



Ciencia y Tecnología

Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación



Agricultura

Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural



COLEGIO DE POSTGRADUADOS
CAMPUS MONTECILLO
POSGRADO EN FITOSANIDAD
FITOPATOLOGÍA

Avances de Investigación LGAC Fitosanidad 2025

MEMORIA



Foto: José Martínez Ortega



Foto: Martín Palomares Pérez



Foto: Estudiantes de Fitosanidad 2024



Foto: Diana Laura Vázquez



Foto: Olivia Nabor Romero

DIRECTORIO COMITÉ ORGANIZADOR POSGRADO EN FITOSANIDAD-FITOPATOLOGÍA

Personal académico e investigadores

Ana María Hernández Anguiano

María de Jesús Yáñez Morales

Candelario Ortega Acosta

Carlos Castillo Cabrera

Estudiantes de Posgrado

Alejandro Hernández Ramos

Carlos Muñoz Zavala

Eligio Sosa Pérez

Jessica Berenice Valencia Luna

Juan Agustin Gonzalez Cruces

COMPILADORES

Ana María Hernández Anguiano

Alejandro Hernández Ramos

Carlos Muñoz Zavala

Candelario Ortega Acosta

ISBN: *En trámite*

Los autores son responsables del contenido de su resumen; y los [compiladores](#), del formato del resumen, la organización de los resúmenes, y de la difusión de la memoria.

Sugerencia para citar este documento.

Hernández-Anguiano AM, Hernández-Ramos A, Muñoz-Zavala C, Ortega-Acosta C. (Comps.)
2025. Avances de Investigación LGAC. Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, Colegio de
Postgraduados. 3 y 4 de julio de 2025. Montecillo, Texcoco, Edo. México. 132 pp.

DISEÑO DE PORTADA: Alfonso Nares Valle

Montecillo, Texcoco, México, 3 y 4 de Julio de 2025

PRESENTACIÓN

Han transcurrido 35 años desde que se organizó por vez primera el evento **Avances de Investigación** en 1990 en el Instituto de Fitosanidad (actual Posgrado en Fitosanidad) del Campus Montecillo, del Colegio de Postgraduados (CP). Sin duda, la organización de este tradicional evento ha sido gracias al entusiasmo y cooperación de nuestra comunidad académica, administrativa y de apoyo del Posgrado que apuestan por su continuidad al valorar que representa una oportunidad, no solo para que las y los estudiantes muestren los avances en sus proyectos, fortalezcan capacidades, y se expongan a la crítica constructiva, sino también para que la comunidad se reúna en una verdadera celebración académica.

Un hecho importante a destacar este año es la participación de la Asociación de Estudiantes 2025, y de un miembro de nuestra comunidad en categoría de posdoctorado Cátedra COMECYT; participación promovida y apoyada por las Coordinaciones de los Programas en Fitopatología, y de Entomología y Acarología, presididas por Gustavo Mora Aguilera y J. Refugio Lomelí Flores, respectivamente. Así mismo, lo es la participación de un grupo entusiasta de estudiantes del Programa de Fitopatología quienes presentan los resultados de un ejercicio de Autorreflexión de su desempeño académico, a partir de su desarrollo en el posgrado y de experiencias en ediciones previas de Avances de Investigación, para detectar oportunidades de mejora, y fortalecer capacidades y habilidades en el posgrado.

En este evento se presentan 46 PONENCIAS que corresponden a avances de proyectos de investigación de las y los estudiantes de Maestría y Doctorado en Ciencias del Posgrado en Fitosanidad, y cuatro conferencias: dos magistrales ofrecidas por invitados externos, una en el marco de experiencias de investigación de Cátedra COMECYT-CP, y la de una estudiante del posgrado quien presenta resultados de la autorreflexión.

Los Avances de Investigación de estudiantes corresponden a proyectos adscritos a cualquiera de las dos Líneas de Generación y/o Aplicación del Conocimiento (LGAC) del Posgrado en Fitosanidad: ***Diagnóstico, ecología y manejo integrado de plagas o Biotecnología, Inocuidad y Bioseguridad***, registradas ante la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI).

En este evento, el Programa en Fitopatología participa con 23 ponencias organizadas en las secciones de: *Control biológico* (ocho ponencias), *Hortalizas* (tres ponencias), *Frutillas* (cuatro ponencias), *Frutales* (tres ponencias), *Cultivos básicos* (dos ponencias), *Cultivos industriales* (dos ponencias), y *Taxonomía* (una ponencia). El conjunto de los trabajos del Programa en Fitopatología refleja una vertiente de investigación sólida, pertinente y actual en fitopatología, centrada no solo en el diagnóstico de hongos, principal grupo de fitopatógenos, como *Aspergillus*, *Colletotrichum*, *Fusarium*, *Phytophthora* y *Rhizoctonia*, sino también en la búsqueda de soluciones sostenibles (i.e., variedades resistentes) frente a patógenos que afectan a cultivos

estratégicos en México como chile, frijol y jitomate. Entre los trabajos destaca una preocupación por la reducción del uso de agroquímicos, la promoción del control biológico (i.e, en maíz, trigo, frutillas y agave), y el uso de herramientas moleculares, como secuenciación masiva, PCR, marcadores SSR, ITS y de genes constitutivos, para mejorar la eficacia y eficiencia del diagnóstico, comprensión mecanística del parasitismo, y la selección de materiales resistentes.

Nos congratula la alta participación de estudiantes mujeres (56 %) respecto a los hombres (44 %) como ponentes, situación que refleja el modelo de inclusión de nuestro Programa, y del CP en general, en concordancia con las políticas públicas SECIHTI de igualdad de oportunidades para beneficio de la ciencia mexicana.

La edición 2025 de **Avances de Investigación** refrenda el compromiso de nuestros Programas de Posgrado por la formación de excelencia de recursos humanos que el agro demanda.

Ana María Hernández Anguiano
Coordinadora de Avances de Investigación por Fitopatología
Gustavo Mora Aguilera
Coordinador del Programa en Fitopatología

CONTENIDO

CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA GENÉTICA DEL HABA (<i>Vicia faba</i> L.) A LA MANCHA CHOCOLATE	7
GENÉTICA DE LA RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DE TRIGO (<i>Puccinia triticina</i>) EN CRUZAS INTERESPECÍFICAS CON LA VARIEDAD CIRNO C2008.....	12
DIVERSIDAD GENÉTICA DE <i>Aspergillus</i> EN GRANO DE MAÍZ DE CAMPECHE Y VERACRUZ, MÉXICO, Y SELECCIÓN DE CEPAS ATOXIGÉNICAS CON POTENCIAL DE BIOCONTROL.....	17
ANÁLISIS ESPACIO-TEMPORAL Y MANEJO INTEGRADO DEL SÍNDROME DE DECLINAMIENTO DEL ESPÁRRAGO (<i>Asparagus officinalis</i>) EN ATENCO E IRAPUATO.....	22
ALTERNATIVAS DE MANEJO BIOACTIVO PARA <i>Sclerotinia minor</i> Jagger EN LECHUGA (<i>Lactuca sativa</i>)	27
DETECCIÓN DE <i>Closterovirus tristezae</i> EN LIMÓN PERSA MEDIANTE TÉCNICAS DE APRENDIZAJE MÁQUINA E IMÁGENES MULTIESPECTRALES	32
DETERMINACIÓN DE LA TRANSMISIÓN DE <i>Tobamovirus fructirugosum</i> A TRAVÉS DE <i>Rhizophagus intraradices</i> EN <i>Solanum lycopersicum</i> L.....	36
TRANSMISIÓN DEL <i>Pospiviroid machoplantae</i> POR <i>Myzus persicae</i> (HEMIPTERA: APHIDIDAE) EN JITOMATE (<i>Solanum lycopersicum</i>).....	40
DIVERSIDAD GENÉTICA DE <i>Botrytis</i> spp. EN MÉXICO, SENSIBILIDAD A FUNGICIDAS Y RESPUESTA METABÓLICA EN BAYAS DE ARÁNDANO	45
EPIDEMIOLOGÍA VIRÓMICA Y BACTERIÓMICA EN AJO (<i>Allium sativum</i>) CRIOLLO-PUEBLA	50
DESARROLLO DE FRUTOS EN ÁRBOLES DE AGUACATE INFECTADOS CON <i>Avsunviroid albamaculaperseae</i> TRATADOS CON BIOESTIMULANTES	55
ETIOLOGÍA DE ENFERMEDADES E INSECTOS ASOCIADOS AL CULTIVO DE PITAHAYA (<i>Hylocereus</i> spp. (Caryophyllales: Cactaceae)) EN EL ESTADO DE PUEBLA, MÉXICO	60
ANÁLISIS FILOGENÉTICO, PATOGENICIDAD Y SENSIBILIDAD A FUNGICIDAS DE <i>Fusarium</i> sp., Y COINFECCIÓN CON <i>Neopestalotiopsis</i> sp. y <i>Macrophomina</i> sp. EN FRESA (<i>Fragaria</i> × <i>ananassa</i> , ROSALES: ROSACEAE).....	65
DIVERSIDAD MORFOLÓGICA Y GÉNICA DE <i>Trichoderma</i> spp. Y <i>Fusarium</i> spp. ASOCIADOS A LA MARCHITEZ DE ZARZAMORA (<i>Rubus ulmifolius</i>) EN MICHOACÁN	70
HONGOS ASOCIADOS A LA PUDRICIÓN DE RAÍZ Y CORONA DE FRESA EN MICHOACÁN, MÉXICO	75
USO DE DRONES EN LA DETECCIÓN TEMPRANA DE MARCHITEZ DE LA FRESA CULTIVADA (<i>Fragaria</i> × <i>ananassa</i> , ROSALES: ROSACEAE)	80

EFFECTO DE LA APLICACIÓN DE <i>Trichoderma harzianum</i> Y NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE COBRE EN EL CONTROL DE <i>Fusarium graminearum</i> , CAUSANTE DE LA FUSARIOSIS EN PLANTAS DE TRIGO (<i>Triticum aestivum</i>)	85
DISTRIBUCIÓN POBLACIONAL DE CEPAS TOXIGÉNICAS Y ATOXIGÉNICAS DE <i>Aspergillus flavus</i> NATIVAS DE SUELOS MAICEROS PARA MITIGAR LAS AFLATOXINAS EN MAÍZ, EN MÉXICO	90
ENCAPSULACIÓN ORGÁNICA DE UNA MATRIZ MULTIFUNCIONAL DE <i>Trichoderma</i> spp. PARA RESTAURAR LA SUPRESIVIDAD DE SUELOS AGAVEROS DE JALISCO	95
ACTIVIDAD NEMATICIDA DE <i>Ipomoea purpurea</i> , <i>Lysimachia arvensis</i> Y <i>Conium maculatum</i> CONTRA <i>Rotylenchulus reniformis</i> , <i>Meloidogyne incognita</i> Y <i>Nacobbus aberrans</i> EN JITOMATE BAJO INVERNADERO	100
EXTRACTOS METANÓLICOS DE <i>Ricinus communis</i> Y <i>Melia azedarach</i> COMO MÉTODO DE CONTROL DE NEMATODOS EN EL CULTIVO DE <i>Saintpaulia ionantha</i>	105
AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS TERMÓFILAS CON POTENCIAL ANTAGÓNICO A <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> Raza 1	110
DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS CULTIVABLES EN PLANTAS CULTIVADAS Y SILVESTRES DE VAINILLA (<i>Vanilla</i> spp), EN RELACIÓN A LA MARCHITEZ CAUSADA POR <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>vanillae</i>	115
HONGOS ASOCIADOS EN COMPOSTA DE PALMERA <i>Phoenix canariensis</i> (ARECALES, ARECACEAE).....	120
AUTORREFLEXIÓN DEL DESEMPEÑO ACADÉMICO: ESTUDIANTES PERIODO PRIMAVERA 2022 – 2024	125
RESUMEN TEMÁTICO GENERAL Y COMENTARIO FINAL	129

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

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

¹Posgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ²Postgrado en Producción de Semillas, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ³Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México.

*Autor para correspondencia: martinez.saira@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La producción mundial de haba, al igual que otros cultivos de interés alimentario, es limitada por factores bióticos principalmente por enfermedades foliares causadas por hongos, entre los que destacan *Botrytis* spp., *Ascochyta fabae* y *Uromyces viciae-fabae* (Ijaz *et al.*, 2020). A nivel mundial la mancha chocolate (MC) está categorizada como la enfermedad más limitante en el cultivo. A la fecha se han reportado diferentes especies del género *Botrytis* como los agentes causales de esta enfermedad; *B. fabae*, *B. cinerea*, *B. fabiopsis*, *B. eucalypti* y *B. pseudocinerea* (Bankina *et al.*, 2021; Ran *et al.*, 2024). Sin embargo, *B. fabae* es considerada como la especie más agresiva y la responsable de las pérdidas en el rendimiento del cultivo. El manejo de la enfermedad se lleva a cabo por medio de la aplicación de fungicidas, prácticas culturales y siembra de materiales resistentes (El-Sayed *et al.*, 2011). No obstante, el uso de fungicidas representa un costo extra para los agricultores y para el ambiente, mientras que el uso de cultivares resistentes representa una opción eficiente para el control de la enfermedad, sin incrementar los costos de producción (Bouhassan *et al.*, 2004). El estudio de genotipos de haba resistentes a *B. fabae* se ha centrado en países como España, Australia, Egipto, Ecuador, Etiopía y otros, resultando diferentes niveles de resistencia a los aislados evaluados. Sin embargo, en México no se ha precisado la etiología de la enfermedad ni se ha realizado un estudio sobre la diversidad patogénica de los aislados de *Botrytis* asociados a la MC, lo cual es crucial para la evaluación del nivel de resistencia que existe en cultivares de los Valles Altos de México, zona importante en la producción y el consumo de haba. Por lo anterior, esta investigación tiene el objetivo de estudiar el comportamiento de diferentes genotipos de haba al agente causal de la MC. Sin embargo, para lograr los objetivos

de la investigación esta fase del trabajo se enfocó en identificar y caracterizar morfológica y genéticamente a las especies causales de la MC en México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo y aislamiento del patógeno. Se recolectaron plantas con síntomas de la MC en zonas productoras del Estado de Puebla, Tlaxcala y México, en los dos ciclos de cultivo verano e invierno del 2023 y 2024. Las muestras de hojas, flores y vainas se cortaron en pequeños trozos de 5-10 mm, se desinfectaron con hipoclorito de sodio al 1.5% durante 1 min, se enjuagaron tres veces con agua destilada estéril y se envolvieron en toallas de papel estériles. Posteriormente, se colocaron en cajas de plástico de 90 x 15 mm (SYM Laboratorios, México) con medio Papa Dextrosa Agar (PDA, Millipore®). Las cajas se incubaron a temperatura ambiente (22-25 °C) durante 3-5 días, hasta la observación de masas típicas de micelio de *Botrytis*. Para cada aislado se obtuvieron cultivos monoconidiales. **Caracterización morfológica.** La tasa de crecimiento radial, el número de esclerocios y la concentración de conidios por mL de los aislados, se determinaron en cuatro medios de cultivo: PDA, PDA adicionado con nitrato de sodio (NS) 2%, jugo de 8 verduras agar (V8), y V8 + NS 2%. Se colocó una sección de micelio (5 mm de diámetro) en el centro de una caja de plástico de 60 x 15 mm, con cuatro repeticiones para cada medio de cultivo. Todos los medios de cultivo inoculados se incubaron en dos diferentes condiciones; a) luz cercana a la ultravioleta (12 h luz/ 12 h oscuridad y b) 24 h oscuridad, para ambas condiciones la temperatura fue de 20 °C. Las evaluaciones se realizaron hasta que las colonias cubrieron la superficie de las cajas. A partir de la aparición de los conidióforos y conidios en las colonias sembradas en PDA, se prepararon montajes semipermanentes para cada uno de los aislados. Las estructuras se observaron y capturaron en un microscopio óptico (Olympus BX51M) con grabación de imágenes (software DP de Olympus). Las capturas de los conidios se realizaron a 40x, mientras que para los conidióforos fueron hechas en el estereoscopio. Las medidas de los conidios y conidióforos se hicieron a través del programa ImageJ.

