limitada por enfermedades como el "variegado del chile", inducida por la bacteria fitopatógena *Candidatus Liberibacter solanacearum* (CaLso), la cual es transmitida por el insecto vector *Bactericera cockerelli* (Liefing et al., 2008; Camacho-Tapia et al., 2011). Actualmente, el manejo de esta enfermedad se basa en la aplicación constante de insecticidas para suprimir las poblaciones del vector. No obstante, esta estrategia ha generado presión de selección, dando lugar a poblaciones de *B. cockerelli* resistentes a múltiples ingredientes activos en México; además, representa un riesgo ambiental y para la salud (Cerna et al., 2013). Ante este escenario, el uso de variedades vegetales con resistencia genética se posiciona como la alternativa viable y sostenible para el manejo de la enfermedad.

México posee una amplia diversidad genética de *C. annuum*, esto representa una fuente invaluable de germoplasma con potencial de resistencia a plagas y patógenos (Kraft et al., 2014). En la primera etapa del proyecto, se identificó que la variedad nativa 'Criollo de Jojutla' (CJ-2018) es resistente frente a *B. cockerelli*. Durante la segunda etapa, se evaluó la respuesta de este germoplasma ante CaLso.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal e insectil. Se evaluaron las variedades de chile 'Criollo de Jojutla' (CJ-2018), 'Criollo de Morelos' (CM-334) y una variedad comercial susceptible ('Árbol', CA). Las plantas se cultivaron en sustrato estéril bajo condiciones controladas, fertilizadas semanalmente y regadas con agua destilada estéril. Los insectos de *B. cockerelli* provenían de una colonia establecida en condiciones de laboratorio (27±2 °C, 36% HR, fotoperiodo 12:12 h L:O).

Evaluación de resistencia al vector. Se realizaron ensayos de preferencia de oviposición (con elección y sin elección) colocando parejas de insectos en jaulas de tela antiáfidos sobre plantas de cada variedad. Se registró el número de huevos depositados a los 1, 2, 4 y 6 días. Para evaluar antibiosis, se monitoreó el desarrollo y supervivencia de los insectos desde el estadio de huevo hasta adulto en hojas de cada variedad, bajo un diseño completamente al azar con 10 repeticiones por variedad. Los ensayos se realizaron por triplicado.

Inoculación y detección de *Candidatus Liberibacter solanacearum*. Cuando las plantas alcanzaron 5 pares de hojas verdaderas, se seleccionaron para inoculación con CaLso. Se utilizaron 10 plantas no inoculadas y 10 inoculadas por variedad para CM-334 y CA; para CJ-2018 se evaluaron 45 plantas. La transmisión se realizó confinando 10 adultos positivos a LsoA por planta durante 7 días. Posteriormente, se retiraron insectos en todos los estadios y se aplicó una dosis única de insecticida translaminar Knack[®] (0.4 mL/L) para eliminar remanentes del vector. La severidad de síntomas se evaluó mediante una escala de severidad de 0 a 5. Las variedades se clasificaron como Resistentes (R), Moderadamente Resistentes (MR), Tolerantes (T) o Susceptibles (S) según el porcentaje de plantas en cada rango de severidad. El ensayo de inoculación se realizó por duplicado. A los 28 y 35 días post-inoculación (dpi), se colectaron muestras de tejido foliar y se extrajo ADN total. La detección de CaLso se efectuó por PCR punto final con los iniciadores LsoHA6f (5'-GGT ACG AGC AAG CAT AAG CAA-3') y LsoHAr (5'-AGC AAC CAA TTT TAC GGG AGT-3'), que amplifican un fragmento de 120 pb. El programa de amplificación fue: 94 °C por 4 min; 35 ciclos de 94 °C/30 s, 58.3 °C/30 s, 72 °C/60 s; extensión final a 72 °C por 10 min. Los productos se visualizaron en gel de agarosa al 2%.

Análisis estadístico. Los datos de oviposición, supervivencia y severidad se analizaron mediante modelos lineales generalizados o ANOVA según la distribución de los datos, con comparación de medias mediante pruebas de Tukey o Kruskal-Wallis ($\alpha=0.05$) utilizando R versión 4.1.2.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La evaluación de la interacción planta-insecto demostró que la variedad CJ-2018 ejerce una fuerte resistencia basada en antixenosis y antibiosis. En las pruebas de elección y no elección, *B. cockerelli* redujo su oviposición en CJ-2018 en un 92.17% y 80.18%, respectivamente, en comparación con el control susceptible. Además, el ensayo de desarrollo reveló que solo el 1.33% de los huevos lograron completar su ciclo hasta el estadio adulto en CJ-2018, en contraste con el

32.00% observado en el control (Figura 1). Esta drástica reducción en la supervivencia sugiere la presencia de metabolitos secundarios o características morfológicas que limitan el desarrollo del insecto, coincidiendo con lo reportado en otros sistemas de resistencia en solanáceas (Smith, 2005; Silva-Valenzuela et al., 2022).

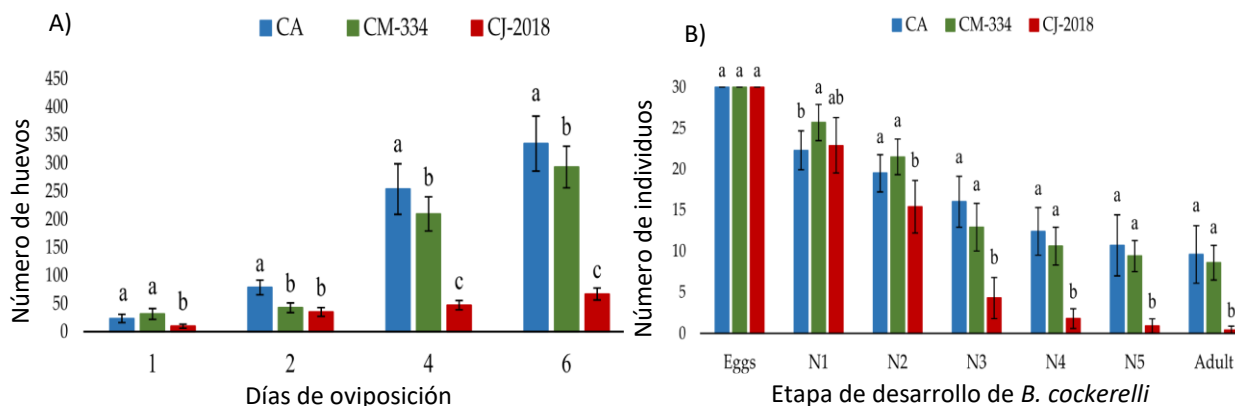


Figura 1. Comportamiento de *Bactericera cockerelli* en diferentes variedades de Chile. A) Oviposición de *B. cockerelli* durante 6 días. B) Porcentaje de supervivencia de *B. cockerelli* en las variedades evaluadas.

Derivado de la resistencia al vector, se evaluó la respuesta de CJ-2018 a la inoculación con CaLso. A los 28 dpi, el control susceptible presentó clorosis evidente y achaparramiento, mientras que CJ-2018 mostró solo una ligera clorosis transitoria en algunas plantas. A los 35 dpi, las plantas control desarrollaron síntomas severos de variegado (niveles de severidad 4 y 5, con defoliación y muerte), clasificándose como susceptibles. En contraste, el 38% de las plantas de CJ-2018 permanecieron asintomáticas (nivel 0) y el 62% presentó síntomas leves (nivel 1), sin progresión de la enfermedad, lo que permitió clasificar a la variedad como "Resistente (R)" (Cuadro 1). La detección molecular por PCR corroboró los hallazgos fenotípicos. A los 28 dpi, CaLso se detectó en el 93-100% de los controles susceptibles. En CJ-2018, la bacteria solo fue detectable en el 3.8% de las plantas inoculadas a los 28 dpi, y a los 35 dpi, la bacteria no fue detectable en ninguna planta.

Estos resultados sugieren que CJ-2018 es resistente a CaLso. La ausencia de detección de CaLso por PCR a los 35 dpi en CJ-2018 indica que la variedad no solo limita la colonización inicial por parte del vector (antixenosis), sino que posee mecanismos de defensa fisiológicos activos que impiden el establecimiento y la replicación sistémica de la bacteria (antibiosis/resistencia verdadera). Esto representa una ventaja significativa sobre otros germoplasmas reportados, como *Solanum habrochaites*, donde la resistencia al vector no siempre garantiza la ausencia de infección bacteriana (Levy y Tamborindéguy, 2014; Ávila et al., 2019).

Cuadro 1. Respuesta de dos variedades de chile inoculadas con *Candidatus Liberibacter solanacearum* (CaLso).

Variedad	Plantas inoculadas	Plantas CaLso+	Plantas resistentes	Severidad media ^z
Chile ‘Centella’	20	20	0	3.5 ± 1.0 b
Chile criollo de Jojutla CJ2018	53	0	53	0.6 ± 0.4 c

dpi: días posteriores a la inoculación de la bacteria. R: Resistente, MR: Moderadamente resistente, T: Tolerante, S: susceptible (Reyes-Tena et al., 2021). ^z Cada cifra representa el promedio de dos experimentos. Medias en cada columna con la misma letra no son significativamente diferentes (Tukey, $p \leq 0.05$).

En conclusión, el chile criollo de Jojutla (CJ-2018) representa el primer reporte de una variedad de *C. annuum* con resistencia dual comprobada: limita drásticamente la biología del vector *B. cockerelli* y, simultáneamente, impide el establecimiento sistémico de *Candidatus Liberibacter solanacearum*. Este germoplasma constituye un recurso genético de alto valor para programas de mejoramiento vegetal orientados al manejo sostenible del variegado del chile.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Dra. Emma Zavaleta-Mejía por la recolecta y donación de semillas del chile criollo de Jojutla (CJ-2018). Asimismo, agradecen al Instituto de Fitosanidad-Fitopatología del Colegio de Postgraduados por el apoyo brindado para el desarrollo de esta investigación, en el marco del proyecto CONV_RGAA_2023_17, financiado mediante la Convocatoria 2023-03 para apoyar proyectos de investigación e incidencia orientados al fortalecimiento de la conservación, preservación y uso sustentable de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Finalmente, V.M.Z.-M. agradece el apoyo financiero otorgado por el programa Investigadoras e Investigadores por México de la SECIHTI (Proyecto No. 5016).

LITERATURA CITADA

- Avila, C.A., Marconi, T.G., Vilorio, Z., Kurpis, J., & Del Rio, S.Y. (2019). *Bactericera cockerelli* resistance in the wild tomato *Solanum habrochaites* is polygenic and influenced by the presence of *Candidatus Liberibacter solanacearum*. *Scientific Reports*, 9, 14031. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-50379-7>.
- Camacho-Tapia, M., Rojas-Martínez, R.I., Zavaleta-Mejía, E., Hernández-Deheza, M.G., Carrillo-Salazar, J.A. & Ochoa-Martínez, D.L. (2011). Aetiology of chili pepper variegation from Yurécuaro, México. *Journal of Plant Pathology*, 93, 331–335. <https://www.jstor.org/stable/41999003>.

- Cerna, E., Ochoa, Y., Aguirre, L.A., Flores, M., y Landeros, J. (2013). Determinación de la resistencia a insecticidas en cuatro poblaciones del psílido de la papa *Bactericera cockerelli* (Sulc) (Hemiptera: Triozidae). *Phyton* (Buenos Aires), 9457, 63–68.
- Kraft, K.H., Brown, C.H., Nabhan, G.P., Luedeling, E., De Jesús Luna Ruiz, J., D'Eeckenbrugge, G.C., Hijmans, R.J., & Gepts, P. (2014). Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum Annuum*, in Mexico. *Proceeding of the National Academic of Science USA*, 111, 6165–6170. <https://doi.org/10.1073/pnas.1308933111>.
- Levy, J., & Tamborindeguy, C. (2014). *Solanum habrochaites*, a potential source of resistance against *Bactericera cockerelli* (Hemiptera: Triozidae) and “*Candidatus Liberibacter Solanacearum*”. *Journal of Economic Entomology*, 107, 1187–1193. <https://doi.org/10.1603/EC13295>.
- Liefting, L.W., Perez-Egusquiza, Z.C., Clover, G.R.G., & Anderson, J.A.D. (2008). A new “*Candidatus Liberibacter*” species in *Solanum tuberosum* in New Zealand. *Plant Disease*, 92, 1474. <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-10-1474A>.
- Smith, C.M. (2005). Plant resistance to arthropods (1st ed.). *Springer*: Dordrecht, The Netherlands. <https://doi.org/10.1007/1-4020-3702-3>.

BIODIVERSIDAD DE ESPECIES DE ERYSIPTALES EN LOCALIDADES DEL ESTADO DE MÉXICO, MÉXICO

Felipa **Castillo-Hernández**¹, María de Jesús **Yáñez-Morales**^{1,*}, Candelario **Ortega-Acosta**¹, Alfonsina **Judith-Hernández**¹, Roney **Solano-Vidal**², Dionicio **Alvarado-Rosales**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Parasitología Agrícola. Universidad Autónoma Chapingo. Texcoco, Edo. de México. CP 56230. *Autor para correspondencia: yanezmj@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Las especies de Erysiphales (Ascomycota) son hongos fitopatógenos biotróficos obligados causantes de la enfermedad conocida como “cenicilla”. Alrededor del mundo, representan uno de los principales problemas fitosanitarios en diversos cultivos agrícolas anuales y perennes, forestales, y arvenses. Son complejos en morfología debido a factores ambientales, rango de hospedantes, y distribución geográfica (Bélanger et al., 2002). A nivel global se han descrito alrededor de 16 géneros y 900 especies (Braun & Cook, 2012). En México, se han documentado 13 géneros y 68 especies distribuidos en 24 estados del país (según revisión de literatura y base de datos), y en el Estado de México se concentra aproximadamente el 58% de esta biodiversidad. Estos patógenos afectan cerca de 10,000 especies de plantas angiospermas en todo el mundo (Braun & Cook, 2012) de las cuales, el 93% son dicotiledóneas y el 7% son monocotiledóneas (Takamatsu, 2013). Los síntomas de la cenicilla son: desarrollo superficial en tejidos infectados como hojas, tallos, flores, y frutos, de colonias polvorientas de color blanco o grisáceo, y que pueden extenderse en toda la planta con producción de estructuras morfológicas vegetativas, asexuales y/o sexuales. Esto interfiere en los procesos fisiológicos de la planta, disminuyendo su potencial fotosintético, y se puede observar distorsión de tejidos jóvenes, defoliación, y muerte de la planta, y como consecuencia se reduce la calidad y rendimiento del cultivo. Por otro lado, los hospedantes arvenses fungen como fuente de inóculo por producir conidios que se dispersan a los agroecosistemas, y donde puede persistir la cenicilla entre ciclos del cultivo (Braun & Cook, 2012).

El estudio tiene como objetivo diagnosticar especies de Erysiphales presentes en el Estado de México, para contribuir al conocimiento de la biodiversidad, distribución, y rango de hospedantes, a partir de la hipótesis de que, factores como una alta biodiversidad de flora, condiciones climáticas templadas, y la coexistencia de cultivos anuales y perennes, favorecen la biodiversidad de especies de Erysiphales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Colectas. En otoño 2024 y primavera 2025, se hicieron colectas de tejidos vegetales con síntomas y signos de la cenicilla en parcelas con cultivos comerciales, de traspatio, y arvenses, ubicados en siete localidades de cuatro municipios ubicados al Este (regiones del oriente) del Estado de México: Chapingo; Ixtapaluca; Montecillo, Texcoco; Ozumba de Alzate; San Bernardino, Texcoco; San Vicente Chicoloapan; Texcoco.

El material colectado fue prensado, etiquetado, y las muestras se depositaron en el herbario CMPH del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo.

Taxonomía. Las muestras de herbario se examinaron en un estereomicroscopio (Nikon SM2800, Japan), se hicieron preparaciones con ácido láctico, se analizaron en un microscopio de luz (Nikon ECLIPSE E400, Japan) a 40X, y se fotografiaron estructuras morfológicas con una cámara digital (Nikon D7100, Japan), y en algunas muestras se observó la pared de los conidios en el Microscopio electrónico de barrido (SEM) (JEOL JSM-6390, Japón). Por muestra se midieron hifas y apresorios hifales ($n = 30$), conidióforos, célula pie, células cortas, y conidios ($n = 100$). Para la identificación se usaron las claves taxonómicas y descripciones de especies “Tipo” (Braun & Cook, 2012), y de literatura especializada.

Filogenia. La extracción de DNA se hizo a partir de conidios y casmotecios por el método de CTAB (Doyle & Doyle, 1987). Por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se amplificó la región ITS con los primers ITS5 e ITS4 (White et al., 1990). Los productos de PCR purificados se secuenciaron en Psomagen (USA). Para el BLASTn, las secuencias obtenidas fueron alineadas en la base de datos del NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), y fueron depositadas en el GenBank. El análisis filogenético se hizo con las secuencias obtenidas, y las secuencias de las especies “Tipo” bajadas del GenBank, y fueron alineadas por el programa MUSCLE. Se construyó un árbol filogenético por el método de Máxima Verosimilitud (Maximum Likelihood) e Inferencia Bayesiana con MEGA12, y MrBayes. El análisis de confianza fue por Bootstrap.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Taxonomía. Se identificaron siete especies que fueron colectados en nueve hospedantes. En base a la fase asexual se diagnosticaron: *Blumeria avenae* en *Avena sativa* (cultivo de avena), *Blumeria bromi-cathartici* en *Bromus catharticus* (cebadilla silvestre), *Erysiphe ludens* en *Vicia faba* (cultivo de haba), *Erysiphe necator* en *Vitis vinifera* (vid ornamental), *Erysiphe quercicola* en *Mangifera indica* (frutal ornamental), *Golovinomyces sonchicola* en *Sonchus oleraceus* (arvense), y *Neoerysiphe maquii* en *Tagetes erecta* y *T. patula* (cempasúchil comercial). Las especies que además se diagnosticaron en base a la fase sexual fueron: *B. bromi-cathartici*, *E. necator* (viñedo), y *N. maquii* en *T. lunulata*. (cempasúchil silvestre).

Filogenia. La caracterización molecular confirmó la identificación morfológica de las siete especies mencionadas en 12 muestras secuenciadas. El análisis filogenético integró 27 taxones: 12 en este estudio (indicadas en negritas y coloreadas) y 15 secuencias de referencia bajadas del GenBank, y *Phyllactinia moricola* que fue utilizada como grupo externo.

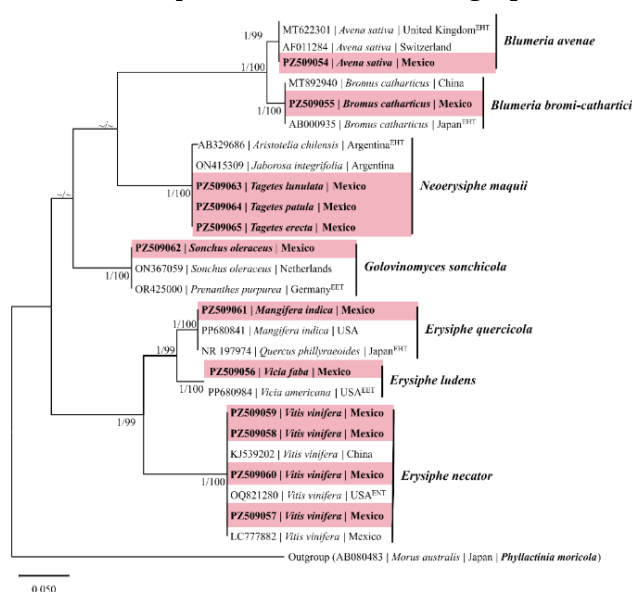


Figura 1. Filogenia de especies de Erysiphales obtenidas y secuencias de referencia por el método de Maximum Likelihood (ML) y Bayesian Inference (PP) basado en secuencias de la región ITS. Cada taxón incluye el número de accesión del GenBank, hospedante, país, y las especies por clado. En los nodos se indican las Probabilidades posteriores (PP = ≥ 0.95) y los valores de Bootstrap (ML = ≥ 0.70). Las secuencias en negritas y en rosa, corresponden a las obtenidas en este estudio. USA=Estados Unidos, EET = ex-epitipo, EHT = ex-holotipo, y ENT = ex-neotipo.

En este estudio se identificaron especies con un alto grado de especificidad hacia el hospedante, como *B. avenae*, restringida al género *Avena*; *B. bromi-cathartici*, limitada a *B.*

catharticus (Liu et al., 2021); y *E. ludens*, asociada a especies del género *Vicia* (Bradshaw et al., 2025; Kharbanda & Bernier, 1977). En contraste, se documentaron especies con mayor capacidad de adaptación y dispersión, como *E. necator*, que, aunque se limita a la familia Vitaceae, presenta una distribución cosmopolita (Wilcox et al., 2015), así como *E. quercicola*, un fitopatógeno que se distingue por su amplio rango de hospedantes y distribución global en hospedantes leñosos (Bradshaw et al., 2025; Braun & Cook 2012). Por otro lado, la presencia de *G. sonchicola* en *S. oleraceus*, una arvense común en áreas agrícolas y ambientes ruderales, evidencia el papel de la vegetación no cultivada como reservorio de inóculo en agroecosistemas. De igual forma, el diagnóstico de *N. maquii* en cempasúchil (familia Asteraceae), tanto en sistemas comerciales como en poblaciones silvestres, resalta la importancia de estas interacciones. *N. maquii* cobra relevancia ya que en México existe más de 2700 especies de Asteraceae, de las cuales aproximadamente 2600 son endémicas (Turner & Nesom, 1993).

Así, globalmente con este estudio se enriquece la biodiversidad de Erysiphales, por contribuir con la validación del estado asexual de *E. ludens*, y las descripciones del estado sexual de *B. bromi-cathartici*, y de *N. maquii*. Para México, este es el primer registro de *B. bromi-cathartici* en *B. catharticus*, *E. ludens* en *V. faba*, y *N. maquii* en tres especies de *Tagetes*; además, se aportó con la descripción taxonómica formal de *B. avenae* y de *E. necator*. Para el Estado de México, se registró por primera vez la distribución de las especies anteriores, más *E. quercicola* en *M. indica*, y *G. sonchicola* en *S. oleraceus*.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) (CV: 2048451), al Colegio de Postgraduados por el financiamiento otorgado, y al proyecto de “Los Erysiphales de México”.