Extracción de ADN y secuenciación. Once aislados se sembraron en PDA por ocho días, el micelio se recogió y se colocó dentro de un tubo de plástico de 2 mL. Cada muestra se procesó mediante el protocolo de bromuro de cetil trimetilamonio al 2% (Doyle y Doyle, 1990). Posteriormente cada muestra se cuantificó y diluyó para su posterior amplificación. Se amplificaron cuatro regiones; la región del espacio transcrito interno (ITS), con el par de primers ITS5 e ITS4 (White *et al.*, 1990) y los genes *hsp60*, *rpb2* y *g3pdh*. Una vez obtenidos los

amplicones, se enviaron a secuenciar a Macrogen, Estados Unidos. Para el análisis filogenético, se crearon las secuencias consenso para las cuatro regiones de los 11 aislados de *Botrytis* mediante el programa BioEdit version 5.0.9; tomando 40 secuencias de nucleótidos que son usadas para la diferenciación de especies del género. A través de Mega versión 7.0, se realizaron los alineamientos y las secuencias se concatenaron en Mesquite versión 3.81. Los procedimientos de máxima verosimilitud (ML) e inferencia bayesiana (BI) se implementaron utilizando el software raxmlGUI y MrBayes versión 3.2.7a, respectivamente. **Pruebas de patogenicidad.** Los aislados utilizados para las pruebas de patogenicidad fueron CP 21.1, CP 21.2 CP 21.3, CP 21.4, CP 21.5, CP 21.6, CP 21. 10, CP 21.11, CP 21.14. El inóculo se incrementó en cajas Petri con medio de cultivo V8. Las cajas inoculadas con 11 aislados de *Botrytis* se incubaron a 20 ± 2 °C con exposición a luz UV-A durante 15 días. Plantas de haba de cuatro semanas de edad del genotipo ‘16 ICAMEX’ fueron inoculadas, por aspersión, con una concentración de 2×10^5 conidios mL⁻¹ en agua destilada con 0,05% v/v de Tween 20 (Sigma-Aldrich, Estados Unidos). Para cada aislado se utilizaron cuatro plantas, las plantas control fueron asperjadas con agua destilada estéril, todas las plantas fueron cubiertas con bolsas de plástico transparente, para alcanzar humedad relativa >90% y se incubaron en una cámara de ambiente controlado a 20 ± 2 °C con fotoperiodo de 12 h luz/ 12h oscuridad. La variable evaluada fue la severidad de la hoja, mediante la escala utilizada por Hanounik y Robertson (1988), donde 1 = sin síntomas o síntomas ligeros cubriendo 1% de la superficie foliar; 2 = algunas manchas pequeñas cubriendo 1-2% de la superficie foliar; 3 = lesiones típicas cubriendo 2-5%, y baja esporulación; 4 = manchas coalescentes con esporulación intermedia, 5-10% de la superficie foliar con daño; y 5 = lesiones extensas con más de 10% de cobertura, defoliación severa, esporulación abundante y muerte de la planta.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Durante las colectas de plantas sintomáticas a ‘la mancha chocolate’ del haba en zonas productoras del estado de México, Puebla y Tlaxcala se logró obtener 18 aislados de *Botrytis* spp., en el ciclo invierno 2023 y verano 2024. Los 18 aislados fueron agrupados en dos morfotipos, según su desarrollo en medio PDA: 1) colonias con abundante producción de esclerocios planos, adheridos al medio de cultivo y 2) colonias con abundante esporulación y micelio aéreo, sin

producción de esclerocios. Para lograr el desarrollo de conidios para los ensayos de patogenicidad, se probaron diferentes condiciones de cultivo, resultando como condiciones óptimas para la esporulación del morfotipo 1; la exposición a luz UV-A o luz UV-C, cultivo en V8 y temperatura de incubación de 20 ± 2 °C. Estas características de crecimiento nos dan indicios de que podría tratarse de *Botrytis fabae*, ya que desde su primera descripción morfológica se hace hincapié en su baja producción de conidios y alta producción de esclerocios, además Lee *et al.* (2020) mencionan la misma dificultad en sus ensayos de patología con esta especie, donde finalmente inducen la esporulación al adicionar hojas de haba al medio de cultivo. A través de la microscopía óptica se determinó que los conidios de los aislados del morfotipo 2 son de menor tamaño (10×9 μm), mientras que los del morfotipo 1 son más grandes y de formas variables (16×11 μm). El análisis multilocus (*rpb2*, *g3pdh*, *hsp60* e ITS) consistió de 51 secuencias, donde se utilizó a *Sclerotinia sclerotiorum* como especie fuera de grupo. Los aislados del morfotipo 1 (CP 21.1, CP 21.1, CP 21.3, CP 21.4, CP 21.5, CP 21.11, CP 21.13) se agruparon con la especie *B. fabae*, mientras que los del morfotipo 2 (CP 21.6, CP 21.8, CP 21.9, CP 21.14) se agrupan entre sí, cerca del grupo de *B. cinerea*, con esta información podemos asegurar que se trata de dos especies asociadas a la MC en las zonas productoras muestreadas. En los ensayos de patogenicidad se obtuvieron respuestas diferenciadas entre los dos morfotipos, mientras que los del morfotipo 1, indujeron lesiones necróticas características de la MC en las escalas 4 y 5, los del morfotipo 2 indujeron pequeñas lesiones, clasificándose en la escala 1. Esto coincide con reportes en otros países productores como China y Etiopía, donde *B. fabae* destaca como la especie más agresiva (Bankina *et al.*, 2021). Por lo que las evaluaciones de resistencia genética se realizan con esta especie (Villegas-Fernández *et al.*, 2011). La información obtenida sobre las especies asociadas a la MC, su variabilidad patogénica y las condiciones óptimas de cultivo, permitirá llevar a cabo la evaluación de los niveles de resistencia genética presente en una colección de 56 materiales de haba (proporcionados por el ICAMEX), que previamente han sido genotipados por Pérez-Carcamo *et al.* (2024).

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por la beca otorgada al estudiante. Al Colegio de Postgraduados por permitir la realización de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Bankina B, Stoddard F, Kaņeps J, Brauna-Morževska E, Bimšteine G, Neusa-Luca I, Roga A, Fridmanis D. 2021. *Botrytis* four species are associated with chocolate spot disease of faba bean in Latvia. Zemdirbyste-Agriculture 108: 297-302.
- Bouhassan A, Sadiki M, Tivoli B. 2004. Evaluation of a collection of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes originating from the Maghreb for resistance to chocolate spot (*Botrytis fabae*) by assessment in the field and laboratory. Euphytica 135(1): 55–62.
- Doyle JJ, JL Doyle. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12:13–15.
- El-Sayed- Sahar A, El-Shennawy RZ, Ismail AI. 2011. Fungicidal management of chocolate spot of faba bean and assessment of yield losses due to the disease. Annals of Agricultural Science 56: 27–35.
- Hanounik SB, Robertson LD. 1988. New sources of resistance in *Vicia faba* to chocolate spot caused by *Botrytis fabae*. Plant Disease 72: 696–698.
- Ijaz U, Adhikari K, Kimber RBE, Trethowan R, Bariana H, Bansal U. 2020. Pathogenic specialisation in *Uromyces viciae-fabae* in Australia and rust resistance in faba bean. Plant Disease.
- Lee RC, Farfan-Caceres LM, Debler JW, Syme RA. 2020. Characterization of growth morphology and pathology, and draft genome sequencing of *Botrytis fabae*, the causal organism of chocolate spot of faba bean (*Vicia faba* L.). Frontiers in microbiology 11, 217.
- Ran Y, Yu M, Hou L, Liu Y. 2024. First report of chocolate spot caused by *Botrytis eucalypti* on faba bean in China. Plant disease.
- Villegas-Fernández AM, Sillero JC, Emeran AA, Flores F, Rubiales D. 2011. Multiple-disease resistance in *Vicia faba*: Multi-environment field testing for identification of combined resistance to rust and chocolate spot. Field Crops Research 124(1): 59-65.
- White TJ. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR Protocols, a Guide to Methods and Applications, 315-322.

GENÉTICA DE LA RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA DE TRIGO (*Puccinia triticina*) EN CRUZAS INTERESPECIFICAS CON LA VARIEDAD CIRNO C2008

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

¹Postgrado de Fitosanidad, Colegio de Postgraduados. Carretera México-Texcoco, Km. 36.5, Montecillo, Estado de México. CP 56230. Texcoco, Estado de México.²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México, Carretera Los Reyes-Texcoco Km 13.5 Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, CP 56250.

*Autor para correspondencia: ramirez.erika@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La roya de la hoja del trigo, causada por *Puccinia triticina*, es una de las enfermedades más comunes y destructivas del trigo a nivel mundial, con pérdidas de hasta un 50 % en variedades susceptibles (Yadav *et al.*, 2025). En México, representa una amenaza crítica, particularmente en el Noroeste del país, donde el trigo duro ha reemplazado al panificable debido a su mayor valor comercial y tolerancia al carbón parcial (Huerta *et al.*, 2024). Variedades como Altar C84 y Cirno C2008 fueron ampliamente cultivadas, pero han mostrado vulnerabilidad frente a nuevas razas del patógeno. En 2001, la raza BBG/BN superó el gen *Lr72*, causando graves pérdidas. Recientemente, la raza BBG/BPCJ venció el gen *LrCam*, presente en Cirno C2008, lo que evidencia la rápida adaptación del patógeno (Huerta *et al.*, 2024). Esta evolución constante del hongo enmarca la urgencia de incrementar la diversidad genética en el mejoramiento del trigo (Huerta *et al.*, 2024). La dependencia de pocos genes de resistencia favorece la adaptación del patógeno y reduce la durabilidad de la resistencia (Singh *et al.*, 2004). En este contexto, la combinación de múltiples genes mediante la piramidación y la evaluación constante de la resistencia en diferentes fases de crecimiento se vuelve crucial. Así, la presente investigación busca identificar nuevas fuentes de resistencia a la roya en parientes silvestres del trigo (*T. diccoides* y *T. boeoticum*). Por tanto, el objetivo de la presente investigación fue: Evaluar la resistencia a roya de la hoja en fase de plántula en cinco cruza derivadas de *T. boeoticum* y *T. diccoides* con el fin de identificar líneas con potencial como fuentes genéticas para el mejoramiento del trigo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron plántulas de cruzas entre Cirno C2008 y cinco líneas resistentes silvestres (*T. boeoticum* y *T. dicoccoides*), usando Cirno C2008 como hembra. Las cruzas se realizaron en el ciclo OI 2022/2023. Las cruzas utilizadas en el estudio fueron: 1) CIRNO C2008*3/*T.Boeoticum* (65), 2) CIRNO C2008*3/ *T. Boeoticum* (3), 3) CIRNO C2008*3/ *T. dicoccoides* (L52), 4) CIRNO C2008*3/ *T. dicoccoides* (L53) y 5) CIRNO C2008*3/ *T. dicoccoides* (L54).

Obtención de Familias F₃: Se obtuvieron plantas F₁ de las cruzas, que se sembraron individualmente en PV-2023. De cada F₁ se sembraron 50 plantas para formar poblaciones F₂ de hasta 160 plantas en OI 2023-2024. Al cosechar, se ajustaron entre 100 y 160 plantas para generar las familias F₃ por cruza.

Evaluación de plántula de invernadero de las Familia F₃. A finales de 2024 y principios de 2025, se sembraron 120 a 160 familias F₃ en charolas con Peat moss en los invernaderos del LANARET-INIFAP. Se plantaron 25 semillas por familia junto con sus progenitores. Las plantas fueron inoculadas con la raza BBG/BPCJ, cuya fórmula es: Avirulencia (genes de resistencia efectivos): *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr9*, *Lr13*, *Lr14a*, *Lr15*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr18*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr30*, *Lr32*, *Lr35*, *Lr36*, *Lr61*. Virulencia (genes de resistencia vencidos): *Lr10*, *Lr11*, *Lr12*, *Lr14b*, *Lr20*, *Lr23*, *Lr27*, *Lr31*, *Lr33*, *Lr72*, *LrCam* (Huerta *et al.*, 2024). La inoculación se realizó asperjando urediniosporas en aceite mineral, seguida de secado y una incubación en cámara de rocío a 20-24 °C con 100% humedad durante 16 horas. Luego, las plántulas se trasladaron al invernadero, manteniendo la temperatura entre 20-24 °C y se fertilizaron con fórmula triple 17 (N-P-K)

Toma de datos: La infección se evaluó entre 10 y 12 días post-inoculación usando la escala 0-4 de Roelfs *et al.* (1992), clasificando 3 y 4 como susceptibles y 0 a 2 como resistentes. Se registraron familias resistentes, susceptibles y segregantes por cruza.

Análisis estadístico: Las frecuencias observadas se compararon con las esperadas mediante la prueba de chi-cuadrada (χ^2). La significancia y el valor crítico se determinaron para las proporciones en la generación F₃ de cada cruza. El valor tabulado de χ^2 se calculó con n-1 grados de libertad, donde n es el número de categorías (Infante-Gil y Zárate de Lara, 1990).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se evaluaron cinco cruzas entre la variedad susceptible Cirno C2008 y líneas resistentes de especies silvestres, obteniendo entre 119 y 155 familias F₃ por cruza. La resistencia a roya de la hoja se clasificó en tres categorías: resistentes, segregantes y susceptibles. Se compararon las proporciones observadas con la relación mendeliana 1:2:1. Una cruza específica (CIRNO C2008*3/*T.Boeoticum* 65) mostró desviación significativa de esta proporción y se ajustó mejor a una relación 13:3.

Cuadro 1. Número de familias F₃ de una cruza evaluada frente a la raza BBG/BPCJ de la roya de la hoja donde se ajustó una proporción fenotípica 13:3.

Cruza	No. de familias observadas				X ²	Prob
	Total, de familia	R	S	proporción fenotípica		
CIRNO C 2008*3/ <i>T.Boeoticum</i> (65)	155	120	35	13:3	1.492	3.841

Donde: R=Resistente, S=susceptible y Prob= Probabilidad

Cuadro 2. Número de familias F₃ de las cuatro cruzas evaluadas frente a la raza BBG/BPCJ de la roya de la hoja donde se ajustó la proporción fenotípica 1:2:1.

Cruza	No. de familias observadas				proporción fenotípica	X ²	Prob
	Total, de familia	R	S	Seg			
CIRNO C 2008*3/ <i>T. Boeoticum</i> (3)	128	37	33	58	1:2:1	1.375	5.991
CIRNO C 2008*3/ <i>T. dicoccoides</i> (L52)	120	27	30	63	1:2:1	0.5	5.991
CIRNO C 2008*3/ <i>T. dicoccoides</i> (L53)	120	40	23	57	1:2:1	5.1167	5.991
CIRNO C 2008*3/ <i>T. dicoccoides</i> (L54)	120	27	35	57	1:2:1	1.2857	5.991

Dónde: R=Resistente, S=susceptible, Seg=Segregantes y Prob= Probabilidad

En la progenie de la cruza CIRNO C2008*3/*T.Boeoticum* (65), la segregación fenotípica de resistencia a roya de la hoja se ajustó a una proporción 13:3 (**Cuadro 1**), lo que indica la acción de un gen dominante y uno recesivo. Esto sugiere una interacción génica en la resistencia conferida por *T. boeoticum* (65). Delgado *et al.* (2016) reportaron un patrón similar en la línea Elinia 48 de trigo invernol. Sin embargo, este tipo de interacción no había sido documentado previamente en especies silvestres. En el caso de *T. boeoticum*, este hallazgo representa una novedad y sugiere la existencia de un mecanismo de resistencia distinto al de cultivares mejorados ya que en estos predominan modelos genéticos más simples, como dominancia completa o parcial.