LITERATURA CITADA

- Bélanger, R. R., Bushnell, W. R., Dik, A. J., & Carver, T. L. W. (2002). *The powdery mildews a comprehensive treatise*. APS Press.
- Bradshaw, M., Braun, U., Mitchell, J. K., Crouch, U., Greca, S., & Pfister, D. (2025). Phylogeny and taxonomy of the genera of Erysiphaceae, part 6: *Erysiphe* (the “*Microsphaera* lineage” part 2). *Mycologia*, 117, 110–165. <https://doi.org/10.1080/00275514.2024.2386230>

- Braun, U., & Cook, R. T. (2012). *Taxonomic manual of the Erysiphales (powdery mildews)*. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre.
- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical bulletin*, 19, 11–15.
- Kharbanda, P., & Bernier, C. (1977). Powdery mildew of *Vicia faba* in Monitoba. *Canadian Journal of Plant Science*, 57 (3), 745–749.
- Liu, M., Braun, U., Takamatsu, S., Hambleton, S., Shoukouhi, P., Bisson, K. R., & Hubbard, K. (2021). Taxonomic revision of *Blumeria* based on multi-gene DNA sequences, host preferences and morphology. *Mycoscience*, 62, 143–165. <https://doi.org/10.47371/mycosci.2020.12.003>
- Takamatsu, S. (2013). Origin and evolution of the powdery mildews (Ascomycota, Erysiphales). *Mycoscience*, 54, 75–86. <http://dx.doi.org/10.1016/j.myc.2012.08.004>
- Turner, B. L., & Nesom, G. L. (1993). *Biogeography, diversity, and endangered or threatened status of Mexican Asteraceae*. In: B. L. Ramamoorthy, R. A. Bye, A. Lot, J.E. Fa (Eds.), *Biological diversity of Mexico: origins and distribution* (pp. 290–299). Oxford University Press.
- Wilcox, W. F., Gubler, W. D., & Uyemoto, J. K. (2015). *Compendium of grape diseases, disorders, and pests*. APS Press.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: M.A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, & T.J. White (Eds.), *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (pp. 315–322). Academic Press.

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PATÓGENOS ASOCIADOS AL CULTIVO DE CHÍA (*Salvia hispanica*) EN JALISCO, MÉXICO

Diana Laura **Iñiguez-Martínez**^{1*}, José Sergio **Sandoval-Islas**¹, Victoria **Ayala-Escobar**¹, Javier **Ireta-Moreno**²,
Rodrigo **Muñoz-Javier**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias-Campo Experimental Centro Altos de Jalisco. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. *Autor para correspondencia: iniguez.diana@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La chía (*Salvia hispanica*) es una especie anual originaria de México y Guatemala que fue un cultivo importante para las culturas mesoamericanas por sus usos alimenticios, medicinales y ceremoniales (Sosa et al., 2016; Xingú López et al., 2017). En las últimas décadas ha resurgido debido al interés por sus propiedades nutraceuticas, ya que sus semillas contienen altos niveles de ácidos grasos omega-3, proteínas, fibra, vitaminas, minerales y compuestos antioxidantes (Hrnčič et al., 2020), lo que ha impulsado su demanda y expansión como un cultivo de alto valor económico (Sosa et al., 2016; Xingú López et al., 2017).

México es considerado centro de origen de la especie y uno de los principales productores de chía a nivel mundial (Hrnčič et al., 2020). A nivel nacional, la producción se concentra principalmente en los estados de Jalisco y Puebla; sin embargo, Jalisco destaca como la principal entidad productora. Durante el ciclo agrícola 2014 se registraron 15,790 ha sembradas y una producción de 9,058 t, lo que representó más del 94 % de la producción nacional. Dentro de este estado, los municipios de Acatic, Cuquío, Ixtlahuacán del Río y Jamay constituyen algunas de las principales zonas productoras de la especie (Xingú López et al., 2017).

Aunque la chía ha adquirido creciente relevancia agrícola y comercial en los últimos años, la información relacionada con las enfermedades que afectan al cultivo continúa siendo limitada. Diversos estudios han reportado la presencia de hongos fitopatógenos asociados a daños en raíces, tallos, hojas y semillas de *Salvia hispanica*, entre los que destacan especies de los géneros *Fusarium*, *Macrophomina*, *Pythium*, *Rhizoctonia*, *Sclerotinia* y *Alternaria*, causantes de damping-off, pudriciones radiculares, pudriciones de tallo y manchas foliares (El-Kaed et al., 2021).

Estas enfermedades afectan el desarrollo y la productividad del cultivo; sin embargo, en

México existe poca información sobre la etiología y efectos que estos causan en la producción de chía, particularmente en Jalisco. Por ello, el objetivo de este estudio es identificar y caracterizar los patógenos asociados al cultivo de chía (*Salvia hispanica* L.) en Jalisco, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Durante el año 2025 se realizaron tres muestreos dirigidos en parcelas productoras de chía (*Salvia hispanica*) ubicadas en las localidades de Capilla de Milpillas y Las Cruces de Arriba, municipio de Tepatitlán de Morelos; Tierras Coloradas y El Colomo, municipio de Acatic; y El Cebadero y El Salto de la Peña, municipio de Zapotlanejo, Jalisco. Adicionalmente, se recolectaron muestras de plantas enfermas procedentes del invernadero y campo del Campo Experimental Centro Altos de Jalisco (INIFAP). El muestreo se dirigió a plantas que presentaban síntomas visibles de enfermedad en hojas, tallos y raíces. Las muestras fueron etiquetadas, transportadas en hielera y procesadas en el Laboratorio de Fitopatología del Campo Experimental Centro Altos de Jalisco (INIFAP).

En laboratorio, las muestras fueron examinadas mediante observación directa con un microscopio estereoscópico Stemi 305 (Carl Zeiss AG, Alemania) y un microscopio compuesto Olympus CX31 (Olympus Corporation, Japón) para identificar posibles agentes fitopatógenos. Los tejidos ubicados en la zona de transición entre tejido sano y enfermo fueron desinfestados con hipoclorito de sodio al 1 % durante 2 min, enjuagados tres veces con agua destilada estéril y sembrados en Papa Dextrosa Agar (PDA; Bioxon®, México). Las colonias obtenidas se incubaron a 25 ± 2 °C, se purificaron mediante punta de hifa en agua-agar y posteriormente se transfirieron a PDA para su conservación.

Para las pruebas de patogenicidad se utilizaron plántulas de chía con cuatro hojas verdaderas. Se inocularon los aislamientos con características compatibles con especies del género *Fusarium* mediante la colocación de discos miceliales de 5 mm sobre una herida superficial en la base del tallo. Por cada aislamiento se inocularon seis plantas correspondientes a los ecotipos blanca, negra y pinta, mientras que seis plantas fueron inoculadas únicamente con discos de PDA que se utilizaron como testigo. Las plantas se mantuvieron en invernadero cubiertas con bolsas de plástico transparentes y se monitorearon diariamente. Entre los 5 y 10 días posteriores a la inoculación se observaron lesiones necróticas similares a las registradas en campo, a partir de las cuales se realizó el reaislamiento de los microorganismos para corroborar su asociación con la enfermedad.

Los aislamientos obtenidos fueron transferidos a medio Papa Dextrosa Agar (PDA), Agar Nutriente Pobre (SNA) y Agar Hoja de Clavel (CLA) para su caracterización morfológica. La caracterización macroscópica incluyó la evaluación del crecimiento colonial, diámetro de colonia, coloración del anverso y reverso, textura y pigmentación. La caracterización microscópica comprendió la observación de macroconidios, microconidios, fiálides, clamidosporas y número de septos producidos en los diferentes medios de cultivo. Adicionalmente, los conidios fueron clasificados de acuerdo con el sistema de Saccardo, considerando características como su forma, coloración y septación. Se realizaron mediciones morfométricas de las estructuras observadas para apoyar la identificación taxonómica de los aislamientos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Durante los muestreos realizados en parcelas productoras de chíá de los municipios de Tepatlán de Morelos, Acatic y Zapotlanejo, Jalisco, se observaron plantas con lesiones necróticas en la parte basal del tallo. Las lesiones se caracterizaron por áreas de color marrón oscuro localizadas en el cuello y la base del tallo, las cuales progresaron hasta ocasionar necrosis de los tejidos y debilitamiento de las plantas (**Figura 1**). En algunos casos se observó marchitez y colapso de plantas asociadas con el avance de las lesiones. A partir de tejidos sintomáticos se obtuvieron 40 aislamientos fúngicos en cultivo puro. Los aislamientos fueron codificados de acuerdo con su sitio de origen y número de muestra. Las siglas CM corresponden a Capilla de Milpillas y TC a Tierras Coloradas; el primer número indica la planta muestreada y el segundo el aislamiento obtenido a partir de cada muestra.



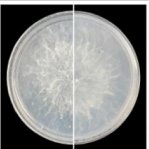
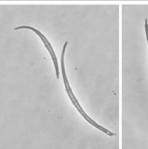
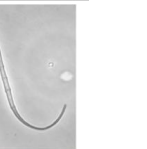
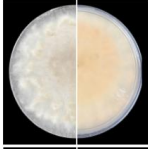
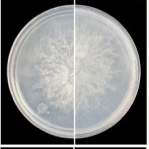
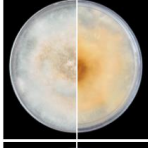
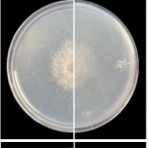
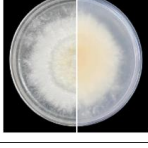
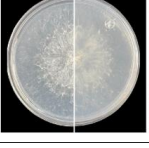
Figura 1. Síntomas de necrosis basal del tallo en chíá (*Salvia hispanica*). A-B) Lesiones necróticas en cuello y base del tallo observadas en campo. C) Marchitez y colapso de una planta afectada.

De los aislamientos obtenidos, CM2-4, CM3-1, TC3-2 y TC7-3 reprodujeron síntomas de necrosis basal del tallo similares a los observados en campo. Las lesiones aparecieron entre los 5 y 10 días posteriores a la inoculación, mientras que las plantas testigo permanecieron asintomáticas.

Los aislamientos patógenos fueron caracterizados morfológicamente en PDA, SNA y CLA. En PDA desarrollaron colonias blancas con abundante micelio aéreo y textura algodonosa, mientras que en el reverso presentaron tonalidades crema a café claro. En SNA, el crecimiento fue más reducido y favoreció la producción de estructuras reproductivas.

Microscópicamente, los aislamientos produjeron conidios hialinos y septados con variación en longitud, curvatura y número de septos. De acuerdo con el sistema de Saccardo, los conidios correspondieron a formas hialinas y septadas. Además, se observaron diferencias morfológicas entre aislamientos, incluyendo conidios falcados, filiformes y curvos (**Cuadro 1**).

Cuadro 1. Colonias y conidios de los aislamientos patógenos CM2-4, CM3-1, TC3-2 y TC7-3 asociados a necrosis basal del tallo en chíá (*Salvia hispanica*).

AISLADO	PDA	SNA	CONIDIOS			
TC7-3						
CM3-1						
CM2-4						
TC3-2						

Los aislamientos patógenos obtenidos presentaron características compatibles con *Fusarium*, género previamente reportado en chíá asociado a pudriciones de raíz y tallo. Sin embargo, las características morfológicas observadas en los aislamientos recuperados difieren de las descritas en algunos estudios previos, por lo que su identidad taxonómica deberá confirmarse mediante análisis moleculares. Además, en algunas muestras se detectó un oomiceto del orden peronosporales asociado con manchas cloróticas foliares y en otras de manera, se aisló de hojas,

frecuente un hongo con características del género *Colletotrichum*; sin embargo, su patogenicidad e identificación aún están en estudio. Hongos del género *Alternaria* fueron muy frecuentemente aislados de las muestras de todas las localidades muestreadas. Debido a que la caracterización molecular aún no se ha realizado, no es posible determinar si alguno de los organismos recuperados corresponde a un nuevo registro para chía en México. La caracterización morfológica y las pruebas de patogenicidad permitieron identificar aislamientos asociados a necrosis basal del tallo en chía, cuya identidad taxonómica deberá confirmarse mediante análisis moleculares de la región ITS.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada para la realización de estudios de maestría, así como al Colegio de Postgraduados y al INIFAP por el apoyo brindado para el desarrollo de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- El-Kaed, S. A., Mergawy, M. M., & Hassanin, M. M. H. (2021). Management of the most destructive diseases of chia plant and its impact on the yield. *Egyptian Journal of Phytopathology*, 49(1), 37–48. <https://doi.org/10.21608/ejp.2021.61936.1023>
- Hrnčič, M. K., Ivanovski, M., Cör, D., & Knez, Ž. (2020). Chia seeds (*Salvia hispanica* L.): An overview—Phytochemical profile, isolation methods, and application. *Molecules*, 25(1), 11. <https://doi.org/10.3390/molecules25010011>
- Sosa, A., Ruiz, G., Rana, J., & Gordillo, G. (2016). Chia crop (*Salvia hispanica* L.): Its history and importance as a source of polyunsaturated fatty acids omega-3 around the world: A review. *Journal of Crop Research and Fertilizers*, 1(1), 1–9.
- Xingú López, A. A., Martínez Damián, M. T., Ávila Perches, M. A., Hernández Pérez, P., y Vázquez García, L. M. (2017). La producción y comercialización de chía en México: Un análisis descriptivo. *Revista Mexicana de Agronegocios*, 40, 717–728.

MANEJO ALTERNATIVO DE LA MARCHITEZ (*Fusarium* spp.) DEL AGAVE (*Agave angustifolia*) EN SAN PEDRO IXHUATEPEC, PUEBLA

Sergio **Hernández-Pablo**^{1*}, Dionicio **Alvarado-Rosales**¹, Luz De Lourdes **Saavedra-Romero**¹, María Del Pilar **Rodríguez-Guzmán**¹, Víctor Manuel **Zúñiga-Mayo**¹, José Abel **López-Buenfil**¹, Andrés **Quezada-Salinas**².

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF)-Vigilancia Epidemiológica Fitosanitaria. Tecámac, Edo. de México. CP 55740. *Autor para correspondencia: sergio.hernandez@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Las enfermedades representan una de las principales limitantes para la cantidad y calidad de la producción agrícola, debido a que afectan la disponibilidad, absorción, distribución y utilización de nutrientes (Romero-Frías y Cayón, 2011). En *Agave tequilana* var. Azul, *A. cupreata*, *A. angustifolia* y *A. potatorum* se ha reportado la enfermedad de marchitez y pudrición seca del cogollo asociado a diferentes géneros de *Fusarium* spp., y los síntomas más frecuentes incluyen pudrición de raíces, necrosis marrón rojiza en raíces y base del tallo, enrollamiento y muerte de las puntas de las hojas, así como marchitez de las plantas (Corona-Rodríguez et al., 2025).

Una adecuada nutrición puede reducir la severidad de las enfermedades mediante la modificación de la disponibilidad de nutrientes (Hodson et al., 2005; Romero-Frías y Cayón, 2011). En San Pedro Ixhuatepec, desde el año 2023 se ha observado muerte repentina de plantas asociado a la marchitez del agave y debido a la complejidad de la interacción entre nutrición y enfermedad, influenciada por factores bióticos, abióticos y el estado de desarrollo de la planta, el objetivo de este estudio fue evaluar la incidencia y severidad de la pudrición en *Agave angustifolia* Haw. tratado con composta y fertilización química.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en San Pedro Ixhuatepec, municipio de Atzitzihuacán, Puebla, México (18°46'43.5"N, 98°38'18.4"W), en una plantación de *Agave angustifolia* de 15 meses de edad, monitoreada durante 12.5 meses. En la plantación se observaba muerte repentina de plantas asociada a diferentes factores y probablemente a la marchitez del agave.

Se establecieron tres parcelas divididas, cada una con 12 tratamientos y 10 repeticiones por tratamiento. Los tratamientos evaluados fueron: 2 kg de composta (T1), 4 kg de composta (T2), 8

kg de composta (T3), 2 kg de composta + *Trichoderma* spp. (1×10^3) (T4), 4 kg de composta + *Trichoderma* spp. (1×10^3) (T5), 8 kg de composta + *Trichoderma* spp. (1×10^3) (T6), 100 g de fertilizante (T7), 150 g de fertilizante (T8), 200 g de fertilizante (T9), 0.5 L de agua + 0.5 L de BIOL (T10), 0.5 L de agua + 1.0 L de BIOL (T11) y un testigo sin fertilización (T12).

Se realizaron 2 aplicaciones de fertilización, con una diferencia de 8.5 meses entre la primera y la segunda. Por cada kilogramo de composta se adicionó 1 g de arroz colonizado con *Trichoderma* spp. El fertilizante utilizado fue Nitrógeno-Fósforo-Potasio (NPK 10-12-10). Tanto la composta como el BIOL contenían macro y micronutrientes en diferentes concentraciones; adicionalmente, el BIOL contenía *Bacillus* spp. y *Trichoderma* spp.

Cada tres meses se evaluó el 100 % de las plantas registrando altura, diámetro, área foliar, número de hojas, producción de hijuelos, incidencia y severidad. La incidencia se determinó como el porcentaje de plantas enfermas y la severidad mediante una escala visual modificada de Rubio (2018), con valores de 0 (planta sana) a 6 (planta muerta).

Los datos se analizaron en RStudio versión 4.4.1. Se realizó un análisis de componentes principales (PCA) para evaluar el desempeño de los tratamientos considerando altura, área foliar, número de hojas, severidad e hijuelos, asimismo, se analizó la relación entre el peso de raíz y la severidad para determinar el efecto del patógeno sobre el desarrollo radical. Además, se realizó una prueba de Kruskal-Wallis seguida de una prueba post hoc de Dunn con ajuste de Bonferroni para identificar diferencias en la severidad entre tratamientos e identificar aquellos que presenten menor daño de la enfermedad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis integrado de la parte aérea y raíz evidenció una relación positiva entre el desarrollo radical y el crecimiento vegetativo. El tratamiento T11 (0.5 L agua + 1.0 L BIOL) presentó el mejor desempeño general, seguido por T10 (0.5 L agua + 0.5 L BIOL). T11 registró los mayores valores de altura, área foliar, hijuelos y peso de raíz, además de una baja severidad de los síntomas. Estos resultados sugieren que el consorcio de *Bacillus* spp. y *Trichoderma* spp. presente en el BIOL favoreció el desarrollo radical, contribuyendo indirectamente a una mayor tolerancia al estrés fitopatológico.

Por el contrario, el tratamiento testigo (T12) mostró el menor desempeño, caracterizado por bajo crecimiento vegetativo, escasa producción de hijuelos y reducida biomasa de raíz evidenciando el efecto negativo de la ausencia de fertilización sobre el desarrollo de las plantas.

Los tratamientos con fertilización química de alta dosis (T8 y T9) y la dosis baja de composta con *Trichoderma* spp. (T4) se asociaron con un menor desarrollo radicular, mientras que los tratamientos basados en NPK (T7 y T9) promovieron principalmente la emisión de hojas, con escasa respuesta en biomasa radical y área foliar. En contraste, la dosis media de composta enriquecida con *Trichoderma* spp. (T5) favoreció el crecimiento aéreo, reflejado en una mayor elongación del tallo y expansión foliar, aunque mantuvo una producción radical intermedia.

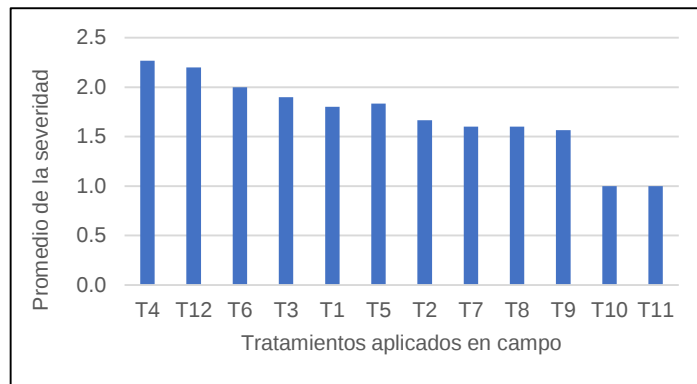


Figura 1. Severidad de *Fusarium* en *Agave angustifolia*.

El ataque de patógenos en el tejido foliar puede inducir clorosis, necrosis y defoliación, reduciendo el área fotosintéticamente activa y la capacidad de fijación de carbono de la planta; en condiciones de estrés y ausencia de fertilización, como las observadas en el tratamiento testigo (T12), esta disminución en la producción de la distribución de compuestos orgánicos podría limitar el suministro de carbono hacia el sistema radical, afectando su crecimiento y desarrollo (Walters, 2015).

El análisis de componentes principales mostró un marcado contraste entre los tratamientos con fertilización química inorgánica (T7, T8 y T9), asociados principalmente con variables de crecimiento aéreo, y el tratamiento T11 (0.5 L de agua + 1.0 L de BIOL), relacionado con mayores valores de peso de raíz. Este patrón sugiere diferencias en la respuesta fisiológica de las plantas asociadas a la disponibilidad de nutrientes y a la distribución de compuestos orgánicos, procesos que pueden verse modificados tanto por la nutrición mineral como por el estrés ocasionado por enfermedades (Walters, 2015).

El tratamiento T11 mostró una mayor asociación con el peso de raíz y las variables de crecimiento aéreo, lo que sugiere una mayor inversión de biomasa en el sistema radical. Este mayor desarrollo, pudo favorecer la exploración del suelo y la absorción de agua y nutrientes, contribuyendo a los mayores valores de altura, área foliar e hijuelos observados en el análisis

multivariado, y una menor severidad de la enfermedad (Rogers et al., 1996). Además, las raíces son importantes sitios de síntesis de citocininas, hormonas relacionadas con el crecimiento y la tolerancia al estrés (Zwack & Rashotte, 2015). Aunque estos mecanismos no fueron evaluados directamente, los resultados son consistentes con una mejor condición fisiológica de las plantas tratadas con BIOL.