En cuatro cruzas con *T. boeoticum* y *T. dicoccoides*, la resistencia a roya mostró una segregación 1:2:1 (**Cuadro 2**), indicando herencia mendeliana determinada por un solo gen dominante. Estudios previos, como el de Herrera-Foessel *et al.* (2007), también encontraron esta proporción en poblaciones F₂ y F_{2:3} de trigo duro. Estos resultados confirman un patrón de herencia monogénica dominante. Además, coinciden con la identificación de genes específicos de resistencia como *Lr3*. Esto respalda la consistencia del modelo genético en diferentes materiales. Estudios recientes destacan a *Triticum boeoticum* y *T. urartu* como fuentes valiosas de genes de resistencia. Hovhannisyan *et al.* (2011) evaluaron 39 accesiones diploides con genoma A para resistencia a oídio y roya de la hoja en trigo. Las accesiones más resistentes fueron *T. boeoticum*. Se identificaron genes como *Lr25*, *Lr28* y *Lr47*, que confieren resistencia efectiva. Esto resalta el valor del germoplasma silvestre para mejorar las variedades cultivadas.

Este estudio resalta la importancia de especies silvestres como *Triticum boeoticum* y *T. dicoccoides* para transmitir genes de resistencia a roya de la hoja. En cuatro de cinco cruzas, la segregación fenotípica siguió una proporción 1:2:1, indicando herencia monogénica dominante. En la craza CIRNO C2008*3/*T. boeoticum* (65), la proporción 13:3 sugiere interacción entre un gen dominante y uno recesivo. Estos resultados confirman el valor del germoplasma silvestre para mejorar la resistencia en trigo.

AGRADECIMIENTOS

A la SECIHTI por el apoyo económico, al INIFAP-CEVAMEX por facilitar la investigación y al Colegio de Postgraduados Campus Montecillo por la formación profesional.

LITERATURA CONSULTADA

- Delgado-Sánchez L. M., J. Huerta-Espino, M. C. López-Peralta, I. Benítez-Riquelme, y E. Hernández-Meneses. 2016. Genética de la resistencia a *Puccinia triticina* Eriks en trigos cristalinos invernales. *Rev. Fitotec. Mex.* 39(2): 133–139.
- Herrera-Foessel S., R. Singh, J. Huerta-Espino, M. William, G. D. Azzimonti, y J. Yuen. 2007. Identification and mapping of *Lr3* and a linked leaf rust resistance gene in durum wheat. *Crop Sci.* 47: 1451–1456. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.10.0663>

- Hovhannisyan N. A., D. M. Ehsan, H. A. Yesayan, H. Knüpfper, y A. Ahmed. 2011. Tracking of powdery mildew and leaf rust resistance genes in *Triticum boeoticum* and *T. urartu*, wild relatives of common wheat. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 47: 45–57. <https://doi.org/10.17221/127/2010-CJGPB>
- Huerta-Espino J., B. Pérez-López, L. A. Crespo-Herrera, H. E. Villaseñor-Mir, R. Hortelano-Santa Rosa, R. P. Singh, y K. Ammar. 2024. Evolución de *Puccinia triticina* Eriksson, causante de roya de la hoja del trigo cristalino en México. *Rev. Fitotec. Mex.* 47(1): 3–10. <https://doi.org/10.35196/rfm.2024.1.3>
- Infante-Gil S. y G. P. Zárate de Lara (1990) Métodos Estadísticos. Ed. Trillas, México. 643p
- Roelfs A. P., R. P. Singh, y E. E. Saari. 1992. *Las Royas del Trigo: Conceptos y Métodos para el Manejo de esas Enfermedades*. CIMMYT, México, D.F. 81 p.
- Singh R. P., J. Huerta-Espino, W. Pfeiffer, y P. Figueroa-López. 2004. Occurrence and impact of a new leaf rust race on durum wheat in northwestern Mexico from 2001 to 2003. *Plant Dis.* 88: 703–708.
- Yadav J. K., S. Sinha, H. Shukla, A. Singh, T. K. Sahu, S. K. Jha, J. Kumari, M. Verma, S. Kumar, R. Singh, G. P. Singh, y A. K. Singh. 2025. Genetic dissection of leaf rust resistance in a diversity panel of tetraploid wheat (*Triticum turgidum*). *BMC Plant Biol.* 25(1): 406. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06330-2>

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Aspergillus* EN GRANO DE MAÍZ DE CAMPECHE Y VERACRUZ, MÉXICO, Y SELECCIÓN DE CEPAS ATOXIGÉNICAS CON POTENCIAL DE BIOCONTROL

Jessica Berenice **Valencia-Luna**¹, Ana María **Hernández-Anguiano**^{1*}, Reyna Isabel **Rojas-Martínez**¹, María del Pilar **Rodríguez-Guzmán**¹, Natalia **Palacios-Rojas**² y Hernán **García-Ruiz**³

¹Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5. Montecillo, 56264, Texcoco, Estado de México.

² Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Texcoco, Estado de México, México.

³ Departamento de Fitopatología, Universidad de Nebraska-Lincoln, 4240 Fair Street, Lincoln, NE 68583

*Autora para correspondencia: ahernandez@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es un cereal fundamental en la dieta mexicana y como alimento para animales de granja. Sin embargo, la calidad del grano de este cultivo se ve comprometida por el desarrollo y crecimiento de especies de hongos de *Aspergillus*, *Fusarium* y *Penicillium*, productores de micotoxinas que afectan la salud humana y animal (Munkvold *et al.*, 2018). Entre estas, destaca la aflatoxina B1 (AFB1) y la fumonisina B1 (FB1) producidas por especies de *Aspergillus* sección *Flavi* y *Fusarium verticillioides*, por su potencial cancerígeno y hepatocarcinógeno (IARC, 2002; Munkvold *et al.*, 2018; Torres *et al.*, 2015).

En el estado de Veracruz se han reportado altos niveles de aflatoxinas (AF) en consumidores, y su presencia en productos derivados del maíz se ha relacionado con importantes enfermedades de salud pública (Ponce-García *et al.*, 2021). La regulación en el país establece límites máximos de AF totales en cereales de 20 µg/kg para consumo humano, y de 100-300 µg/kg para consumo animal (NOM-188-SSA1-2002). Una de las tecnologías que ha dado resultados exitosos en su mitigación es el control biológico basado en el uso de cepas no aflatoxigénicas de *Aspergillus flavus*. Sin embargo, para mayor efectividad es importante que la cepa de *A. flavus* sea nativa de la zona donde se aplicará (Moral *et al.*, 2020).

El objetivo general de este estudio es determinar la diversidad genética de especies de *Aspergillus* sección *Flavi*, en grano de maíz criollo producido en Campeche y Veracruz, México, y seleccionar las cepas no aflatoxigénicas de *A. flavus* con mayor potencial de biocontrol en la región. En este evento se reportan avances de investigación relacionados con el objetivo específico

“Determinación del microbioma fúngico asociado al grano y su relación con la prevalencia de *A. flavus*”.

MATERIALES Y MÉTODO

Se analizaron 132 muestras de grano de maíz de los ciclos PV 2023 y 2024, procedentes de Campeche (Calakmul, Candelaria, Dzibalche, Hecelchakán y Hopelchen) y Veracruz (regiones norte, centro y sur), por la prueba de papel secante y congelación, en el Laboratorio de Micotoxinas, del CIMMYT. Estas muestras fueron colectadas por productores y técnicos participantes en la Estrategia de Acompañamiento Técnico (EAT) del Programa Producción para el Bienestar, y analizadas de acuerdo con Warham *et al.* (1997). Con excepción de 40 muestras de la región centro, de cada muestra se tomaron 50 granos para desinfección superficial en 1.5% de hipoclorito de sodio (Cloralex®) y 25% alcohol etílico (AZ®) en proporción 1:3. Los granos de las muestras de la región centro no se desinfestaron. Por muestra, los granos se colocaron en una caja de plástico con sanitas humedecidas distribuidos en cinco hileras y 10 columnas. La caja se selló y se mantuvo a 21 °C por 48 h, con ciclos de 12 h luz y 12 h oscuridad, después a -20 °C (congelador Torrey®, CS-20, México) por 24 h, y nuevamente a temperatura ambiente por 11 días con 12 h luz y 12 h oscuridad. Para la identificación de los hongos se registraron las características macroscópicas y microscópicas de las colonias y se compararon con las reportadas por Warham *et al* (1997) y Barnett y Hunter (1998). Los resultados se registraron en un formato y la prevalencia se calculó con el número de granos infectados/infestados con respecto al total (50 granos). Ver ejemplo.

$$\text{Prevalencia de } \textit{Aspergillus} (\%) = (\# \text{ de granos con } \textit{Aspergillus} / 50 \text{ granos}) \times 100$$

Las colonias identificadas con características de *Aspergillus* sección *Flavi* (Klich, 2002), se aislaron y purificaron en medio CZapek Dox agar (CZA) (Sigma Aldrich®), y los aislamientos debidamente identificados se conservaron por duplicado en tubos eppendorf (2 mL) con solución de glicerol al 30 % [30 mL de glicerol (p/v) (J.T.Baker®), 0.05 g agar (Bioxon™) y 0.05 g de Tween® 80, por 100 mL de agua estilada] (Mata y Salmones, 2021) para su almacenamiento a -80 °C (ultracongelador vertical, Revco Scientific™, Ultra-V12) y estudios posteriores.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En grano de Campeche se registraron ocho géneros de hongos con morfología compatible con *Acremonium*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Epicoccum*, *Fusarium*, *Penicillium* y *Papulaspora*. De estos, el género *Fusarium* registró el mayor porcentaje promedio de prevalencia (53%) seguido de *Aspergillus* sección *Flavi* (9%) (**Cuadro 1**).

Cuadro 1. Porcentaje promedio de prevalencia de hongos infectando el grano de maíz criollo e híbrido, ciclo primavera-verano 2023, producido en Campeche.

Municipio/ (# de muestras)	% de prevalencia					Otros géneros/ especies < 8%
	<i>Alternaria</i>	<i>Aspergillus</i> sección <i>Flavi</i>	<i>Cladosporium</i>	<i>Fusarium</i>	<i>Penicillium</i>	
Calakmul (2 [§])	2 (1 ^{§§})	22 (1)	0	49	9	0
Candelaria (10)	3 (8)	3 (3)	4 (4)	48 (10)	7 (7)	Acr Ep Pa
Dzibalche (4)	0	3 (3)	8 (1)	58 (4)	2 (3)	0
Hecelchakán (8)	4 (2)	12 (8)	10 (2)	47 (8)	12 (5)	An Ep
Hopelchén (6)	2 (2)	7 (2)	6 (2)	64 (6)	4 (6)	0
Promedio	2	9	6	53	7	

[§]Número de muestras de grano por municipio. ^{§§}Número de muestras con presencia del hongo por municipio. (0) = Género no detectado. Acr: *Acremonium*, An: *Aspergillus niger*, Ep: *Epicoccum* y Pa: *Papulaspora*.

En grano de Veracruz se registraron e identificaron 15 géneros de hongos con morfología de: *Acremonium*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Chaetomium*, *Curvularia*, *Diplodia*, *Epicoccum*, *Fusarium*, *Nigrospora*, *Penicillium*, *Papulaspora*, *Rhizopus*, *Torula* y *Trichoderma*. De estos, *Fusarium* fue el género que también registró el mayor porcentaje promedio de prevalencia (61%), seguido de *Penicillium* (39%) y *Acremonium* (10%).

Aunque las especies de *Aspergillus* sección *Flavi* se registraron en todas las regiones del estado, su prevalencia fue similar a la registrada en Campeche (8% en promedio) (**Cuadro 2**). En total se identificaron y conservaron 161 aislamientos, 75 procedentes de grano de Campeche y 86 de grano de Veracruz, con características morfológicas típicas de especies de *Aspergillus* sección *Flavi*; colonias verde-amarillo-verde olivo, cabezas conidiales radiadas con estípites, vesícula y conidios en cadena (Klich, 2002).

Cuadro 2. Porcentaje promedio de prevalencia de hongos infectando/infestando el grano de maíz criollo e híbrido, ciclos primavera-verano 2023 y 2024, producido en Veracruz.

Región	% de prevalencia					
	<i>Acremonium strictum</i>	<i>Alternaria</i>	<i>Aspergillus</i> sección <i>Flavi</i>	<i>Fusarium</i>	<i>Penicillium</i>	Otros géneros/especies < 12%
Norte ^{££}	0	4	3	75	12	An, Cl y Ep
Centro [£]	0	0	14	99	96	Dm, Tr
Sur ^{££}	30	8	7	8	8	Ac, Cl, Ch, Cu, Ep, Ni, Rh, To, Tr
Promedio	10	4	8	61	39	

[£]2023; ^{££}2024. (0) = Género no detectado. En R18 y R16: grano infectado; en R17: grano infestando. Ac: *Aspergillus clavatus*, An: *Aspergillus niger*, Cl: *Cladosporium*, Ch: *Chaetomium*, Cu: *Curvularia*, Dm: *Diplodia maydis* Ep: *Epicoccum*, Ni: *Nigrospora*, Rh: *Rhizopus*, To: *Torula* y Tr: *Trichoderma*.

En este estudio se detectaron a hongos de los géneros *Aspergillus*, *Fusarium* y *Penicillium* en grano de maíz criollo e híbrido, de los ciclos primavera-verano 2023 y 2024, producido en regiones de Campeche y Veracruz. Aunque la prevalencia promedio de *Aspergillus* sección *Flavi*, en ambos estados fue baja (8%) en relación con la de *Fusarium* (57%), la detección de ambos géneros es motivo de preocupación debido a que estos registran especies productoras de micotoxinas, como la AFB1 y la FB1 las cuales pueden afectar gravemente la salud de las personas y animales cuando consuman alimentos preparados con granos contaminados (Munkvold *et al.*, 2018).

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca 291888 otorgada a la primera autora, a las personas participantes en la EAT, y al personal técnico del Laboratorio de Calidad de maíz y micotoxinas del CIMMYT.

LITERATURA CITADA

- Barnett HL and Hunter BB. 1998. Illustrated genera of imperfect fungi. Cuarta edición. American Phytopathological Society Press. St. Paul, Minnesota.
- IARC. 2002. Monographs on the Evaluation of Carcinogenic Risks to Humans: some traditional herbal medicines, some mycotoxins, naphthalene and styrene. Summary of data reported and evaluation. Vol. 82. World Health Organization, Lyon, France.

- Klich MA. 2002. Identification of Common *Aspergillus* Species. United States Department of Agriculture. Louisiana, USA.
- Mata G y Salmones D. 2021. Técnicas de aislamiento, cultivo y conservación de cepas de hongos en el laboratorio. Instituto de Ecología. México.
- Moral J, Garcia LMT., Camiletti BX, Jaime R, Michailides TJ, Bandyopadhyay R y Ortega BA. 2020. Present status and perspective on the future use of aflatoxin biocontrol products. *Agronomy* 10:1-19.
- Munkvold GP, Arias S, Taschl I. y Gruber-Dorninger C. 2018. Mycotoxins in corn: Occurrence, impacts, and management. *Corn: Chemistry and Technology*, 3rd Edition. Elsevier Inc.
- Ortega BA, Jaime R and Cotty PJ. 2015. Aflatoxin-producing fungi in maize field soils from sea level to over 2000 masl: A three year study in Sonora, Mexico. *Fungal Biology*, 119(4), 191-200.
- Ortega BA and Cotty PJ. 2020. Influence of Wounding and Temperature on Resistance of Maize Landraces From Mexico to Aflatoxin Contamination. *Frontiers in Plant Science*, 11:1-11.
- Rangel MEJ, Valdivia FAG, Moreno RO, Hernández DS, Cruz VC, Luna LMC, Quezada TT, Ortiz MR y Máyek PN. 2020. Caracterización de *Aspergillus flavus* y cuantificación de aflatoxinas en pienso y leche cruda de vacas en Aguascalientes, México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 11(2): 435-454.
- Torres O., J. Matute, J. Gelineau-van Waes, J.R. Maddox, S.G. Gregory, A.E. Ashley-Koch, J.L. Showker, K.A.Voss and R.T. Riley. 2015. Human health implications from co-exposure to aflatoxins and fumonisins in maizebased foods in Latin America: Guatemala as a case study. *World Mycotoxin Journal*. 8 (2): 143-159.
- Warham EJ, Butler LD and Sutton RC. 1997. Ensayos para la semilla de maíz y de trigo. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). México.