La nutrición mineral también puede modificar significativamente la interacción entre las plantas y los patógenos del suelo. Duffy y Défago (1999) demostraron que la aplicación de macro y micronutrientes influye en la severidad de la pudrición de corona y raíz causada por *Fusarium* spp. en tomate, evidenciando que el estado nutricional puede afectar el desarrollo de la enfermedad. En consecuencia, las diferencias observadas en el peso de raíz entre tratamientos podrían estar asociadas, al menos parcialmente, con modificaciones en la interacción planta-patógeno derivadas de la nutrición suministrada. En conjunto, los resultados obtenidos coinciden con lo señalado por Bhardwaj et al. (2014), quienes indican que los biofertilizantes pueden promover el crecimiento vegetal mediante mejoras en la disponibilidad y utilización de nutrientes, así como en la respuesta de las plantas frente a condiciones adversas.

AGRADECIMIENTOS

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por otorgamiento de la Beca Nacional para postgrado, al COLPOS-Fitosanidad por el uso de sus instalaciones para llevar a cabo los ensayos de Laboratorio e Invernadero, a la empresa TERRA-MULCH y ACTIVAMEX por su apoyo en brindar sus materiales para llevar a cabo los estudios de fertilización.

LITERATURA CITADA

- Bhardwaj, D., Ansari, M. W., Sahoo, R. K., & Tuteja, N. (2014). Biofertilizers function as key player in sustainable agriculture by improving soil fertility, plant tolerance and crop productivity. *Microbial Cell Factories*, 13(1), 66. <https://doi.org/10.1186/1475-2859-13-66>
- Corona-Rodríguez, M. del C., García-Núñez, H. G., Arzate-Fernández, A. M., Norman-Mondragón, T. H., & Lamus-Molina, V. (2025). Impact and control prospects of the Fusarium complex, associated to wilt in agave and other crops. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 28(1). <https://doi.org/10.56369/tsaes.5564>
- Duffy, B. K., & Défago, G. (1999). Macro- and microelement fertilizers influence the severity of Fusarium crown and root rot of tomato in a soilless production system. *HortScience*, 34(2), 287–291. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.34.2.287>
- Hodson, M., White, P., Mead, A., & Broadley, M. (2005). Phylogenetic variation in the silicon composition of plants. *Annals of Botany*, 96, 1027-1046.
- Rogers, H. H., Prior, S. A., Runion, G. B., & Mitchell, R. J. (1996). Root to shoot ratio as influenced by CO₂. *Plant and Soil*, 187, 229–248.
- Romero-Frías, A. A., Munévar, F., y Cayón, G. (2011). El silicio y las enfermedades de las plantas. Una revisión. *Agronomía Colombiana*, 29(3), 473–480.
- Rubio, J. R. (2018). *Análisis espacio-temporal de la marchitez del agave tequilero en Jalisco*. [Tesis de Maestría, Colegio de Postgraduados], pp. 33-34. <http://colposdigital.colpos.mx8080/jspui/handle/10521/30R>.
- Walters, D. R. (2015). Growth, development and yield of infected and infested plants and crops. In *Physiological responses of plants to attack*, 24-40.
- Zwack, P. J., & Rashotte, A. M. (2015). Cytokinin inhibition of leaf senescence. *Journal of Experimental Botany*, 66(20), 6051–6061. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv172>

EVALUACIÓN Y SELECCIÓN DE CEPAS NATIVAS DE *Trichoderma* spp. CON POTENCIAL ANTAGÓNICO CONTRA ESPECIES DE *Neopestalotiopsis*

Ilse Nadia **Torres-Ocampo**¹, Manuel **Silva-Valenzuela**¹, Reyna Isabel **Rojas-Martínez**^{1*}, Daniel Leobardo **Ochoa-Martínez**¹

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

*Autor de correspondencia: rojas@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

México es el cuarto país con mayor producción de fresa a nivel mundial (FAOSTAT, 2025). Sin embargo, la producción se ve limitada por diversas enfermedades, entre ellas la pudrición causada por especies del género *Neopestalotiopsis*, consideradas una amenaza emergente para este cultivo (Ávila-Hernández et al., 2025). El manejo de estas enfermedades depende principalmente de fungicidas, cuyo uso excesivo favorece la resistencia de patógenos y la contaminación ambiental. (Baggio et al., 2023). Lo anterior ha impulsado el desarrollo de alternativas como el manejo biológico. Entre los microorganismos más estudiados destaca el género *Trichoderma* debido sus múltiples mecanismos de acción (Kumar, 2013). Bajo este contexto, la presente investigación tiene como objetivo seleccionar las cepas de *Trichoderma* con mayor potencial antagonista contra *N. clavispora* y *N. rosae* mediante la evaluación *in vitro* de diferentes mecanismos de acción.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material biológico. Se utilizaron seis cepas de *Trichoderma* (CJS1, CJS2 y CJS4 identificadas como *T. harzianum*; CJS3 como *T. longibrachiatum*; y CJS6 y CJS7 como *T. asperelloides*) provenientes del cepario del laboratorio L-114 de Fitopatología, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán (García-Silva, 2026) y dos cepas de *Neopestalotiopsis* (CFM1 y CFSQ, identificadas como *N. rosae* y *N. clavispora*, respectivamente) pertenecientes al laboratorio 209 de Fisiología y Biología Molecular de la Interacción Planta-Patógeno-Vector y Control Biológico, Fitosanidad, Colegio de Postgraduados (Gutiérrez-Esquivel, 2023). Todas las cepas fueron reactivadas en medio agar papa dextrosa (PDA, Bioxon[®], 39 g/L).

Selección de cepas antagonistas. La actividad antagónica de las cepas de *Trichoderma* contra CFM1 y CFSQ se evaluó mediante confrontación dual en caja Petri (Rahman et al., 2009).

El experimento se estableció bajo un diseño completamente al azar con arreglo factorial 6 x 2 conformado por 12 tratamientos y cinco repeticiones por tratamiento. Las cajas se incubaron por siete días a 26 ± 2 °C y se incluyeron como controles de crecimiento cajas de CFM1, CFSQ y *Trichoderma* creciendo de manera solitaria. Al término del periodo de incubación se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento del micelio (% ICM) (El-Debaiky, 2017), el porcentaje de colonización (% C) (Camporota, 1985) y, se registró el índice de habilidad antagónica (Bell, 1982). Para las evaluaciones posteriores se seleccionaron las cepas con mayor actividad antagónica en la confrontación dual.

Hiperparasitismo de *Trichoderma*. Se evaluó la capacidad parasítica de las cepas mediante cultivos duales. En tres periodos de evaluación (72, 96 y 120 h) se tomaron muestras de la zona de contacto entre ambos organismos, se tiñeron con azul de lactofenol y se observaron mediante microscopía de luz. A partir de estas observaciones se registraron las etapas asociadas al micoparasitismo (Harman et al., 2004).

Efecto inhibitorio de compuestos solubles. Las cepas de *Trichoderma* se cultivaron en medio caldo papa dextrosa (PDB; MDC Lab[®], México) en agitación constante a 110 rpm por siete días (Liu et al., 2024). Una vez finalizado el periodo de incubación, el líquido fermentado se centrifugó a 4,000 rpm por 15 min y el sobrenadante se purificó mediante filtración al vacío; posteriormente, el filtrado se esterilizó con filtros Millipore[®] estériles de distinto calibre. El filtrado se incorporó a medio PDA y se vertió en cajas Petri. Sobre este medio se inocularon discos miceliales de los patógenos y se incubaron durante siete días a 26 ± 2 °C. Como control se utilizaron cajas con PDA adicionado con PDB sometido al mismo procedimiento, se incubaron por siete días a 26 ± 2 °C. Al finalizar el periodo de incubación se determinó el % ICM.

Evaluación de volátiles. Se utilizó el método de cultivo de ensayo de doble placa (Rajani et al., 2021). El tratamiento control consistió en discos miceliales de cada patógeno creciendo por separado, se incubaron durante siete días a 26 ± 2 °C. Al término del periodo de incubación se registró el % IMC.

Análisis estadístico. Los datos se analizaron en RStudio v4.5.1 mediante ANOVA factorial tipo III y comparación de medias de Tukey ($p < 0.05$). Las variables que no cumplieron los supuestos de normalidad se analizaron mediante las pruebas de Kruskal-Wallis y Duncan ($p < 0.05$).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de % IMC mostró una interacción significativa entre el ensayo, la cepa de *Trichoderma* y la cepa de *Neopestalotiopsis* ($p \leq 0.05$), lo que indica que la respuesta antagonista dependió tanto del aislamiento evaluado como del ensayo realizado. Debido a que las tendencias observadas fueron consistentes entre ambos ensayos, en el **Cuadro 1** se presentan los datos representativos. En general, CJS3 presentó los mayores porcentajes de inhibición frente a ambos patógenos, mientras que CJS2, CJS6 y CJS7 mostraron respuestas variables.

Cuadro 1. Porcentaje de inhibición del crecimiento micelial (% ICM) y colonización de cepas de *Trichoderma* frente a *Neopestalotiopsis rosae* (CFM1) y *N. clavispora* (CFSQ).

<i>Trichoderma</i>	% Inhibición del crecimiento micelial		% Colonización	
	CFM1	CFSQ	CFM1	CFSQ
CJS1	62.50 ± 2.60 ab	78.87 ± 1.75 a	78.87 ± 1.75 a	54.31 ± 7.04 a
CJS2	57.27 ± 1.79 ac	96.39 ± 7.15 b	96.39 ± 7.15 b	56.33 ± 1.57 ab
CJS3	65.56 ± 2.89 b	81.32 ± 3.49 a	81.32 ± 3.49 a	67.96 ± 3.14 c
CJS4	63.35 ± 2.82 ab	78.58 ± 0.98 a	78.58 ± 0.98 a	60.85 ± 3.66 abc
CJS6	51.54 ± 5.70 c	93.58 ± 4.32 c	93.58 ± 4.32 c	62.31 ± 2.86 bc
CJS7	62.03 ± 5.85 ab	98.14 ± 1.65 b	98.14 ± 1.65 b	60.27 ± 3.38 ab

Los valores corresponden a la media ± desviación estándar (SD). Medias seguidas por la misma letra dentro de una columna no difieren significativamente entre sí de acuerdo con la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$).

Cuadro 2. Porcentaje de inhibición del crecimiento micelial de CFM1 y CFSQ inducido por metabolitos solubles y compuestos volátiles producidos por cepas de *Trichoderma* frente a *Neopestalotiopsis rosae* (CFM1) y *N. clavispora* (CFSQ).

<i>Trichoderma</i>	Metabolitos Solubles		Compuestos Volátiles	
	CFM1	CFSQ	CFM1	CFSQ
CJS3	54.79 ± 7.33 c	44.69 ± 6.99 a	52.80 ± 2.38 a	48.86 ± 4.42 a
CJS4	18.91 ± 3.32 d	27.14 ± 8.30 b	46.52 ± 19.78 a	64.15 ± 15.10 a
CJS7	19.08 ± 2.25 d	26.73 ± 6.03 b	72.80 ± 11.08 b	77.41 ± 3.41 b

Los valores corresponden a la media ± desviación estándar (SD). Medias seguidas por la misma letra dentro de una columna no difieren significativamente entre sí de acuerdo con la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$).

La capacidad de colonización dependió de la combinación entre la cepa de *Trichoderma*, y cepa de *Neopestalotiopsis*, destacando CJS2 y CJS7 por presentar los mayores porcentajes frente a CFM1, mientras que todas las cepas mostraron una colonización similar sobre CFSQ. Con base en la inhibición del crecimiento micelial, la colonización y letalidad observada sobre las hifas de los patógenos, se seleccionaron las cepas CJS3, CJS4 y CJS7.

La capacidad parasítica al con los patógenos *Neopestalotiopsis rosae* CFM1 y *N. clavispora* se observó en las cepas CJS4 y CJS7 que presentaron las cuatro etapas del proceso de hiperparasitismo, mientras que CJS3 únicamente mostró la etapa I.

Los metabolitos solubles y compuestos orgánicos volátiles de las cepas seleccionadas inhibieron significativamente el crecimiento micelial de CFM1 y CFSQ. En conjunto, las cepas CJS3, CJS4 y CJS7 mostraron potencial como agentes de control biológico al emplear mecanismos como hiperparasitismo y producción de metabolitos solubles y volátiles, por lo que representan candidatas para su evaluación en invernadero.

AGRADECIMIENTOS

Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada para la realización de los estudios de Maestría del primer autor.

LITERATURA CITADA

- Ávila-Hernández, J. G., León-Ramírez, C. G., Abraham-Juárez, M. D. R., Tlapal-Bolaños, B., Olalde-Portugal, V., Délano-Frier, J. P., ... & Aguilar-Zárate, P. (2025). *Neopestalotiopsis* spp.: A threat to strawberry production and management. *Horticulturae*, 11(3), 288. <https://doi.org/10.3390/horticulturae11030288>
- Baggio, J. S., Rebello, C. S., de Moraes, M. B., Marin, M. V., Gama, A. B., Forcelini, B. B., Mertely, J. C., & Peres, N. A. (2023). Efficacy of single- and multi-site fungicides against *Neopestalotiopsis* spp. of strawberry. *Plant Disease*, 107(7), 2177–2184. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-22-1929-RE>
- Bell, D. K., Wells, H. D., & Markham, C. R. (1982). In vitro antagonism of *Trichoderma* species against six fungal plant pathogens. *Phytopathology*, 72(4), 379–382.
- Camporota, P. (1985). Antagonisme *in vitro* de *Trichoderma* spp. vis-à-vis de *Rhizoctonia solani* Kühn. *Agronomie*, 5(7), 613–620.
- El-Debaiky, S. A. (2017). Antagonistic studies and hyphal interactions of the new antagonist *Aspergillus piperis* against some phytopathogenic fungi in vitro in comparison with *Trichoderma harzianum*. *Microbial Pathogenesis*, 113, 135–143. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2017.10.041>
- García-Silva, S. M. (2026). *Evaluación de cepas nativas de Trichoderma spp. como bioestimulantes del crecimiento vegetal en plantas de maíz (Zea mays L.)* [Tesis de licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México].

- Gutiérrez-Esquivel, D. (2023). *Diversidad genética de aislamientos de Neopestalotiopsis sp. asociados a la pudrición de la corona en fresa*. [Tesis de maestría, Colegio de Postgraduados].
- Harman, G. E., Howell, C. R., Viterbo, A., Chet, I., & Lorito, M. (2004). *Trichoderma* species—Opportunistic, avirulent plant symbionts. *Nature Reviews Microbiology*, 2(1), 43–56. <https://doi.org/10.1038/nrmicro797>
- Liu, P., Yang, R., Wang, Z., Ma, Y., Ren, W., Wei, D., & Ye, W. (2024). Biocontrol potential of *Trichoderma asperellum* CMT10 against strawberry root rot disease. *Horticulturae*, 10(3), 246. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10030246>
- Liu, Y., He, P., He, P., Munir, S., Ahmed, A., Wu, Y., Yang, Y., Lu, J., Wang, J., & Yang, J. (2022). Potential biocontrol efficiency of *Trichoderma* species against oomycete pathogens. *Frontiers in Microbiology*, 13, 974024. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.974024>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2025). *FAOSTAT statistical database*. <https://www.fao.org/faostat/es/>
- Rahman, M. A., Begum, M. F., & Alam, M. F. (2009). Screening of *Trichoderma* isolates as a biological control agent against *Ceratocystis paradoxa* causing pineapple disease of sugarcane. *Mycobiology*, 37(4), 277–285. <https://doi.org/10.4489/MYCO.2009.37.4.277>
- Rajani, P., Rajasekaran, C., Vasanthakumari, M. M., Olsson, S. B., Ravikanth, G., & Shaanker, R. U. (2021). Inhibition of plant pathogenic fungi by endophytic *Trichoderma* spp. through mycoparasitism and volatile organic compounds. *Microbiological Research*, 242, 126595. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126595>

POTENCIAL ANTAGÓNICO DE *Chaetomium globosum* CONTRA *Neopestalotiopsis rosae* Y *N. clavispora*

Valeria Samantha **Sanchez-Corona**¹, Reyna Isabel **Rojas-Martínez**^{1 *}, Manuel **Silva-Valenzuela**¹, Víctor Manuel **Zuñiga-Mayo**¹, Raúl **Velasco-Azorsa**², César Mariano **Torres-Núñez**²

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Área Académica de Biología. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo-Centro de Investigaciones Biológicas. Mineral de la Reforma, Hidalgo. CP 42184. *Autor para correspondencia: rojas@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La fresa (*Fragaria* × *ananassa*) es uno de los cultivos de mayor importancia económica en México, ocupando el quinto lugar a nivel mundial en producción y destacando por su importante participación en mercados de exportación (SIAP, 2025). Sin embargo, su productividad se ve limitada por diversas enfermedades causadas por patógenos del suelo. Entre estos, especies del género *Neopestalotiopsis* han emergido como un problema fitosanitario relevante, induce síntomas como manchas foliares, secadera, pudrición de corona y raíz, así como la muerte de plantas en diferentes regiones productoras. Aunque este género fue considerado durante años como un grupo de patógenos oportunistas de baja importancia, estudios recientes demuestran su capacidad para ocasionar pérdidas económicas severas. (Rebollar-Alviter et al., 2024). El manejo de esta enfermedad se ha basado en el uso de fungicidas químicos; sin embargo, su aplicación continua no es la mejor opción ya que puede causar resistencia a algunos ingredientes activos. Bajo esta problemática se ha impulsado la búsqueda de alternativas de manejo más sostenibles. En este sentido los hongos endófitos son una herramienta prometedora, ya que pueden colonizar los tejidos vegetales sin causar daño al hospedante y contribuir a su protección mediante diversos mecanismos, entre los que destacan la competencia por nutrientes y espacio, la producción de metabolitos antifúngicos y la inducción de respuestas de defensa sistémica (Schouten, 2016; Silva-Valenzuela et al., 2020). Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antagonista de *Chaetomium globosum* frente a especies de *Neopestalotiopsis* spp. asociadas a la pudrición de corona y raíz de fresa, así como la caracterización metabolitos involucrados en dicho efecto.

MATERIALES Y MÉTODOS

Evaluación antagonista por confrontación dual y compuestos orgánicos volátiles (COVs). En ambos ensayos se utilizaron discos de micelio de 5 mm de diámetro obtenidos de cultivos con 7 días de crecimiento, se realizaron tres experimentos independientes con cinco repeticiones cada uno y se incubaron a 25 ± 2 °C. Para la confrontación dual, los discos de *C. globosum* y de los fitopatógenos se colocaron en extremos opuestos de cajas Petri de 90 mm con medio PDA, a 1 cm de la periferia. Como control, cada patógeno se cultivó bajo las mismas condiciones. Debido al crecimiento más lento de *C. globosum* en comparación con los patógenos, la evaluación se realizó cuando el control cubrió por completo la superficie del medio. El porcentaje de inhibición del crecimiento radial (PICR) se calculó mediante la fórmula $PICR = \frac{R_1 - R_2}{R_1} \times 100$, donde R_1 = crecimiento del patógeno en el control y R_2 al crecimiento en presencia de *C. globosum*. Además, se realizaron observaciones macroscópicas de la interacción para identificar posibles mecanismos de antagonismo. Para evaluar el efecto de los COVs, el antagonista y los fitopatógenos se cultivaron en cajas Petri independientes con PDA, las cuales se ensamblaron enfrentando las superficies con medio de cultivo y se sellaron con parafilm, permitiendo solo la interacción a través de los COVs emitidos por *C. globosum*. Como control, los patógenos se enfrentaron a cajas con PDA sin el antagonista. El porcentaje de inhibición se determinó mediante la fórmula (%) = $(D_c - D_t)/D_c \times 100$, donde D_c = al diámetro del patógeno en el control y D_t al diámetro del patógeno expuesto a los compuestos volátiles. Los datos obtenidos en ambos ensayos fueron sometidos a análisis de varianza (ANOVA) y comparación de medias mediante la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$).

Evaluación de la actividad antifúngica de metabolitos extracelulares frente a *N. rosae*. *C. globosum* se cultivó en medio Papa Dextrosa (PD) líquido durante 18, 22 y 26 días a 22 ± 2 °C en agitación constante. El cultivo se filtró con papel Whatman No. 4 y 5 para separar la biomasa del caldo. La actividad antifúngica del filtrado se evaluó mediante la técnica de medio envenenado, incorporándolo al medio PDA en concentraciones de 10, 30 y 50 % (v/v). Como control se utilizó PDA sin filtrado y como blanco solo medio PD incubado bajo las mismas condiciones. Se colocó un disco de 5 mm de *N. rosae* en el centro de cada caja Petri y se incubó a 25 ± 2 °C. Los datos se analizaron mediante ANOVA y prueba de Tukey ($p \leq 0.05$).

Extracción e identificación de metabolitos secundarios. Los metabolitos producidos por *C. globosum* se extrajeron del caldo mediante extracción líquido-líquido con acetato de etilo (1:1, v/v). La fase orgánica se recuperó y se concentró mediante evaporación en rotavapor a 40 °C y el extracto obtenido se almacenó. La caracterización preliminar de los metabolitos se realizó mediante cromatografía en capa fina (TLC). La identificación estructural de los compuestos se llevó a cabo mediante espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN) de ^1H y ^{13}C , complementada con experimentos bidimensionales COSY, HSQC y HMBC. Los espectros obtenidos fueron interpretados mediante el análisis de desplazamientos químicos, así como por comparación con datos reportados en la literatura.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

C. globosum mostró actividad antagonista frente a *N. clavispora* y *N. rosae* tanto en confrontación dual como mediante compuestos orgánicos volátiles (COVs) (Cuadro 1) (Figura 1). En la confrontación dual, los porcentajes de inhibición fueron de 63.9 ± 0.73 % para *N. clavispora* y 65.53 ± 1.63 % para *N. rosae*. Además, las observaciones macroscópicas revelaron que los patógenos no entraron en contacto directo con el antagonista, aunque la inhibición fue superior al 60 % ($p = 0.0335$). Los COVs producidos por *C. globosum* inhibieron el crecimiento de *N. clavispora* y *N. rosae* en un 55.40 % y 50.18 %, respectivamente. El análisis de varianza mostró diferencias significativas entre patógenos ($p = 0.00169$), tratamientos ($p < 0.0001$) y su interacción ($p = 2.75 \times 10^{-6}$).