ANÁLISIS ESPACIO-TEMPORAL Y MANEJO INTEGRADO DEL SÍNDROME DE DECLINAMIENTO DEL ESPÁRRAGO (*Asparagus officinalis*) EN ATENCO E IRAPUATO

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

¹Posgrado en Fitosanidad – Fitopatología. ²Estadística y ciencia de datos ³Hidrociencias, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Autor para correspondencia: rguzmanp@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El espárrago (*Asparagus officinalis* L.) es un cultivo de alto valor económico y creciente importancia en México debido a su adaptabilidad y potencial exportador (Moreno-Pinel *et al.*, 2021). Sin embargo, prácticas agrícolas intensivas han favorecido la aparición del Síndrome de Declinamiento del Espárrago (SDE), asociado a *Fusarium* spp., que causa marchitez, pérdida de vigor y reducción del rendimiento (Elmer, 2018; González-Cruces *et al.*, 2023). Factores como el exceso de humedad, suelos compactados y la baja actividad microbiana agravan su incidencia (Bonanomi *et al.*, 2018). Además, la escasa diversidad genética del cultivo puede aumentar su vulnerabilidad frente a este complejo edáfico. Ante la limitada eficacia del control químico (Bell *et al.*, 1982), esta investigación propone el uso de percepción remota, SIG e índices espectrales para detectar y modelar zonas de riesgo (Mahlein *et al.*, 2012; Calderón *et al.*, 2013; Maxwell *et al.*, 2018). Se compararán plataformas como SPOT, WorldView y drones (Aasen *et al.*, 2018; Jensen, 1996), en dos regiones contrastantes: Atenco e Irapuato, considerando variaciones edáficas, microbiológicas y climáticas. Esta aproximación busca mejorar la detección temprana y orientar estrategias de manejo integrado más eficientes y sostenibles (Rubio-Ríos *et al.*, 2019). Asimismo, se espera generar un modelo replicable que permita su aplicación en otras regiones productoras, contribuyendo a la toma de decisiones agronómicas con base en evidencia espacial y microbiológica, y fomentando prácticas agrícolas resilientes al estrés biótico.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio. El estudio se desarrolla en parcelas comerciales de espárrago ubicadas en Atenco (Estado de México) e Irapuato (Guanajuato), seleccionadas por sus contrastes fitopatológicos, lo que permite analizar el comportamiento del SDE en distintos contextos

edafoclimáticos (Rubio-Ríos *et al.*, 2019). Atenco tiene suelos aluviales y clima templado subhúmedo, mientras que Irapuato presenta suelos volcánicos de textura franca y clima cálido y seco.

Teledetección, análisis espectral y modelado de riesgo. Se emplearán imágenes multispectrales obtenidas por satélites (SPOT, WorldView) y drones equipados con sensores especializados para generar índices espectrales como NDVI, NDMI y BSI, útiles para evaluar el vigor, la humedad y la cobertura del suelo (Aasen *et al.*, 2018; Chin *et al.*, 2023; Mahlein *et al.*, 2012; Calderón *et al.*, 2013). Estos índices se ajustarán a las fases fenológicas del espárrago, evitando interpretaciones erróneas causadas por cambios naturales no patológicos. Se integrarán en un modelo de combinación lineal ponderada (WLC), donde cada variable tendrá un peso según su influencia sobre el SDE (Jensen, 1996). Además, se utilizarán algoritmos de clasificación supervisada y aprendizaje automático para delimitar con mayor precisión las zonas de riesgo. Se evaluará la sensibilidad y especificidad de sensores y bandas espectrales para identificar combinaciones rentables y efectivas. Finalmente, se realizará un análisis multitemporal para confirmar que las variaciones detectadas se deben a causas fitopatológicas.

Muestreo y diagnóstico fitopatológico. A partir de los mapas de riesgo generados, se definirán zonas de alta y baja incidencia esperada para la toma de muestras dirigidas. Se colectarán raíces, rizomas y suelos rizosféricos para el aislamiento e identificación de *Fusarium* spp., utilizando medios selectivos, caracterización morfológica al microscopio y validación molecular mediante PCR (Elmer, 2018).

Análisis geoespacial. Se integrará la información espectral, edafológica y microbiológica en plataformas SIG como QGIS y TerrSet para generar mapas de riesgo fitopatológico con resolución parcelaria (Jensen, 1996; Calderón *et al.*, 2013). Estos mapas permitirán delimitar zonas críticas para la implementación de prácticas agronómicas diferenciadas y focalizadas (Maxwell *et al.*, 2018).

Caracterización edafológica y microbiológica. Se analizarán suelos con distintos niveles de riesgo al SDE mediante pruebas físico-químicas y cuantificación de microorganismos antagonistas como *Trichoderma* spp. y *Bacillus* spp. (Bonanomi *et al.*, 2018; Siegel-Hertz *et al.*, 2018). Además, se aplicarán técnicas moleculares como PCR-DGGE y secuenciación metagenómica para caracterizar la diversidad y estructura del microbioma rizosférico. Esto permitirá identificar diferencias entre suelos supresivos e inductivos y comprender los mecanismos biológicos asociados a la resistencia al SDE (Bonanomi *et al.*, 2018). La integración de estos

métodos busca vincular condiciones edáficas, perfiles microbiológicos y datos fitopatológicos en un enfoque integral de manejo.

Evaluación fitosanitaria en invernadero. Se realizarán ensayos en invernadero con las variedades comerciales de espárrago UC-157, Early California y SULKEN, inoculadas con cepas prevalentes de *Fusarium spp.* (Elmer, 2018). El diseño multifactorial permitirá evaluar efectos individuales y combinados entre genotipos y tratamientos fitosanitarios, incluyendo agentes biológicos, químicos y sus combinaciones (Bonanomi *et al.*, 2018; Bell *et al.*, 1982). Se medirán variables indicadoras de severidad del SDE, como biomasa aérea y radicular, necrosis, síntomas visibles y tasa de supervivencia (Siegel-Hertz *et al.*, 2018; Larkin, 2015). El análisis estadístico utilizará modelos lineales generales y no paramétricos, junto con pruebas post-hoc para identificar diferencias significativas (Maxwell *et al.*, 2018).

Análisis estadístico. El análisis estadístico se realizará en tres niveles: exploratorio, inferencial y predictivo. Se evaluará la normalidad para aplicar métodos paramétricos o no paramétricos (Maxwell *et al.*, 2018). Se usarán correlaciones de Pearson o Spearman para asociar índices espectrales (NDVI, NDMI, BSI) con variables fitosanitarias (Mahlein *et al.*, 2012; Calderón *et al.*, 2013), y regresión múltiple para modelar su influencia en la severidad del SDE, validando con R^2 , RMSE e índice d de Willmott (Jensen, 1996; Maxwell *et al.*, 2018). Se aplicará ACP para identificar variables clave y CCA para modelar asociaciones entre ambiente y respuesta fitosanitaria (Bonanomi *et al.*, 2018; Siegel-Hertz *et al.*, 2018). También se considerarán pruebas como Kruskal-Wallis, PERMANOVA y NMDS ante datos no normales o categóricos (Maxwell *et al.*, 2018). Este enfoque multivariado permitirá una interpretación integral de los factores que condicionan el avance del SDE.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se espera que los índices NDVI, NDMI y BSI identifiquen zonas de riesgo por *Fusarium spp.* antes de que aparezcan síntomas visibles. Los drones multispectrales ofrecen alta resolución útil en etapas tempranas, aunque su uso puede verse limitado por aspectos climáticos y logísticos. Suelos compactados, húmedos y pobres en materia orgánica favorecen al patógeno, mientras que aquellos con microorganismos antagonistas como *Trichoderma spp.* presentan potencial supresivo. La integración de sensores remotos, diagnóstico en campo y SIG permitirá desarrollar una

metodología replicable para zonificación fitosanitaria y estrategias de manejo integrado más eficientes.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al Colegio de Postgraduados y al Posgrado en Fitosanidad–Fitopatología por su respaldo académico. Mi reconocimiento al Sistema Especializado de Capacitación en Herramientas de Información Tecnológica e Innovación (SECHITI) por la beca doctoral otorgada, y al Dr. Remigio A. Guzmán Plazola por su guía científica y valioso acompañamiento en el desarrollo de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Aasen H, Honkavaara E, Lucieer A, Zarco-Tejada PJ. 2018. *Quantitative remote sensing at ultra-high resolution with UAV spectroscopy: A review of sensor technology, measurement procedures and data correction workflows. Remote Sensing* 10 (7): 1091. <https://doi.org/10.3390/rs10071091>
- Bell DK, Wells HD, Markham CR. 1982. *In vitro antagonism of Trichoderma species against six fungal plant pathogens. Phytopathology* 72 (4): 379–382. <https://doi.org/10.1094/Phyto-72-379>
- Bonanomi G, Lorito M, Vinale F, Woo SL. 2018. *Organic amendments, beneficial microbes, and soil microbiota: Toward a unified framework for disease suppression. Annual Review of Phytopathology* 56 (1): 1–20.
- Calderón R, Navas-Cortés JA, Zarco-Tejada PJ. 2013. *Early detection and quantification of Verticillium wilt in olive using hyperspectral and thermal imagery. Remote Sensing* 5 (8): 3940–3960. <https://doi.org/10.3390/rs5083940>
- Elmer WH. 2018. *Asparagus decline and replant problem: A look back and a look forward at strategies for mitigating losses. Acta Horticulturae* 1223: 195–204. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1223.27>
- González-Cruces JA, Sandoval-Islas JS, Nava-Díaz C, Sandoval-Sánchez M. 2023. *Etiology of rhizome rot of asparagus (Asparagus officinalis) in Atenco, Mexico State. Mexican Journal of Phytopathology*. <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2211-1>

- Jensen JR. 1996. *Introductory digital image processing: A remote sensing perspective*. Prentice Hall.
- Mahlein AK, Oerke EC, Steiner U, Dehne HW. 2012. *Recent advances in sensing plant diseases for precision crop protection*. *European Journal of Plant Pathology* 133 (1): 197–209.
- Maxwell AE, Warner TA, Fang F. 2018. *Implementation of machine-learning classification in remote sensing: An applied review*. *International Journal of Remote Sensing* 39 (9): 2784–2817. <https://doi.org/10.1080/01431161.2018.1433343>
- Moreno-Pinel R, Castro-López P, Die-Ramón JV, Gil-Ligero J. 2021. *Asparagus officinalis* L. *breeding*. En: Al-Khayri JM, Jain SM, Johnson DV, eds. *Advances in plant breeding strategies: Vegetable crops*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-66961-4_12
- Rubio-Ríos JR, Guzmán-Plazola RA, Ayala-Escobar V, Rubio-Cortés R. 2019. *Spatial and temporal dynamics of blue agave (Agave tequilana Weber var. azul) wilt in Jalisco, Mexico*. *Journal of Phytopathology* 167 (5): 301–309. <https://doi.org/10.1111/jph.12794>

ALTERNATIVAS DE MANEJO BIOACTIVO PARA *Sclerotinia minor* Jagger EN LECHUGA (*Lactuca sativa*)

Antonio Alejandro **López-García**^{1*}, Olga **Gómez-Rodríguez**¹, Victoria **Ayala-Escobar**¹, Cristian **Nava-Díaz**¹,
Santos Gerardo **Leyva-Mir**²

¹ Colegio de Postgraduados, campus Montecillos, K.m. 36.5 Carretera México-Texcoco, Texcoco, estado de México, C.P. 56230. ²Departamento de Parasitología Agrícola, Universidad Autónoma Chapingo, km.38.5 Carretera México- Texcoco, Chapingo, México. C.P. 56230. *Autor para correspondencia: Lopez.alejandro@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El cultivo de lechuga (*Lactuca sativa* L.) es altamente producido y demandado en todo el mundo. En 2022 México reportó una producción de 558,032.88 toneladas, ubicándose en el noveno lugar de los mayores productores de esta hortaliza en el mundo (FAO, 2022). En 2024, México reportó una producción de 494,710.85 toneladas. A nivel nacional, destacan por su producción los estados de Guanajuato, Zacatecas, Puebla, Aguascalientes, y Baja California (SIAP, 2024). Este cultivo se ve afectado constantemente por diversos fitopatógenos, especialmente como *Botrytis cinerea* (pudrición o moho gris), *Bremia lactucae* (mildiu), *Fusarium*, *Rhizoctonia*, *Phytophthora*, *Sclerotinia sclerotiorum* y *Sclerotinia minor* (Moho blanco o podredumbre blanda) (INIA, 2016). *S. sclerotiorum* y *S. minor* son considerados como patógenos altamente destructivos de la lechuga (Arias *et al.*, 2007; Macioszek *et al.*, 2023); ya que por su patogénesis y por el tipo de cultivo que se trata, no existe el concepto de severidad de la enfermedad, más bien, prevalece el de incidencia, dado que una vez que el patógeno inicia su proceso de patogénesis, no hay manera de detener la infección. Para el manejo preventivo de las enfermedades causadas por los géneros de *Sclerotinia*, en México y en el mundo, se utilizan fungicidas sintéticos, pero la eficacia de estos puede verse afectada por la presión de *S. minor*, las condiciones climáticas, métodos de aplicación y sobre todo por la resistencia adquirida por el patógeno a causa del uso excesivo de estos fungicidas (Petkova *et al.*, 2024). Hasta la fecha, no existen variedades de lechuga resistentes a estos patógenos (Mamo *et al.*, 2019; Petkova *et al.*, 2024) por lo que el uso de productos bioactivos definidos como “productos elaborados a partir de sustancias de origen botánico o microbiológico” (Abd-Elsalam *et al.*, 2023) se presenta como una herramienta amigable, la cual ayude en el manejo de este tipo de patógenos para reducir de manera ecológica los propágulos de resistencia de este hongo que se encuentran en el suelo, y consecuentemente, la incidencia de la enfermedad a través del tiempo.

Por lo que el objetivo de esta investigación fue evaluar varios productos bioactivos comerciales y de guano de muerciélago sobre *Sclerotinia minor*.

MATERIALES Y MÉTODOS

El inóculo se recolectó en campos del municipio de San Francisco Putla, estado de México (19.124348° N, 99.631144° O) en el mes de abril de 2024, y se reprodujo *in vitro* a partir de esclerocios desinfestados y cultivados en medio Papa Dextroxa Agar (PDA).

En 240 macetas sembradas con lechuga y con esclerocios colocados en costales trampa (Stazzonelli *et al.*, 2017) enterrados a 5 cm de profundidad. El diseño experimental fue factorial con tres factores; tipo de producto: Baktilis, Serifel, Apolo, T-22, Timorex Gold; los cuales corresponden a 5 niveles más un testigo absoluto, presencia de planta (con o sin lechuga) y presencia de materia orgánica [M.O. con (MOmo1) o sin (MOmo2)]. Se utilizó guano de muerciélago pasteurizado con 30% de materia orgánica, aplicado cada 15 días. Se fertilizó con N-P-K (20-30-10) cada cinco días durante 45 días a partir del transplante. Las unidades experimentales se mantuvieron a campo abierto, con riegos cada dos días y monitoreo ambiental mediante un data logger (HOBOWare PRO modelo U23-00A).