Cuadro 1. Actividad antagonista in vitro de *C. globosum* contra *N. rosae* y *N. clavispora*.

Tratamiento	Confrontación dual		Compuestos volátiles	
	Diámetro (mm)	Inhibición (%)	Diámetro (mm)	Inhibición (%)
<i>N. rosae</i> (Control)	70.5	–	77.9	–
<i>N. rosae</i> vs <i>C. globosum</i>	24.3	65.2	38.7	50.18
<i>N. clavispora</i> (Control)	69.2	–	79.6	–
<i>N. clavispora</i> vs <i>C. globosum</i>	24.1	63.9	35.4	55.4

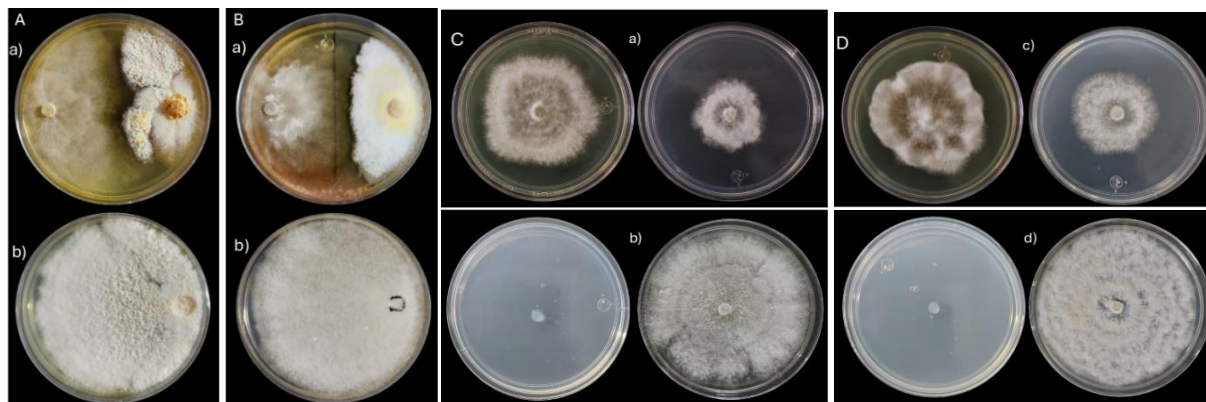


Figura 1. Actividad antagonista, A) Confrontación dual; a) *C. globosum* vs *N. clavisporea*, b) Control. B) Confrontación dual; a) *C. globosum* vs *N. rosae*, b) control. C) COVs de *C. globosum* vs *N. clavisporea*. D) COVs de *C. globosum* vs *N. rosae*.

La incorporación del filtrado de cultivo de *C. globosum* al medio PDA redujo significativamente el crecimiento micelial del fitopatógeno en todas las concentraciones evaluadas ($p \leq 0.05$). A los 18 días de cultivo, el diámetro fue de 83.9 mm en el control y de 46.6, 27.4 y 19.9 mm en las concentraciones de 10, 30 y 50 %, respectivamente. Este efecto se intensificó con el tiempo de cultivo del antagonista, alcanzando a los 26 días diámetros de 27.0, 16.6 y 13.8 mm para las mismas concentraciones, frente a 81.0 mm en el control. En conjunto, el crecimiento del fitopatógeno disminuyó conforme aumentaron la concentración del filtrado y el tiempo de cultivo de *C. globosum*. El análisis e interpretación de los espectros de RMN de ^1H , ^{13}C y experimentos bidimensionales (COSY, HSQC y HMBC) permitieron establecer las correlaciones entre protones y carbonos y proponer la estructura del metabolito aislado. Los datos espectroscópicos obtenidos mostraron alta concordancia con los reportados en la literatura para compuestos de la familia de las chaetoglobosinas. En particular, las señales observadas fueron compatibles con la estructura de la chaetoglobosina A, un metabolito secundario previamente descrito en *Chaetomium globosum*.

Los resultados obtenidos demuestran que *Chaetomium globosum* ejerce una actividad antagonista significativa contra *Neopestalotiopsis clavisporea* y *N. rosae*, alcanzando porcentajes de inhibición superiores al 65 % en confrontación dual. Estos valores son comparables a los reportados por Jothini Varsha et al. (2025), quienes observaron una inhibición de 67.77 % de *Macrophomina phaseolina* por la cepa Cg-40 de *C. globosum*. La ausencia de contacto directo entre los micelios durante la confrontación dual, junto con la inhibición superior al 50 % observada mediante compuestos orgánicos volátiles, sugiere que el antagonismo está asociado a la producción de metabolitos difusibles. De manera similar, Jothini Varsha et al. (2025) atribuyeron la actividad

antifúngica de *C. globosum* a la producción de metabolitos secundarios bioactivos, entre ellos chaetoglobosina A, chaetomina y chaetoviridinas. Asimismo, la disminución del crecimiento micelial conforme el aumento de la concentración del filtrado y el tiempo de cultivo del antagonista indica una acumulación progresiva de compuestos bioactivos en el medio. La identificación de señales compatibles con chaetoglobosina A mediante RMN respalda la posible participación de este metabolito en la inhibición observada, destacando el potencial de *C. globosum* como agente de control biológico contra especies de *Neopestalotiopsis* spp.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada durante mi maestría. A mi comité particular, al Dr. Raúl Velasco y a César M. Torres.

LITERATURA CITADA

- Rebollar-Alviter, A., Silva-Rojas, H. V., y Acosta-González, U. (2024). Manejo integrado del tizón foliar y pudrición de la corona de la fresa causada por *Neopestalotiopsis rosae*. *Figshare*. <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.27316824>
- Schouten, A. (2016). Mechanisms involved in nematode control by endophytic fungi. *Annual Review of Phytopathology*, 54, 121–142. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080615-100114>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (2025). Panorama agroalimentario de la fresa en México. *Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural*.
- Silva-Valenzuela, M., Rojas-Martínez, R. I., Manzanilla-López, R. H., Macías-Rubalcava, M. L., Aranda-Ocampo, S., y Zavaleta-Mejía, E. (2020). Hongos endófitos: Una alternativa biológica para el manejo de nematodos fitoparásitos. *Nematropica*, 50(1), 57–71.
- Varsha, I. S. J., Rajendran, L., Saravanakumari, K., Karthikeyan, G., Vinothkumar, B., & Anandham, R. (2025). Exploitation of *Chaetomium globosum* and AMF against *Macrophomina phaseolina* causing root and crown rot in strawberry and its underlying mechanisms by molecular docking. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 138. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.102697>

BIOPROSPECCIÓN EPIDEMIOLOGICA DE ESPECIES NATIVAS *Trichoderma* spp. PARA RESTAURAR SUPRESIVIDAD DE SUELOS AGAVEROS DE JALISCO

Verónica Inés **Martínez-Bustamante**¹, Dulce Jazmín **Hernández-Melchor**², Antonio **Mora-Aguilera**¹, Sergio **Sandoval-Islas**¹, Gustavo **Santoyo-Pizano**³, Gustavo **Mora-Aguilera**^{1*}

¹Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264.

²Posgrado en Edafología. Colegio de Postgraduados-Montecillo. Texcoco, Edo. de México. CP 56264. ³Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo-Ciudad Universitaria. Morelia, Michoacán. CP 58030. *Autor para correspondencia: morag@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La bioprospección en agricultura permite descubrir y caracterizar microorganismos benéficos por sus capacidades antagónicas, promotoras de crecimiento vegetal o estimulación del sistema de defensas de las plantas. Además, facilita la selección de microorganismos compatibles para integrar consorcios sintéticos (Kredics et al., 2024). Inicialmente, los aislados se obtienen de la rizosfera, se identifican molecularmente (ITS, *tef1*, *rpb2*), y se evalúan *in vitro* por su antagonismo o producción de enzimas (líticas, fitohormonas, etc) (Nagy et al., 2023). En este contexto se han identificado 25 especies de *Trichoderma* con potencial de control biológico para más de 100 especies de fitopatógenos (Thambugala et al., 2020). Actualmente, se busca implementar ciencias ómicas para predecir rasgos beneficiosos e interacciones nivel molecular, acelerando el desarrollo de bioproductos (Dutta et al., 2023). Se postula que el movimiento de *Fusarium* spp. en hijuelos de *A. tequilana* explica los niveles de salud del suelo SS y la intensidad del síndrome de marchitez y pudrición SMAP, determinados por carga de inóculo, diversidad genética del patógeno, densidad del hospedero y propiedades edáficas. Asimismo, que la supresividad de los suelos pueden ser efectiva y eficientemente gestionadas para el manejo más sostenible con microbiota nativa, subpoblaciones adaptadas y prevalentes. El objetivo en esta investigación es desarrollar una matriz a base de especies nativas de *Trichoderma* spp., con mecanismos de acción complementarios, encapsulados con subproductos de la industria tequilera aunado a validaciones *in vitro* e *in vivo* para alcanzar un Nivel de Madurez Tecnológica TRL 4. El avance en 2026 muestra parte de la bioprospección bajo una visión epidemiológica.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizó la colección de *Trichoderma* spp. del CP-LANREF que contempla la visión del sistema epidemiológico en el agroecosistema *A. tequilana* de las regiones Altos, Valles y Sur de Jalisco, así como Romita, Guanajuato. Los aislamientos fueron activados en medio PDA a 28°C durante 72 h. Posteriormente, se verificó la pureza para las siguientes pruebas. Cabe resaltar que todas estas se realizaron por triplicado y se incubaron a temperatura ambiente.

Caracterización funcional *in vitro*

Velocidad de crecimiento (VC). Se sembraron fragmentos de 0.5 cm con crecimiento micelial activo en tres medios de cultivo: PDA, V8 y Bagazo agar (10 g de bagazo de *A. tequilana* molido y 15 g agar). El diámetro de crecimiento fue cuantificado cada 24 h. Se calculó el área bajo la curva del progreso, adaptado al crecimiento usando SAS® Studio.

Tasa de esporulación (TE). De cada réplica se recolectaron los conidios con 1mL de agua destilada estéril en condiciones asépticas. Se realizaron diluciones seriadas hasta 1×10^6 y se sembraron 200 µL en TSM. Se cuantificó el número de colonias totales hasta las 120 h. Se empleó la fórmula: $\text{UFC/mL} = (\text{No. de Colonias}) \times (\text{factor de dilución}) \times (1/\text{volumen sembrado})$.

Actividad quitinolítica (AQ). Se identificó la producción de quitinasas empleando un medio específico adicionado con quitina coloidal y purpura de bromocresol (indicador de pH) según Agrawal y Kotasthane (2012). Se sembró un fragmento de 0.5 cm con crecimiento micelial activo y se registró el cambio de coloración a purpura a los 7 dds.