Se evaluó la incidencia (plantas enfermas), y se obtuvo una descripción visual sobre la epidemiología de la enfermedad. El análisis estadístico se ajustó a un modelo lineal generalizado (GLM) binomial, con función de enlace logit para evaluar el efecto de los tratamientos y la materia orgánica sobre la incidencia de la enfermedad con el apoyo de R v4.3.1 (R Core Team, 2023).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se presentaron condiciones ambientales adecuadas para el patógeno (T° promedio de 18.44 $^{\circ}\text{C}$ y humedad relativa de 54.98%). En las combinaciones con planta, con producto bioactivo, con y sin M.O. se obtuvieron incidencias de 10 a 100% (Cuadro 2). Se observó que la presencia de materia orgánica aceleró el desarrollo de síntomas, con pudrición total en 11 días, frente a 16 días en ausencia de esta, siendo más agresivo *S. minor* con materia orgánica. Cabe resaltar que en las unidades experimentales donde no se tuvo planta, no se observó germinación de los esclerocios, pero también fueron incluidos en los ensayos post experimento.

El modelo GLM binomial reveló que, si bien ninguno de los tratamientos mostró efectos estadísticamente significativos sobre la incidencia de la enfermedad ($p=0.551$), se observaron

tendencias relevantes. Los tratamientos T3 y T4 presentaron una ligera reducción en la incidencia ($p=0.307$ y $p=0.168$, respectivamente). De manera similar, la ausencia de materia orgánica (MOmo2) mostró un efecto marginalmente protector ($p=0.084$). El análisis de interacción no detectó efectos significativos entre los tratamientos y con o sin materia orgánica. Sin embargo, cabe destacar que tanto el tratamiento T3 como el factor en donde no se agregó M.O. exhibieron coeficientes similares ($\beta=-1.79$, $p=0.079$), sugiriendo un patrón consistente en la reducción de la incidencia. Adicionalmente, la combinación T3:MOmo2 mostró un efecto sinérgico ($\beta=2.33$), aunque sin significancia estadística ($p=0.111$), lo que sugiere que sus efectos al estar juntos, no se ven reducidos o beneficiados. Estos resultados, aunque no concluyentes, sugieren que T3, T4 y sin la aplicación de materia orgánica podrían tener un efecto moderador sobre la incidencia de la enfermedad.

Los estudios realizados por Abawi y Grogan, 1979; señalan que *S. minor* puede verse beneficiado por suelos con contenido de materia orgánica debido a que esta contribuye a la retención de mayor cantidad de humedad y disponibilidad de nutrientes, lo que explica el comportamiento en la incidencia registrada, ya que, en las unidades experimentales en donde se tuvo mayor incidencia fueron en aquellas donde se había suministrado M.O. La combinación del tratamiento T3 con la ausencia de materia orgánica (T3:MOmo2) sugiere que la eficacia de *Trichoderma* como agente de biocontrol podría estar influenciada por las condiciones del suelo, específicamente la presencia o ausencia de materia orgánica. La interacción entre *Trichoderma* y las condiciones del suelo es compleja y puede afectar su capacidad para colonizar las raíces y ejercer sus efectos beneficiosos. Aunque no se mostraron diferencias estadísticamente significativas en los valores de incidencia, los porcentajes obtenidos en el ensayo presentan relevancia práctica. Por ejemplo, *T. harzianum* (T4) redujo la incidencia a 10% sin M.O. (vs. 30% con M.O.), sugiriendo un efecto dependiente del ambiente. Además, todos los tratamientos tuvieron valores inferiores que el testigo (100%), indicando un potencial de control biológico.

Cuadro 2. Incidencia de moho blanco (*S. minor*-*L. sativa*) en Texcoco, estado de México, durante

Organismo	Tratamiento	Incidencia en (%)	
		(MOmo1 ¹)	(MOmo2 ²)
<i>Bacillus subtilis</i>	T1	50	30
<i>B. amyloliquefasciens</i>	T2	40	30
Compendio microbiano	T3	20	20
<i>Trichoderma harzianum</i> T-22	T4	30	10
Aceite de <i>Melaleuca alternifolia</i> (50%)	T5	50	30
Testigo absoluto	TA	100	100

2025.

¹Con materia orgánica; ²Sin materia orgánica.

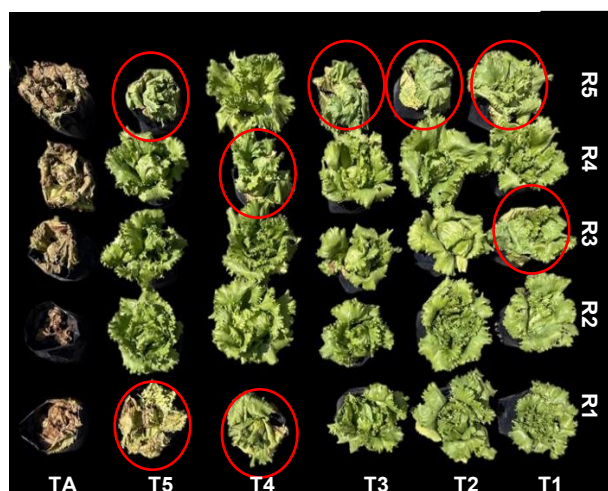


Figura 1. Incidencia de Moho blanco en ensayo factorial de 5 tratamientos, con aplicación de materia orgánica y presencia de planta a los 80 días de trasplante. Testigo absoluto (TA), *Bacillus amyloliquefasciens* (T1), *Bacillus subtilis* (T2), *Trichoderma harzianum* cepa T-22 (T3), Compendio de *B. subtilis*, *T. harzianum*, *S. lydicus* (T4), Aceite de *Melaleuca alternifolia* (T5).



Figura 2. Incidencia de Moho blanco en ensayo factorial de 5 tratamientos, sin aplicación de materia orgánica y presencia de planta a los 80 días de trasplante. Testigo absoluto (TA), *Bacillus amyloliquefasciens* (T1), *Bacillus subtilis* (T2), *Trichoderma harzianum* cepa T-22 (T3), Compendio de *B. subtilis*, *T. harzianum*, *S. lydicus* (T4), Aceite de *Melaleuca alternifolia* (T5).

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación fue apoyada financieramente por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI). Se agradece a las instituciones: Colegio de Postgraduados y a la Universidad Autónoma Chapingo por estar presentes, tanto en la prestación de espacios de laboratorio como por la asesoría de los académicos inscritos.

LITERATURA CITADA

- Abawi, G. & Grogan. 1979. Epimediology of diseases caused by *Sclerotinia* species. *Phytopathology*. 69(8), 899-903. <https://doi.org/10.1094/Phyto-69-899>
- Abd-Elsalam, K. A., & Alghuthaymi, M. A. (Eds.). 2023. *Biofungicides: Eco-safety and future trends: Types and applications*, volume 1. CRC Press, 324 p.
- Arias, L. A., Tautiva, L. A., Piedrahíta, W., & Chaves, B. 2007. Evaluación de tres métodos de control del Moho blanco (*Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary) en lechuga (*Lactuca sativa* L.). *Agronomía Colombiana*, 25(1), 131-141.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). 2022. FAOSTAT: Crops and livestock products. FAO. (Consultado el 08 de enero de 2025). Disponible en: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>
- Macioszek, V.K.; Marciniak, P.; Kononowicz, A.K. 2023. Impact of *Sclerotinia sclerotiorum* Infection on Lettuce (*Lactuca sativa* L.) Survival and Phenolics Content—A Case Study in a Horticulture Farm in Poland. *Pathogens*, 12, 1416. <https://doi.org/10.3390/pathogens12121416>
- Mamo B.E., Hayes R.J., Truco M.J., Puri K.D., Michelmores R.W., Subbarao K., and Simko I. 2019. The genetics of resistance to lettuce drop (*Sclerotinia* spp.) in lettuce in a recombinant inbred line population of Reine des Glaces × Eruption. *Theoretical and Applied Genetics*. 132:2439–2460. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03365-6>
- Petkova, M.; Dimova, M. 2024. Biological Control of Lettuce Drop (*Sclerotinia minor* Jagger) Using Antagonistic *Bacillus* Species. *Applied Microbiology*, 4, 1283–1293. <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol4030088>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). 2024. Avance de siembras y cosechas. SIAP. (Consultado el 08 de enero de 2025). Disponible en: https://nube.siap.gob.mx/avance_agricola/
- Stazzonelli, E. A., Yasem de Romero, M. G., & Ploper, L. D. 2017. Aislamiento e identificación de antagonistas asociados al parasitismo de esclerocios de *Sclerotinia sclerotiorum* en la provincia de Tucumán, Argentina. *Revista Agronómica del Noroeste Argentino*, 37(2), 71–82.

DETECCIÓN DE *Closterovirus tristeza* EN LIMÓN PERSA MEDIANTE TÉCNICAS DE APRENDIZAJE MÁQUINA E IMÁGENES MULTIESPECTRALES

Maribel Reyes-García^{1*}, Remigio Anastacio Guzmán-Plazola¹, Reyna Isabel Rojas-Martínez¹, Victoria Ayala-Escobar¹, Héctor Flores-Magdaleno¹

¹ Colegio de Postgraduados. Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Carretera México-Texcoco, km 36.5, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56254.

*Autor para correspondencia: reyes.maribel@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El limón persa (*Citrus latifolia*) es un cultivo clave para México, segundo productor y exportador mundial de limones y limas. Sin embargo, enfrenta amenazas como la tristeza de los cítricos, causada por *Closterovirus tristeza* (CTV), que desde 2017 ha provocado la muerte de más de 300,000 árboles en estados como Veracruz, Campeche y Yucatán (INIFAP, 2024). Ante este panorama, la agricultura ha comenzado a incorporar herramientas digitales como sensores remotos, cámaras multiespectrales y algoritmos de aprendizaje automático, útiles para detectar enfermedades de forma temprana y mejorar el manejo del cultivo (EOS Data Analytics, 2025).

Aunque el CTV puede mantenerse latente, estudios como el de Argyriou *et al.* (2024) han mostrado que el uso de imágenes multiespectrales y Random Forest permite detectar infecciones con 89.7 % de precisión, incluso en plantas sin síntomas visibles. Por ello, el presente estudio evaluó una alternativa no invasiva basada en imágenes multiespectrales tomadas con drones y modelos supervisados para detectar árboles infectados por CTV en campo.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en plantaciones de limón persa (*Citrus latifolia*) en Champotón y Castamay (Secciones 1 y 2), Campeche, donde se confirmó la presencia de CTV mediante pruebas ImmunoStrip®. En octubre de 2024 se capturaron imágenes con un dron Phantom 4 Pro (DJI, China) con cámara RGB y un Matrice 300 RTK (DJI, China) con cámara multiespectral Parrot Sequoia (Parrot, Francia). Las imágenes RGB (8 bits) se usaron para el correregistro con las

multiespectrales (valores reales). La segmentación de copas se realizó manualmente en QGIS (versión 3.28.14), excluyendo copas fusionadas o con interferencias. Se identificaron 203 copas sanas y 63 enfermas en Champotón; 65 y 63 en Sección 1; y 54 y 32 en Sección 2. Se extrajeron firmas espectrales (3 RGB, 4 multiespectrales), índices (NDVI, GNDVI, NDRE, SIPI) y componentes principales (PCA). Los algoritmos de clasificación supervisada se ejecutaron en el software TerrSet (versión 20.0.1.0, Clark Labs, EE. UU.). La clasificación se ejecutó en TerrSet LiberaGIS (versión 20.0.1.0, Clark Labs, EE. UU.) con MAXLIKE, SVM (radial, sigmoidal, lineal, polinomial), Random Forest y MLP (softmax, lineal, sigmoidal), bajo esquemas duro y blando. Los modelos se evaluaron por campo con matrices de error, precisión y umbrales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis espectral realizado en los tres campos reveló diferencias sutiles pero constantes entre plantas sanas y enfermas, sobre todo en las bandas Red Edge y NIR. Estas diferencias fueron más evidentes en las bandas originales que en los índices de vegetación o en los componentes principales. Esto se debe a que las bandas originales conservan mejor la información espectral completa capturada por el sensor, a diferencia de los índices, que tienden a resumirla y pueden perder matices importantes (Reis Pereira *et al.*, 2024). Muchas de las plantas clasificadas como enfermas podrían encontrarse en una etapa temprana de infección, lo que explicaría la baja separación espectral observada. Esta situación ya ha sido documentada en cultivos como jitomate o vid, donde los síntomas pueden tardar en aparecer a pesar de que las alteraciones fisiológicas ya son detectables por sensores remotos (Junges *et al.*, 2020).

Los resultados obtenidos en la clasificación dura, Random Forest fue el clasificador más estable y efectivo. Logró mantener buenos niveles de precisión en los tres campos, con porcentajes de acierto por arriba del 60%, y tasas de detección de árboles enfermos de hasta 75% en Champotón. Esto lo posiciona como un modelo especialmente robusto para manejar conjuntos de datos complejos y con alta variabilidad (Zhou, 2022).

Otros modelos, como SVM y Máxima Verosimilitud, mostraron un desempeño más irregular. Por ejemplo, en Champotón, SVM-RBF alcanzó una precisión general alta (71%), pero apenas identificó al 1% de las plantas enfermas, reflejando un sesgo claro hacia la clase dominante. Este tipo de problemas es común en datasets desbalanceados (Mountrakis *et al.*, 2011). Los

modelos MLP no lograron separar las clases, asignando todos los casos a una sola categoría, lo que puede deberse a una configuración inadecuada del modelo (He & Chen, 2021).

En la clasificación blanda, Random Forest nuevamente obtuvo los mejores resultados. En Champotón, al usar un umbral de probabilidad del 56%, alcanzó una precisión global del 94 % y 79 % de detección de enfermos. En Castamay, su desempeño fue igualmente alto: 91 % de precisión y 92 % de detección en Sección 1, y 99 % de precisión con 100 % de detección en Sección 2. Estos resultados refuerzan su utilidad en escenarios donde se requiere alta sensibilidad sin perder especificidad (Narmilan *et al.*, 2022). Por otro lado, el modelo SVM-RBF mostró una fuerte sensibilidad al cambio de umbral: al incrementarlo, aumentaba la detección de sanos, pero disminuía la de enfermos. Modelos como SVM-polynomial o Máxima Verosimilitud tuvieron un rendimiento medio, pero perdieron sensibilidad en umbrales más altos.

El estudio confirmó que el virus de la tristeza en limón persa puede detectarse en campo mediante imágenes multiespectrales y el modelo Random Forest, que destacó por su alta precisión y capacidad para identificar plantas enfermas incluso sin síntomas visibles.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a SECIHTI por la beca, al Colegio de Postgraduados por su respaldo, y a SENASICA por el apoyo en diagnóstico. También al Dr. Remigio A. Guzmán Plazola por su guía, y al Dr. Héctor Flores Magdaleno por el equipo de drones.

LITERATURA CITADA

- Argyriou AV, Tektonidis N, Alevizos E, Ferentinos KP, Kourgialas NN, Mathioudakis MM. 2024. Precision farming multimodal technologies using optical sensors for the detection of citrus tristeza virus endemics. *Sustainability* 16 (13): 5748. <https://doi.org/10.3390/su16135748>
- EOS Data Analytics. 2025a. How multispectral imagery helps detect plant diseases. <https://eos.com/blog/multispectral-imagery-plant-disease-detection/>
- INIFAP (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias). 2024. Reporte nacional sobre la tristeza de los cítricos en México. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. Ciudad de México, México.

- Jiang, J., Zhang, X., Wang, Y., Zhang, Y., Liu, J. 2018. Application of PCA and SVM for plant disease classification based on hyperspectral imaging. *Spectroscopy Letters* 51(8): 506–512. <https://doi.org/10.1080/00387010.2018.1492313>
- Junges, A. H., de Oliveira, R. A., Cazarotto, A. R., Grohs, D. S., Bredemeier, C. 2020. Detection of grapevine leafroll-associated virus 3 using UAV-based hyperspectral imaging and machine learning algorithms. *Computers and Electronics in Agriculture* 175: 105552. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105552>
- Mountrakis, G., Im, J., Ogole, C. 2011. Support vector machines in remote sensing: A review. *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing* 66(3): 247–259. <https://doi.org/10.1016/j.isprsjprs.2010.11.001>
- Narmilan, A., Rajakaruna, R., Ranaweera, M. 2022. Deep learning and remote sensing for plant disease detection: A review. *Artificial Intelligence in Agriculture* 6: 56–70. <https://doi.org/10.1016/j.aiia.2022.04.002>
- Reis Pereira, J. C., Oliveira, R. A., Teixeira, L. F., de Oliveira, M. R., Fernandes, R. B. 2024. Evaluation of vegetation indices and machine learning for early detection of plant stress using UAV multispectral images. *Remote Sensing Applications: Society and Environment* 35: 101788. <https://doi.org/10.1016/j.rsase.2024.101788>
- Zhou, H. 2022. A review on random forest algorithms in precision agriculture. *Agricultural Systems* 197: 103365. <https://doi.org/10.1016/j.agry.2021.103365>

DETERMINACIÓN DE LA TRANSMISIÓN DE *Tobamovirus fructirugosum* A TRAVÉS DE *Rhizophagus intraradices* EN *Solanum lycopersicum* L

Mireya Pérez Ramírez¹, Daniel Leobardo Ochoa Martínez^{1*}, Reyna Isabel Rojas Martínez¹, Alejandro Alarcón¹

¹Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Posgrado en Fitosanidad Programa de Fitopatología. Carretera México-Texcoco, Km 36.5. Montecillo, Estado de México. C. P. 56264.

*Autor de correspondencia:ldaniel@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El jitomate es considerado como la hortaliza más consumida a nivel mundial y México es el principal proveedor a con un valor de exportación de aproximadamente 3,624 millones de dólares (SIAP, 2024). Este cultivo es susceptible a la infección por diferentes patógenos como bacterias, hongos, fitoplasmas y virus. El virus rugoso del tomate (*Tobamovirus fructirugosum*: *Virgaviridae*) es un virus emergente, una enfermedad no cuarentenaria relamentada para México con potencial de ocasionar pérdidas económicas significativas en este cultivo (García y Bocanegra, 2018). El manejo de este virus es complicado debido a su alta estabilidad y facilidad de transmitirse mecánicamente. Los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) son microorganismos rizosféricos con capacidad de colonizar el sistema radical y establecer asociaciones mutualistas en la mayoría de las plantas (Carreón-Abud *et al.*, 2013). Se conocen hongos con origen en el suelo que son vectores de virus fitopatógenos y existen evidencias de que los HMA son portadores (Cruz, 2013).

Además, algunos trabajos mencionan que plantas infectadas por virus fitopatógenos y colonizados con estos hongos se ha presentado alta concentración de las partículas virales en sus estructuras fungales como los arbúsculos que se desarrollan dentro de las células, y que funcionan como sitios de intercambio de nutrientes entre el hongo y la planta (Kumar *et al.*, 2011). Con base en lo anterior, el objetivo de esta investigación es conocer si *Rhizophagus intraradices* es portador y transmisor de *Tobamovirus fructirugosum* en jitomate y el efecto que puede ocasionar en la fisiología de la planta.

MATERIALES Y MÉTODOS

Origen de *Rhizophagus intraradices*

El Hongo micorrízico arbuscular fue proporcionado por el área de Microbiología en el edificio de Edafología e Hidrociencias en el Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Texcoco, Estado de México. Originalmente aislada del estado de Morelos y mantenida de manera recurrente en maíz y sorgo por más de cinco años. Se utilizó 6 g por planta con una aproximación de 120 esporas.

Presencia de *Tobamovirus fructirugosum* en esporas de *Rhizophagus intraradices*

Bajo condiciones de invernadero se establecieron dos tratamientos con 5 repeticiones: a) Tratamiento 1. Plantas colonizadas con *R. intraradices*. Tratamiento 2. Plantas colonizadas con *R. intraradices* e inoculadas con *Tobamovirus fructirugosum*. Se tuvieron plantas de jitomate con 4 hojas verdaderas var. Floradade en un sustrato de peat moss, suelo y arena de río en una relación (1:1:1). Las plantas fueron inoculadas con los 6 g de suelo con 120 esporas e hifas de *R. intraradices* mezclado con raicillas de plantas de jitomate. Posteriormente se inocularon mecánicamente con *T. fructirugosum*. Se evaluó el porcentaje de colonización a los 2, 3 y 6 meses después de la inoculación con el hongo mediante tinción con azul de tripano.

Para conocer si el HMA era portadora del virus se extrajeron las esporas por tamizado y decantación con gradiente de sacarosa y de estas se extrajo RNA total con Trizol®. Asimismo de hojas y raíz plantas de jitomate colonizadas con el hongo e infectadas con el virus se extrajo ARN total mediante columnas para corroborar la infección viral. Con el RNA total obtenido en ambos casos se realizó la RT-PCR punto final con iniciadores específicos para el *T. fructirugosum* con los iniciadores específicos ToBRFV-FMX y ToBRFV-RMX diseñados que amplifican un fragmento de 475 pb, que codifica una región de la RdRP (Rodríguez *et al.*, 2019)

Por otro lado, para conocer si las esporas del HMA eran portadoras del virus, se realizó microscopía electrónica de transmisión realizando cortes ultrafinos de las esporas obtenidas de la manera antes indicada.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Presencia de *Tobamovirus fructirugosum* en esporas de *Rhizophagus intraradices*

Las raíces y hojas de las plantas analizadas con RT-PCR amplificaron el producto esperado con los iniciadores específicos para *T. fructirugosum*, mientras que no se tuvo amplificación en el caso de las esporas. Asimismo, no se encontraron partículas virales en los cortes ultrafinos de las esporas observadas al microscopio electrónico.

AGRADECIMIENTOS

Al Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada al primer autor, para la realización de sus estudios de Doctorado. Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, por la facilitación de sus instalaciones y el financiamiento para realizar de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Carreón, J, Gómez, N, y Martínez, M. 2008. Las micorrizas arbusculares en la protección vegetal. Facultad de Biología de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. 10: 60-70. 16 <https://www.researchgate.net/publication/266505917>
- Cruz-Gutiérrez, E. 2013. Estudio de la interacción de la simbiosis micorrízica arbuscular en plantas infectadas con Tobacco mosaic virus. Colegio de Postgraduados. (Tesis Doctoral). <http://colposdigital.colpos.mx:8080/xmlui/handle/10521/1999>
- García, J. y Bocanegra, A. 2018. Análisis de Riesgo para el Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) en México. Dirección General de Sanidad Vegetal. [http://sinavef.senasica.gob.mx/Eventos/Content/Multimedia/Analisis%20de %20Riesgo %20para%20el%20ToBRFV.pdf](http://sinavef.senasica.gob.mx/Eventos/Content/Multimedia/Analisis%20de%20Riesgo%20para%20el%20ToBRFV.pdf)
- Rodriguez, J, Garcia, C, Lopez, J, Araujo, K, Quezada, A, y Cambrón J. 2019. Identificación de Tomato brown rugose fruit virus por RT-PCR de una región codificante de la replicasa (RdRP). DOI: 10.18781/R.MEX.FIT.1902-6

S Kumar, A C Udaya Shankar, S C Nayaka, O S Lund and H S Prakash. 2011. Detection of Tobacco mosaic virus and Tomato mosaic virus in pepper and tomato by multiplex RT-PCR. DOI: 10.1111/j.1472-765X.2011.03117.x

SIAP. 2024. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (02 de junio de 2025). <https://www.gob.mx/siap>

TRANSMISIÓN DEL *Pospiviroid machoplantae* POR *Myzus persicae* (HEMIPTERA: APHIDIDAE) EN JITOMATE (*Solanum lycopersicum*)

María del Carmen **Zúñiga Romano**¹, Daniel Leobardo **Ochoa Martínez**^{1*}, Reyna Isabel **Rojas Martínez**¹, Sergio **Aranda Ocampo**¹, Erika Janet **Zamora Macorra**²

¹Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Posgrado en Fitosanidad Programa de Fitopatología. Carretera México-Texcoco, Km 36.5. Montecillo, Estado de México. C. P. 56264.

²Universidad Autónoma Chapingo. Preparatoria Agrícola. Carretera México-Texcoco Km 38.5. Texcoco, Estado de México. C. P. 56230. *Autor para correspondencia: ldaniel@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Los viroides son ARN pequeños, circulares, monocatenarios, no codificantes de proteínas, que se replican en compartimentos subcelulares específicos de su hospedante y pueden causar enfermedades devastadoras en las plantas. A diferencia de los virus, los viroides no están protegidos por una cápside proteica (Ding 2009). Los viroides se transmiten principalmente por propagación vegetativa pero también de forma mecánica, por semilla o polen (Hadidi *et al.*, 2022). Hasta ahora se ha reportado que al menos siete viroides infectan de forma natural al jitomate (*Pospiviroidae* / *Pospiviroid*): *Pospiviroid exocortiscitri* (citrus exocortis viroid), *P. latenscolumnneae* (columnnea latent viroid), *P. parvicapsici* (pepper chat fruit viroid), *P. fusituberis* (potato spindle tuber viroid), *P. apicimeditum* (tomato apical stunt viroid), *P. chloronani* (tomato chlorotic dwarf viroid) y *P. machoplantae* (tomato planta macho viroid) (Zhang y Groth, 2024). *P. machoplantae*, fue observado por primera vez en zonas productoras de jitomate en el Estado de Morelos, México por Belalcazar y Galindo (1974); las plantas infectadas presentan una marcada reducción de crecimiento, acortamiento de entrenudos y, como consecuencia, se genera un rosetado apical y excesiva brotación de yemas axilares, dando un aspecto arbustivo. Las hojas, presentan distorsión y epinastia con presencia o ausencia de necrosis en las nervaduras primarias y secundarias. Los frutos formados son de tamaño reducido y algunos presentan esterilidad parcial o total, de aquí el nombre de “planta macho” (Galindo *et al.*, 1982). Galindo *et al.* (1986), determinaron que el *P. machoplantae* podía ser transmitido de manera eficiente por todos los estadios de *Myzus persicae* con un tiempo mínimo de adquisición de 20 segundos y que el viroide persiste en el áfido al menos durante ocho días. Tiempo después, Võ *et al.* (2018) establecen que la transmisión de los viroides por medio de pulgones, solo puede darse de manera asistida por un

virus auxiliar (VAux) mediante un fenómeno llamado transencapsidación, donde los viroides se incorporan dentro de la partícula del VAux, como en el caso del *P. chloronani* por *M. persicae* asistida por el *Potato leafroll virus* (PLRV). En el trabajo de Galindo *et al.* (1986) no se establece de manera clara si la fuente de inóculo del *P. machoplantae* estaba libre de otro virus que pudiera fungir como VAux en las pruebas de transmisión de este viroide por *M. persicae*. Con base en lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue determinar si, la transmisión del *Pospiviroid machoplantae* por *Myzus persicae* en jitomate, es independiente de un virus auxiliar.

MATERIALES Y MÉTODOS

Obtención de la colonia de pulgones

Se estableció una colonia de áfidos en plantas de cola partir de individuos proporcionados por el M. en C. Daniel Ramírez Cerón. Se colectaron adultos alados en alcohol al 70 % y se montaron siguiendo la metodología descrita por Johansen y Mojica (1997) para su identificación con base en las claves taxonómicas de Favret y Miller (2012). Por otra parte, se extrajo ADN total con CTAB 2 % de un solo individuo (cinco adultos en total) con el cual se realizó PCR punto final con los oligonucleótidos LCO1490 y HCO2198 reportados por Folmer *et al.* (1994) que amplifican una región de ~710 pb del gen mitocondrial de la subunidad I del gen citocromo C oxidasa (COI). Los productos amplificados fueron secuenciados y comparados en la base de datos del GenBank®. La colonia de pulgones, se mantuvo en plantas de col dentro de jaulas con malla antiáfidos en invernadero.

Obtención de la fuente de inóculo de *Pospiviroid machoplantae*

Se utilizó tejido foliar deshidratado de una planta de jitomate infectada por *P. machoplantae* empleada en los trabajos de Galindo *et al.* (1986). Se pesó 0.1 g de tejido seco y se colocó en una cápsula de porcelana estéril con 10 mL de amortiguador de fosfatos 0.01 M, pH 7.0 y se dejó hidratar por dos horas a temperatura ambiente. Posteriormente, se maceró el tejido y se inocularon de forma mecánica cuatro plantas sanas de jitomate, var. Floradade de 15 días de edad. Siete días después de la inoculación (ddi), se realizó extracción de ARN total con el kit “SV Total RNA Isolation System” (Promega®) y se determinó la concentración y pureza mediante espectrofotometría con un NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific 2000, USA). Se hizo RT-PCR con los iniciadores universales POSPI-F y POSPI-R diseñados de una región conservada de diferentes especies de viroides del género *Pospiviroid* que amplifican aproximadamente ~200 pb (Bostan *et al.*, 2004). Los productos obtenidos fueron secuenciados y comparados en la base de

datos del GenBank, para confirmar la identidad del viroide. Para asegurar que la fuente de inóculo del *P. machoplantae* estaba libre de otro(s) virus, se procedió a inocular mecánicamente tres plantas de jitomate var. Floradade de 25 días de edad con 100 µL de ARN total de plantas infectadas con el viroide y 1 mL de amortiguador de fosfatos. Las plantas inoculadas, se analizaron 30 días después de la inoculación (ddi) mediante RT-PCR de la forma señalada previamente.

Transmisión del *Pospiviroid machoplantae* por *Myzus persicae*

Se evaluaron cuatro tiempos de adquisición y de inoculación con cinco réplicas (plantas de jitomate) cada uno: 1, 3, 5 y 10 min, respectivamente. Se colocaron diez adultos alados en cajas petri de plástico de 400 x 15 mm y se mantuvieron en ayuno por tres horas a temperatura ambiente, después de lo cual se pusieron a alimentar en hojas de jitomate infectadas con el *P. machoplantae*. Transcurrido el tiempo de adquisición correspondiente, los pulgones se pasaron a una planta de jitomate sana (cinco plantas/tratamiento). Después del respectivo tiempo de inoculación se retiraron los pulgones y se resguardaron en alcohol al 70 % de forma individual, para su posterior análisis mediante RT-PCR.

En el caso del testigo negativo, se realizó lo anteriormente descrito, excepto que los pulgones se alimentaron de hojas de jitomate sanas. Así mismo, se tuvo un testigo negativo absoluto consistente en cuatro plantas de jitomate, sanas. Las plantas de jitomate de todos los tratamientos se mantuvieron en invernadero dentro de jaulas con malla antiáfidos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Obtención de la colonia de pulgones

Los adultos analizados fueron morfológicamente similares y de acuerdo con las claves taxonómicas utilizadas correspondieron a la especie *Myzus persicae*. Asimismo, las secuencias obtenidas del fragmento amplificado de ~710 pb con los iniciadores LCO1490 y HCO2198, tuvieron una identidad del 99 % con *M. persicae*; los números de acceso correspondientes de estas secuencias son: PV746144, PV746145, PV746146 y PV746147.

Obtención de la fuente de inóculo de *Pospiviroid machoplantae*

Las plantas inoculadas con el tejido seco, presentaron síntomas de mosaico siete días después de la inoculación (ddi). Posteriormente, la distorsión y epinastia de las hojas fue visible a los 14 ddi. Finalmente, se observó reducción de crecimiento, clorosis, acortamiento de entrenudos y excesiva brotación de yemas axilares a los 30 ddi. Las secuencias de los productos amplificados con los oligonucleótidos universales para el género *Pospiviroid* en las plantas de jitomate (núm.