Identificación molecular. El ADN genómico se extrajo a partir de 0.5 cm de micelio seco con el protocolo SDS 1% modificado de Green y Sambrook (2012). La concentración y pureza del ADN se evaluaron en un NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, EE.UU.). La identificación molecular se realizó con 40 ng/µL de ADN, se amplificaron las regiones de *rpb2* y *TEF-1α* siguiendo los protocolos de Diaz-Fajardo (2026). Los amplicones fueron secuenciados por MacroGen®, Corea. El análisis bioinformático que consistió en: Generación de secuencia consenso con SeqAssem v07, seguido del alineamiento local Blast-n® en NCBI y filogenia en NGPhylogeny.fr (Lemoine et al., 2019).

Análisis multivariado. Se estructuró una matriz con variables físicas, químicas y biológicas de los suelos agaveros (Muñoz et al., 2024). Además de las variables *in vitro* (VC, TE,

AQ) y la identificación molecular de los aislamientos. Posteriormente, se realizó un análisis multivariado usando SAS® Studio. Se inicio con un análisis de correlación de Pearson para eliminar variables con alta asociatividad. Seguido de un análisis de componentes principales con el objetivo de visualizar y reducir la dimensionalidad, describir la varianza total y explorar la agrupación con el menor número de componentes. A continuación, se implementó un análisis factorial ajustando el mínimo número de componentes y una rotación varimax. Por último, se ejecutó un análisis de clúster (Mora-Aguilera & Campbell, 1997).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La colección regional de *Trichoderma* del CP-LANREF cuenta con 69 aislamientos viables, distribuidos en las regiones Altos (24), Valles (9), Sur (28) y Guanajuato (6) con cerca de 50 variables que integran factores químicos, físicos y biológicos. Se identificaron 10 especies: *T. azevedoi*, *T. afroharzianum*, *T. spirale*, *T. asperellum*, *T. asperelloides*, *T. virens*, *T. endophyticum*, *T. rifaii* (homologías >98%), *Trichoderma* spp. (sin amplificar) y *Trichoderma* sp. (homologías <95%) perteneciente a la secc. Harzianum/ Virens.

El área bajo la curva de crecimiento (ABCP) mostró valores globales de 9,303.36 a 10,956.72. Sin embargo, a las 48 h donde todas las especies alcanzan >80% del crecimiento. La caracterización *in vitro* destaca a *T. afroharzianum*, *Trichoderma* sp., *T. asperellum*, *T. azevedoi* y *T. asperelloides*, que representan el 69% de la colección y una amplia distribución en las regiones de estudio (Cuadro 1). El análisis multivariado en conjunto, logró resumir la información de todas las variables analizadas en diez factores. Cada uno agrupa variables con cargas altas (positivas o negativas), lo que permite interpretar dimensiones latentes específicas: p. ejem. Factor 1 contrasta materia orgánica, índice de *Fusarium*, tasa de esporulación, con niveles bajos de pH y UFC de bacterias; Factor 2 asocia altas cargas de hongos totales y *T. afroharzianum* con baja severidad de enfermedad; Factor 3 suelos compactos, altas VC y aislados de *Trichoderma* sp.; Factores 7 a 10 muestran casi de forma exclusiva a especies que cohabitan o se excluyen en suelos agaveros como *T. asperelloides* versus *T. endophyticum* y *T. azevedoi*.

Esta estructura facilita la interpretación ecológica, al mostrar qué variables tienden a variar juntas o independientes. Análisis similares se han empleado en suelos de vid donde se observó una correlación positiva entre el contenido de hierro y pH bajos aumentaban las poblaciones de *Trichoderma* en España (Carro-Huerga et al., 023).

Cuadro 1. Caracterización *in vitro* de 10 especies de *Trichoderma* aislados de suelos agaveros.

	Velocidad de crecimiento ABCP_48 h		Tasa de esporulación UFC/ mL		Índice actividad quitinolítica	
	Mínimo	Máximo	Mínimo	Máximo	Intra especie	Global
<i>T. azevedoi</i> (9)	1428.12	2194.32	8.60E+06	2.60E+08	0.67	0.09
<i>T. afroharzianum</i> (7)	1565.76	2316.72	1.00E+07	1.00E+09	0.57	0.06
<i>T. asperellum</i> (14)	1360.08	2127.12	1.00E+07	4.48E+09	0.50	0.10
<i>T. asperelloides</i> (5)	1720.08	2068.08	7.30E+06	2.88E+09	1.00	0.07
<i>T. endophyticum</i> (6)	1712.16	2050.2	9.90E+06	1.90E+08	0.33	0.03
<i>T. rifaaii</i> (2)	1737.24	1774.92	7.00E+07	4.60E+08	1.00	0.03
<i>T. spirale</i> (1)		2207.28		2.00E+08	0.00	0.00
<i>T. virens</i> (2)	1982.28	2064	6.00E+07	7.00E+07	0.00	0.00
<i>Trichoderma</i> sp. (13)	1225.08	2295.6	9.30E+06	5.20E+08	0.85	0.16
<i>Trichoderma</i> spp. (10)	1607.76	2126.64	1.03E+07	2.20E+09	0.60	0.09

Las investigaciones en el agroecosistema *A. tequilana* y el SMAP ha permitido comprender hasta el 74.1 % los factores asociados a niveles contrastantes en la SS. Además, la alta diversidad del género *Fusarium* especializado en diferentes órganos vegetales y suelo, lo cual representa un reto (López-Bautista et al., 2019; Muñoz-Alcalá et al., 2024). Esta visión epidemiológica permite una bioprospección dirigida a los escenarios reales de campo complementado con una caracterización multidisciplinaria que permita identificar y cuantificar atributos biológicos complementarios.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la SECIHTI por la beca otorgada para los estudios de doctorado. Al CP-Fitopatología por la infraestructura y el entorno académico. Al CP-LANREF por el acervo biológico y trabajo colaborativo.

LITERATURA CITADA

- Agrawal, T., & Kotasthane, A. (2012). Chitinolytic assay of indigenous *Trichoderma* isolates collected from different geographical locations of Chhattisgarh in Central India. *SpringerPlus*, 73(1), 2–3. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-1-73>
- Carro-Huerga, G., Mayo-Prieto, S., Rodríguez-González, Á., Cardoza, R. E., Gutiérrez, S., & Casquero, P. A. (2023). Vineyard Management and Physicochemical Parameters of Soil Affect Native *Trichoderma* Populations, Sources of Biocontrol Agents against *Phaeoacremonium minimum*. *Plants*, 12(4), 887. <https://doi.org/10.3390/plants12040887>
- Dutta, P., Mahanta, M., Singh, S. B., Thakuria, D., Deb, L., Kumari, A., Upamanya, G. K., Boruah, S., Dey, U., Mishra, A. K., Vanlaltani, L., VijayReddy, D., Heisnam, P., & Pandey, A. K.

- (2023). Molecular interaction between plants and *Trichoderma* species against soil-borne plant pathogens. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1145715. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1145715>
- Kredics, L., Büchner, R., Balázs, D., Allaga, H., Kedves, O., Racić, G., Varga, A., Nagy, V. D., Vágvolgyi, C., & Sipos, G. (2024). Recent advances in the use of *Trichoderma*-containing multicomponent microbial inoculants for pathogen control and plant growth promotion. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 40, 162. <https://doi.org/10.1007/s11274-024-03965-5>
- López-Bautista, V., Mora-Aguilera, G., Gutiérrez-Espinosa, M. A., Mendoza-Ramos, C., Martínez-Bustamante, V. I., Coria-Contreras, J. J., Acevedo-Sanchez, G., y Santana-Peñaloza, B. (2020). Caracterización morfológica y molecular de *Fusarium* spp. asociado a la ocurrencia regional de marchitez y pudrición seca del cogollo en *Agave tequilana*. *Revista mexicana de fitopatología*, 38 (1), 79-106. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1911-4>
- Mora-Aguilera, G., & Campbell, L. (1997). Multivariate techniques for selection of epidemiological variables. In Francl L. and Neher D A. (Eds.), *Exercises in Plant disease epidemiology* (pp. 51-58, 194-198). APS Press.
- Muñoz, A. A., Mora, A. G., Mora, A. A., y Ramón, R. C. (2024). Efecto de textura, compactación, pH, materia orgánica y población de hongos del suelo en la supresividad regional de *Fusarium* spp. en *Agave tequilana*.
- Nagy, V. D., Zhumakayev, A., Vörös, M., Bordé, Á., Szarvas, A., Szűcs, A., Kocsubé, S., Jakab, P., Monostori, T., Škrbić, B. D., Mohai, E., Hatvani, L., Vágvolgyi, C., & Kredics, L. (2023). Development of a multicomponent microbiological soil inoculant and its performance in sweet potato cultivation. *Microorganisms*, 11(4), 914. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040914>
- Thambugala, K. M., Daranagama, D. A., Phillips, A. J., Kannangara, S. D., & Promputtha, I. (2020). Fungi vs. fungi in biocontrol: An overview of fungal antagonists applied against fungal plant pathogens. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 10, 604923. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.604923>

CONSIDERACIONES FINALES

La investigación científica constituye un proceso continuo de generación, validación y aplicación del conocimiento. En este contexto, las contribuciones reunidas en esta memoria representan una etapa significativa en la formación de las y los estudiantes del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología, al reflejar el desarrollo progresivo de sus proyectos de investigación, la consolidación de capacidades científicas y el compromiso con la búsqueda de soluciones a problemas fitosanitarios de relevancia para la agricultura con un enfoque humanístico e incluyente.

El intercambio académico promovido durante el evento **Avances de Investigación LGAC Fitosanidad 2026** fortalece la cultura de transparencia, análisis crítico, discusión científica y trabajo colaborativo entre estudiantes, profesores e investigadores. La retroalimentación generada durante este proceso constituye un elemento fundamental para fortalecer el diseño experimental, la interpretación de resultados y la comunicación del conocimiento científico, contribuyendo a elevar la calidad de las investigaciones desarrolladas en el programa.

Más allá de documentar avances de investigación, esta memoria refleja el dinamismo académico de una comunidad comprometida con la generación de conocimiento y la formación de especialistas capaces de responder a los desafíos de la sanidad vegetal. Cada contribución representa un paso trascendental en la construcción de nuevo conocimiento y evidencia el valor de la investigación colaborativa y transdisciplinaria como motor de innovación científica y tecnológica.

Asimismo, esta obra constituye un testimonio del esfuerzo conjunto de estudiantes, profesores investigadores, Consejos Particulares y personal de apoyo que, mediante la colaboración y el intercambio de ideas, fortalecen la vida académica del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología. En este sentido, la memoria trasciende su función de compilar resúmenes de investigación para convertirse en un registro del compromiso institucional con la excelencia académica y la formación de nuevas generaciones de investigadores que la sociedad y el sector productivo demanda.

No hay duda que las investigaciones aquí presentadas continuarán su desarrollo hasta consolidarse en tesis de posgrado, publicaciones científicas, desarrollos tecnológicos y estrategias de manejo que beneficien al sector agroalimentario. Al mismo tiempo, esta memoria aspira a constituirse en un referente del trabajo académico realizado por la comunidad del Programa de Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología durante 2026 e inspire nuevas preguntas de investigación, colaboraciones transdisciplinarias y proyectos orientados a transformar el conocimiento científico en soluciones innovadoras para la protección de la sanidad vegetal, la producción sostenible de alimentos y el bienestar de la sociedad.

*La ciencia avanza cuando el conocimiento se comparte,
se discute y se pone al servicio de la sociedad.*