Accesión: PV739839, PV739840, PV739841, PV739842 y PV739843), correspondieron al *Pospiviroid machoplantae* con un 99 % de identidad. Respecto a las plantas inoculadas a partir de ARN total de plantas infectadas, las hojas nuevas presentaban clorosis y enverdecimiento tanto de las nervaduras primarias como secundarias. Asimismo, mostraron reducción de crecimiento y brotación de yemas axilares, pero no tan severos como en el caso anterior; asimismo, se observó epinastia y enrollamientos y las hojas más grandes, presentaron necrosis, los productos amplificados correspondieron al *Pospiviroid machoplantae* con un 99 % de identidad (núm. Accesoión: PV739844, PV739845 y PV739846).

Transmisión del *Pospiviroid machoplantae* por *Myzus persicae*

Las plantas de jitomate de todos los tratamientos (excepto del negativo y negativo absoluto) presentaron ligero mosaico, reducción de crecimiento y clorosis en las hojas nuevas a los 30 ddi; asimismo, amplificaron el fragmento esperado mediante RT-PCR (100 % de transmisión) (núm. Accesoión: PV739850, PV739851, PV739852, PV739853). Por otro lado, se obtuvo que el 74 % de los pulgones utilizados en la prueba de adquisición fueron positivos al viroide (núm. Accesoión: PV739854, PV739855, PV739856 y PV739857). Por su parte, las plantas y los pulgones analizados del testigo negativo y testigo absoluto no amplificaron ningún producto por RT-PCR y no presentaron síntomas. Con base en estos resultados se establece que la transmisión del *Pospiviroid machoplantae* por *Myzus persicae* en plantas de jitomate no es asistida por un virus auxiliar.

AGRADECIMIENTOS

Al Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada al primer autor, para la realización de sus estudios de Doctorado. Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, por la facilitación de sus instalaciones y el financiamiento para realizar de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Ding B. 2009. The biology of viroid-host interactions. Annual review of phytopathology 47 (1): 105-131. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080508-081927>
- Belalcazar CS, Galindo AJ. 1974. A study of the virus planta macho on tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill). Agrociencia 18: 79-88.

- Bostan H, Nie X, Singh RP. 2004. An RT-PCR primer pair for the detection of *Pospiviroid* and its application in surveying ornamental plants for viroids. *Journal of Virological Methods* 116 (2): 189-193. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2003.11.014>
- Favret C, Miller GL. 2012. AphID. Identification Technology Program, CPHST, PPQ, APHIS, USDA; Fort Collins, CO. [31 de marzo de 2025]. <http://AphID.AphidNet.org/>
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3 (5): 294-299.
- Galindo JA, Smith DR, Diener TO. 1982. Etiology of planta macho, a viroid disease of tomato. *Phytopathology* 72 (1): 49-54.
- Galindo JA, López RC, Aguilar T. 1986. Discovery of the transmitting agent of tomato planta macho viroid. *Revista Mexicana de Fitopatología* 7: 61-65.
- Hadidi A, Sun L, Randles JW. 2022. Modes of viroid transmission. *Cells* 11 (4): 719. <https://doi.org/10.3390/cells11040719>
- Johansen NRM, Mojica GA. 1997. Importancia agrícola de los trips. *Manual sobre entomología y acarología aplicada* 11-18.
- Võ TT, Dehne HW, Hamacher J. 2018. Transmission of Tomato chlorotic dwarf viroid by *Myzus persicae* assisted by Potato leafroll virus. *Journal of Plant Diseases and Protection* 125 (3): 259-266. <https://doi.org/10.1007/s41348-018-0151-y>
- Zhang S, Groth HD. 2024. Viroid diseases of tomato. In Awasthi LP. (Ed.), *Viral Diseases of Field and Horticultural Crops*. Academic Press: Elsevier. Londres, Reino Unido pp. 379-385. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90899-3.00024-0>

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Botrytis* spp. EN MÉXICO, SENSIBILIDAD A FUNGICIDAS Y RESPUESTA METABÓLICA EN BAYAS DE ARÁNDANO

Medali Heidi **Huarhua-Zaquinaula**¹, Cristian **Nava-Díaz**¹, Luis Francisco **Salomé-Abarca**⁴, Reyna Isabel **Rojas-Martínez**¹, Manuel **Rosas-Romero**², Jesús **Torres-García**³, Gerardo **Acevedo Sánchez**⁵, Daniel **Téliz-Ortiz**^{1*}

¹Postgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ²CSO, Planasa. ³CIIDIR IPN, Unidad Michoacán, Justo Sierra#28, Jiquilpan, Michoacán CP 59510, Michoacán, México. ⁴Postgrado en PREGEP-Fruticultura, Colegio de Postgraduados, Carretera México Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ⁵ Investigador independiente, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México.

*Autor para correspondencia: dteliz@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

En 2023, la superficie cultivada con arándano (*Vaccinium myrtillus*) en México fue de 11400, (Aneberries,2023). Dado que se trata de una de las berries recientemente introducidas en el país, resulta fundamental evaluar su comportamiento frente a enfermedades clave que afectan la poscosecha, como la pudrición gris considerada una de las principales amenazas para la calidad y conservación del fruto. *B. cinerea* se ha descrito como una especie compleja, donde se han reclasificado un conjunto de especies morfológicamente crípticas (Azevedo *et al.*, 2020). La diversidad genética en este género depende de la capacidad de reproducción sexual. Asimismo, se atribuye a elementos transponibles (Boty y Flipper) y mutaciones ejercidas por la presión de selección. Sin embargo, para la identificación de especies dentro del complejo *B. cinerea* se emplean genes codificantes nucleares (*G3PDH*, *HSP60*, *RPB2*) y genes de necrosis y etileno *NEP1* y *NEP 2* (Staats *et al.*, 2007). Además, Leroch *et al.* (2013) determinaron que a nivel intraespecífico se puede determinar el *B. cinerea* grupo S al evaluar el polimorfismo del gen codificante *mrr1* de los aislamientos. A la actualidad basado en estos genes se han actualizado el estudio a nivel de la diversidad genética presente en este complejo de *B. cinerea*. Por otro lado, la variabilidad genética de *Botrytis* spp. puede comprometer la eficacia de los fungicidas, por lo que es necesario evaluar la sensibilidad de aislamientos locales. Además, la detección temprana es crucial para un manejo efectivo. En este sentido, la metabolómica permite identificar metabolitos asociados a etapas iniciales de infección mediante análisis multivariado (Gromski *et al.*, 2015).

Por lo tanto, esta investigación tiene como objetivo caracterizar aislamientos de *Botrytis*

spp. provenientes de cultivos de arándano en México, evaluando su diversidad genética y cultural (tipos de apareamiento, elementos transponibles, gen *mrr1*), su sensibilidad a fungicidas de uso común y la presencia de metabolitos asociados a infecciones tempranas en el fruto.

MATERIALES Y MÉTODOS

Lugar de muestreo. Se obtuvieron 106 muestras de flores y frutos (con o sin síntomas) procedentes de Jalisco, Michoacán, Sinaloa, Baja California y Guanajuato entre agosto de 2023 y febrero de 2024.

Caracterización cultural. Los aislamientos se clasificaron morfológicamente y se evaluaron esporulación y esclerociogénesis según Esterio (2005).

Caracterización molecular. La caracterización molecular se basó en la detección de los genes de apareamiento *MAT1-1* y *MAT1-2*, utilizando los primers descritos por van Kan *et al.* (2010), elementos transponibles y empleando el gen transcripcional *mrr1* (Plesken *et al.*, 2015).

Identificación molecular. la extracción de DNA se realizó con micelio de 8 días y lisis mecánica, siguiendo el protocolo de Saitoh *et al.* (2006). Se amplificaron genes nucleares y de necrosis para identificar los aislamientos y las secuencias se analizaron mediante BLAST. Se construyó un árbol filogenético concatenado por inferencia bayesiana y máxima verosimilitud, visualizado en FigTree, considerando nodos con soporte $\geq 60\%$ y posterior ≥ 0.9 .

Prueba de patogenicidad. Las pruebas de patogenicidad fueron realizadas con frutos de arándanos recién cosechados bajo dos métodos siguiendo lo descrito por Saito *et al.* (2016).

Prueba de fungicida. Se evaluó la sensibilidad de siete fungicidas a una dosis discriminatoria propuesta por Weber & Hahn (2011).

Procesamiento y análisis metabolómico. Los frutos se analizaron las 44 y 88 h postinoculación, se liofilizaron y procesaron para extraer metabolitos con metanol al 80 % mediante ultrasonido. Se cuantificaron fenoles y flavonoides totales mediante los métodos de Folin-Ciocalteu y AlCl_3 , respectivamente. Los extractos fueron analizados por espectroscopía FT-MIR y los datos se sometieron a análisis multivariado para identificar patrones metabólicos (Li *et al.*, 2013).

Análisis estadístico. Para el análisis estadístico de genotipos y fenotipos se empleó la prueba de prueba ji-cuadrado de Pearson y análisis multivariado. Los análisis fueron analizados por el programa RStudio 2024.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvieron 106 aislamientos de *Botrytis* spp. en cinco estados, destacando Jalisco (48) y Michoacán (23). El 82 % correspondió al tipo esclerocial, proporción significativamente mayor que la del tipo micelial (18 %; $p = 3.87 \times 10^{-11}$). Se describen ocho morfotipos donde el S4 y S3 es una tasa de esporulación alta (E3, 39%) y baja (E1, 42%), predominantes y con una capacidad formadora de esclerocio alta (cfe3, 59%). Dado que los esclerocios confieren tolerancia a condiciones ambientales extremas, estos aislamientos podrían tener mayor capacidad adaptativa y actuar como fuente de inóculo primario en arándano y otros cultivos hospedantes. Además, todos los aislamientos se agruparon en ocho clústeres mediante un análisis MCA-Kmeans basado en variables culturales, evidenciando la influencia del clima, el cultivar y el tipo de manejo en la conformación de dichos grupos (Beever & Weeds, 2007).

A nivel de caracterización genética, los dos tipos de apareamiento MAT1-1 y MAT1-2 se encontraron con una frecuencia de 42.2% y 57.8%, respectivamente; en una relación 1:1 ($P=0.1035$), lo que indicaría el potencial de ocurrencia de una reproducción sexual como lo indican investigaciones previas (Pei et al., 2019). Basados en la detección de los dos elementos transponibles presentes en *Botrytis* (*Boty* y *Flipper*), se detectaron tres genotipos: Boty, Flipper y Transposa; sin embargo, el genotipo predominante fue Transposa con una frecuencia de 86.2%, seguido de Boty (8.3%) y Flipper (5.5%). El genotipo Vacuma no se encontró. Se encontró el subgrupo *B. cinerea* S con una frecuencia de 2.8% en este estudio en México y un fenotipo rosado de *B. cinerea*, reportado en Italia, Japón, Francia, EUA y en China. Esta coloración se le atribuye a un pigmento denominado bikaverina.

Finalmente, los fungicidas que mostraron mayor proporción de cepas resistentes fueron pyraclostrobin y metil tiofanato. En contraste, más del 85 % de los aislamientos se mantuvieron sensibles a fludioxonil, iprodione y fluopyram, lo que indica que estos compuestos aún presentan una alta eficacia frente a *Botrytis* spp. Por otro lado, el análisis metabolómico reveló diferencias significativas en la concentración de ciertos metabolitos en función del cultivar, lo que sugiere una posible interacción genotipo y hongo que podría influir en la respuesta metabólica frente a la infección.

En conjunto, los resultados evidencian una alta diversidad morfológica, genética y cultural de *Botrytis* spp. en arándano en México, con predominio del tipo esclerocial y del genotipo Transposa. La distribución equilibrada de los idiomorfos sugiere potencial reproductivo sexual. A

nivel funcional, se detectaron diferencias en sensibilidad a fungicidas y perfiles metabolómicos diferenciales según el cultivar, lo que resalta la importancia de estrategias integradas de manejo adaptadas a la variabilidad local del patógeno.

AGRADECIMIENTOS

Al CONAHCyT por la beca de posgrado otorgada. Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo por sus áreas de investigación, equipos y materiales brindados. A PLANASA, TOYO-KASEI, IPN-SINALOA, CAMPOSOL, Dra. María de Jesús Yañez, Dr. Marcos Magallanes, M.C. Valdez Carrasco, M.C. Román García, Ing. Kiyotaka Sakurada, Ing. Daigo Ishikawa, Lcdo. Iván Ríos, Lcdo. Cesar Anda, M.C. Carlos Cruz, Ing. Erick Contreras, Ing. Ana Romero, Ing. Berenice Rodríguez, Ing. Gonzalo Meza, Ing. Luis Díaz; Dra. Obdulia Segura León y a las diferentes empresas productoras de arándano que amablemente nos facilitaron el ingreso a sus plantaciones para la toma de muestras.

LITERATURA CITADA

- Azevedo, D. M. Q., Martins, S. D. S., Guterres, D. C., Martins, M. D., Araújo, L., Guimarães, L. M. S., Alfenas, A. C., & Furtado, G. Q. (2020). Diversity, prevalence and phylogenetic positioning of *Botrytis* species in Brazil. *Fungal Biology*, 124(11), 940-957. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2020.08.002>
- Beever, R. E., & Weeds, P. L. (2007). Taxonomy and genetic variation of *Botrytis* and *Botryotinia*. En *Botrytis: Biology, Pathology and Control* (pp. 29-52). https://doi.org/10.1007/978-1-4020-2626-3_3
- Fernández-Ortuño, D., Grabke, A., Bryson, P. K., Amiri, A., Peres, N. A., & Schnabel, G. (2014). Fungicide resistance profiles in *Botrytis cinerea* from strawberry fields of seven Southern U.S. States. *Plant Disease*, 98(6), 825-833. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-13-0970-RE>
- Gromski, P. S., Muhamadali, H., Ellis, D. I., Xu, Y., Correa, E., Turner, M. L., & Goodacre, R. (2015). A tutorial review: Metabolomics and partial least squares-discriminant analysis - a marriage of convenience or a shotgun wedding. *Analytica Chimica Acta*, 879, 10-23. <https://doi.org/10.1016/j.aca.2015.02.012>
- Li, C., Feng, J., Huang, W. Y., & An, X. T. (2013). Composition of polyphenols and antioxidant activity of rabbiteye blueberry (*Vaccinium ashei*) in Nanjing. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 61(3), 523-531. <https://doi.org/10.1021/jf3046158>

- Pei, Y. G., Tao, Q. J., Zheng, X. J., Li, Y., Sun, X. F., Li, Z. F., Qi, X. B., Xu, J., Zhang, M., Chen, H. B., Chang, X. L., Tang, H. M., Sui, L. Y., & Gong, G. S. (2019). Phenotypic and genetic characterization of *Botrytis cinerea* population from kiwifruit in Sichuan Province, China. *Plant Disease*, 103(4), 748-758. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-18-0707-RE>
- Plesken, C., Weber, R. W. S., Rupp, S., Leroch, M., & Hahn, M. (2015). *Botrytis pseudocinerea* Is a Significant Pathogen of Several Crop Plants but Susceptible to Displacement by Fungicide-Resistant *B. cinerea* Strains. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(20), 7048-7056. <https://doi.org/10.1128/aem.01719-15>
- Saito, S., Margosan, D., Michailides, T. J., & Xiao, C. L. (2016). *Botrytis californica* , a new cryptic species in the *B. cinerea* species complex causing gray mold in blueberries and table grapes . *Mycologia*, 108(2), 330-343. <https://doi.org/10.3852/15-165>
- Staats, M., van Baarlen, P., Schouten, A., van Kan, J. A. L., & Bakker, F. T. (2007). Positive selection in phytotoxic protein-encoding genes of *Botrytis* species. *Fungal Genetics and Biology*, 44(1), 52-63. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2006.07.003>
- van Kan, J. A. L., Duarte, J., Dekkers, E., Dyer, P., & Kohn, L. (2010). The *Botrytis cinerea* mating type loci. In *Book of Abstracts 15th International Botrytis symposium, Cadiz, Spain, 30 May–4 June 2010 (pp. 39)*. <https://edepot.wur.nl/159335>

EPIDEMIOLOGÍA VIRÓMICA Y BACTERIÓMICA EN AJO (*Allium sativum*) CRIOLLO-PUEBLA

Candelario **Ortega-Acosta**¹, Norma **Ávila-Alistac**², Citlalmina Erandy **Montes-Hernández**¹, Daniel L. **Ochoa-Martínez**^{*1}, Gustavo **Mora-Aguilera**¹, Serafín **Cruz-Izquierdo**³, Sergio **Aranda-Ocampo**¹.

¹Postgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, CP. 56264 Texcoco, Estado de México, México. ²Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, Sinaloa. ³Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, CP. 56264 Texcoco, Estado de México, México. *Autor para correspondencia: ldaniel@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El ajo (*Allium sativum*) es un cultivo de gran importancia económica en México cuya producción puede verse afectada por diversos fitopatógenos. En este cultivo se ha reportado a un complejo viral constituido de al menos ocho virus pertenecientes principalmente a los géneros *Potyvirus*, *Carlavirus* y *Allexivirus* (Pérez-Moreno *et al.*, 2010), así como diferentes especies de bacterias de los géneros *Pantoea*, *Bacillus* y *Erwinia* (Navarro-León *et al.*, 2025). Mediante las tecnologías actuales de secuenciación masiva (NovaSeq 6000, Illumina) se ha encontrado que materiales criollos de zanahoria y arroz contienen mayor diversidad de virus que aquellos mejorados genéticamente (Alfenas-Zerbini *et al.*, 2025). El objetivo de esta investigación fue realizar un estudio epidemiológico virómico y determinar el perfil bacteriómico de especies cultivables de bacterias procedentes de bulbos con diferentes grados de pudrición y larvas de insectos asociadas, con el uso de secuenciación masiva en un material criollo de ajo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Establecimiento del experimento. En abril de 2024 se estableció una parcela de ajo criollo-Puebla, en Montecillo, Texcoco, Estado de México, sembrando bulbos a doble hilera, con 0.8 m de separación entre surcos y 0.2 m entre plantas.

Virómica. Se seleccionaron al azar 30 plantas de ajo que mostraban síntomas de amarillamiento, rayado clorótico, curvamiento de hojas, mapeado-bandeado en hoja, necrosis con achaparramiento y la combinación de estos, las cuales fueron evaluadas semanalmente (13 evaluaciones) para registrar el progreso de la severidad de los síntomas. Para conocer posibles variaciones en el viroma

durante el período de estudio, se realizó extracción de ARN total de las plantas en tres fechas (26 de septiembre, 11 de noviembre y 11 de diciembre de 2024) el cual se envió a secuenciación masiva (RNA-seq). Una vez realizado el análisis bioinformático de los datos de RNA-seq, se diseñaron iniciadores específicos para cada virus, con el propósito de corroborar su presencia, así como para analizar de manera individual las 30 plantas muestreadas en cada una de las tres fechas indicadas.

Bacteriómica en bulbos y larvas. El 14 de enero de 2025 se recolectaron nueve bulbos que mostraban síntomas de pudrición, los cuales fueron clasificados en tres niveles de severidad (alta, media y baja). Los tejidos internos de cada bulbo fueron suspendidos en agua destilada estéril durante cinco minutos y posteriormente se realizaron diluciones seriadas hasta 10^{-5} . Los morfotipos de larvas aislados de los bulbos con severidad alta se separaron y se analizaron con dos esquemas; lavado externo e interno. Cada larva se dividió en dos partes: anterior (segmento 1-6) y posterior (segmento 7-12), las cuales se maceraron de manera individual y se rehidrataron con 400 μ L de agua destilada estéril para hacer diluciones seriadas hasta 10^{-4} . Las suspensiones de cada muestra de bulbo y larvas se sembraron en agar nutritivo (tres repeticiones por muestra). Para el análisis bacteriómico se extrajo ADN total con CTAB 2% (Minas *et al.*, 2011) de dos bulbos con severidad baja, dos con severidad alta y dos de larvas de un morfotipo. Estas muestras se enviaron a secuenciación masiva (DNA seq).

Epidemiología. Para registrar el progreso temporal de intensidad de síntomas, cada semana se evaluaron sistemáticamente (1x3) 25 plantas en ocho surcos (200 plantas en total) con la aplicación App Explora (CP-LANREF, 2024; sin publicar) en la que se configuró la siguiente escala nominal: 0= asintomático, 1= rayado fino, 2= rayado bandeado mapeado, 3= enchinamiento, 4= enchinamiento con necrosis severa + achaparramiento y 5= presencia de dos o más de los síntomas anteriores. Adicionalmente, se realizó un muestreo sistemático espacial (1x4) en 48/200 plantas, en las que se determinó la presencia viral por RT-PCR del total de virus encontrados en el análisis virómico. Por otro lado, se registró semanalmente la presencia de insectos en la parcela colocando cinco trampas pegajosas color azul y cinco trampas amarillas con agua tipo Moericke, distribuidas en los cuatro puntos cardinales y una en el centro de la parcela. Los insectos recolectados de las trampas amarillas se colocaron en alcohol 70% mientras que las trampas pegajosas se mantuvieron en refrigeración para su posterior conteo. Para conocer los virus presentes en áfidos y su correlación con los virus presentes en las plantas, se realizó extracción de

RNA total de dos muestras compuestas de estos insectos recolectados en noviembre y diciembre se enviaron a secuenciación masiva (RNA-seq). Con los datos obtenidos se realizaron mapas geoestadísticos de severidad, índices relativos de carga viral y de prevalencia de los virus encontrados, así como curvas temporales de severidad empleando los programas Surfer v. 11.0, Gim v. 3.0 y R-studio para los análisis temporales y espaciales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los análisis virómicos se detectaron ocho virus (**Cuadro 1**), de los cuales se reporta por primera vez a nivel mundial a *Curtovirus betae* y *Polerovirus TUYV*, asociados al ajo. Asimismo, se encontró que *Potyvirus cepae*, *Potyvirus ampeloprasii*, *Carlavirus latensascalonic*, *Carlavirus latensallii*, *Curtovirus betae* y Garlic yellow mosaic-associated virus (*Betaflexiviridae*), fueron los más prevalentes siendo detectados en las tres fechas de muestreo; *Polerovirus TUYV* se detectó únicamente en la segunda fecha al igual que *Allexivirus deltallii*, este último en una de 20 plantas muestreadas. Los virus con la mayor distribución espacial fueron *Potyvirus cepae* y *Carlavirus latensascalonic* (100 y 95%, respectivamente), encontrándose de manera homogénea en toda la parcela. Asimismo, se registró un gran número de plantas con infección mixta (de dos a seis virus por planta) (**Figura 1**) observándose una mayor severidad de síntomas en plantas con la presencia de más virus. Estos resultados sugieren que la principal vía de dispersión de estos virus en la parcela se debe a su presencia en los bulbos.

También, en bulbos con pudrición de severidad alta, predominaron bacterias de los géneros *Microbacterium*, *Pseudomonas*, *Pantoea* y *Rahnella*; mientras que en bulbos con severidad baja a *Microbacterium*, *Pseudomonas*, *Ralstonia* y *Sphingomonas*. En el perfil bacteriómico de larvas, las bacterias más predominantes fueron de los géneros *Comamonas*, *Pseudomonas*, *Kluyvera* y *Aeromonas*. Estos resultados sugieren que las bacterias del género *Pseudomonas* se encuentran más asociadas con la pudrición de bulbo, por lo que se realizarán pruebas de patogenicidad.

Cuadro 1. Especies de virus detectados por secuenciación masiva en ajo criollo-Puebla, Montecillo, Texcoco, Estado de México, 2024.

Especie (nombre común)	% de similitud con aislados del GenBank	Longitud del “contig” ensamblado	Longitud del genoma viral en el GenBank	Hospedante reportado asociado a la secuencia
<i>Potyvirus cepae</i> (virus del enanismo amarillo de la cebolla)	96	§10,515	§10,514	<i>Allium sativum</i>
<i>Potyvirus ampeloprasi</i> (virus del bandeado amarillo del poro)	95	9,923	10,364	<i>Allium sativum</i>
<i>Carlavirus latensallii</i> (virus latente común del ajo)	98	8,056	8,614	<i>Allium sativum</i>
Garlic yellow mosaic-associated virus (<i>Betaflexiviridae</i>)	89	8,248	8,209	<i>Allium sativum</i>
<i>Carlavirus latensascalonic</i> (virus latente del chalote)	97	4,910	8,361	<i>Allium sativum</i>
<i>Curtovirus betae</i> (virus del enchinamiento apical de la remolacha)	97	2,854	2,955	<i>Capsicum annuum</i>
<i>Allexivirus deltallii</i> (virus D del ajo)	97	8,412	8,420	<i>Allium sativum</i>
<i>Polerovirus TUYV</i> (virus del amarillamiento del nabo)	96	2,572	5,200	<i>Cicer arietinum</i>

§Número de nucleótidos

Para el caso de insectos, se registraron tres picos poblacionales recolectados en trampas de agua: 7 de octubre, 11 de noviembre y 9 de diciembre. Actualmente, los insectos están en proceso de identificación y análisis para conocer los virus asociados a áfidos y al cultivo de ajo.

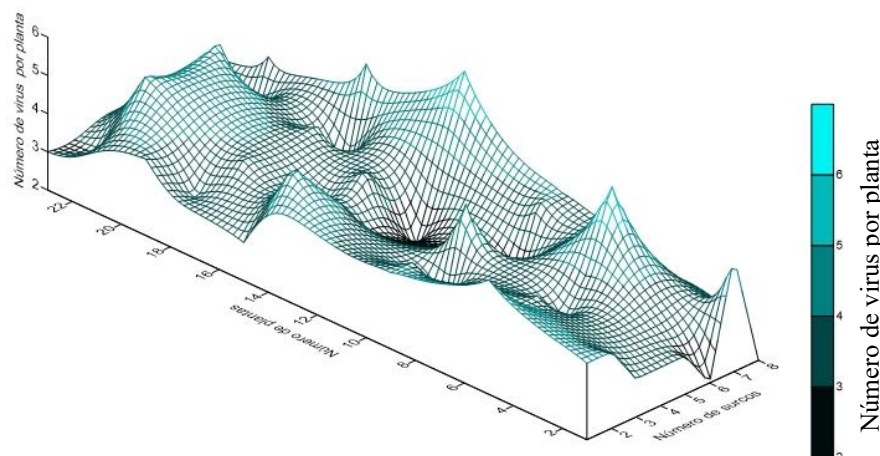


Figura 1. Mapa de distribución espacial de ocho virus en 48 plantas de una plantación de ajo criollo-Puebla.

AGRADECIMIENTOS: Al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología, por la beca otorgada al primer autor. Al Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, por el apoyo de infraestructura y financiamiento. Al equipo CP-LANREF por el soporte técnico y financiero para el desarrollo de esta investigación.

LITERATURA CITADA

- Alfenas-Zerbini P, Emerson JB, Massart S, Mauck KE, Nouri S, Whitfield AE. 2025. The Phytovirome. *Phytobiomes J.* 9, 5–7. <https://doi.org/10.1094/PBIOMES-03-25-0024-FI>
- Minas K, McEwan N, Newbold C, Scott K. 2011. Optimization of a high-throughput CTAB-based protocol for the extraction of qPCR-grade DNA from rumen fluid, plant and bacterial pure cultures. *FEMS Microbiol Lett.* 325(2):162–169
- Navarro-León MJ, Raya-Pérez JC, Aguirre-Mancilla CL, Covarrubias-Prieto J, Pérez-Moreno L, Ramírez-Pimentel JG. 2025. Identificación de bacterias asociadas a síntomas en follaje de ajo en dos localidades de Guanajuato. *Rev Mex Cienc Agríc.* 16:e3382. <https://doi.org/10.29312/remexca.v16i1.3382>
- Pérez-Moreno L, Navarro-León MJ, Ramírez-Malagón R, Mendoza-Celedón B. 2010. Impact and Identification of Phytopathogenic Viruses on Yield and Quality of Garlic (*Allium sativum* L) in the State of Guanajuato, Mexico. *Rev Mex Fitopatol.* 28:97–110

DESARROLLO DE FRUTOS EN ÁRBOLES DE AGUACATE INFECTADOS CON *Awsunviroid albamaculaperseae* TRATADOS CON BIOESTIMULANTES

Adelaida Stephany **Hernández-Valencia**¹, Daniel Leobardo **Ochoa-Martínez**^{1*}, Reyna Isabel **Roja-Martínez**¹,
Sergio **Aranda-Ocampo**¹ y Luis Mario **Tapia-Vargas**²

¹ Colegio de Postgraduados, Fitosanidad-Fitopatología, Carretera Mexico-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, CP. 56264 Texcoco, Estado de México, México. ²Campo Experimental Uruapan-INIFAP. Av. Latinoamericana 1101, Uruapan, Michoacán 60150. México. Tel. (452) 5237392. Fax: (452) 524-4095.

*Autor para correspondencia ldaniel@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Michoacán es el principal productor y exportador mundial de aguacate, con 1,775,289 toneladas anuales enviadas a 34 países. Este cultivo se ve afectado por el viroide *Awsunviroid albamaculaperseae* (ASBVd), causante de la "mancha de sol". Este patógeno, el más pequeño conocido, es un ARN monocatenario circular que se replica en los cloroplastos y no tiene cubierta proteica (Joubert *et al.*, 2024). Presente en múltiples países, provoca clorosis en frutos, hojas y tallos, reduciendo el rendimiento. En México, la incidencia varía del 4.5 al 16% (árboles con síntomas y asintomáticos), lo que hace inviable su erradicación (Beltrán, 2014). Como alternativas de manejo, se proponen inductores, bioestimulantes y elicitores de resistencia sistémica. Los inductores son moléculas exógenas que activan las defensas en la planta (Schreiber y Desveaux, 2008), mientras que los bioestimulantes mejoran la productividad y la tolerancia al estrés (ej. extractos de algas, ácidos húmicos) (Du Jardin, 2019). Por otra parte, los elicitores inducen respuestas de defensa, como la producción de fitoalexinas (García *et al.*, 2018); ejemplos de estos últimos son algunos elementos como el Ca (calcio) y el Si (silicio) (Zehra *et al.*, 2021). Comercialmente en el país existe un producto denominado Virablock 3G-50® recomendado para el manejo de virosis que combina terpenoides, alcaloides y polifenoles como inductores de resistencia, junto con nutrientes (K, Ca, S, Cu y B) para mejorar la calidad del fruto. El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de *Virablock 3G-50®* y los nutrientes mencionados en el contenido de clorofila, el desarrollo y el número de frutos en árboles de aguacate infectados con *A. albamaculaperseae*.

MATERIALES Y MÉTODOS

El experimento se realizó de agosto de 2023 a julio de 2024 en un huerto de aguacate ‘Hass’ de 12 años de edad, injertado sobre portainjertos criollos mexicanos, ubicado en el municipio de Tancítaro, Michoacán (19° 25’ 57.56” N, 102° 37’ 68.87” O), a 1580 msnm. Se seleccionaron 22 árboles: 14 mostraban síntomas característicos de la mancha de sol, consistentes en lesiones hundidas de color amarillo a rojo (en frutos en madurez de consumo), bandas amarillas en ramas y mosaicos en hojas; los 8 árboles restantes eran asintomáticos.

Detección del viroide. De cada uno de los 22 árboles se extrajeron ácidos nucleicos totales con CTAB al 2% y NaCl 5 M, pH 5.2, cuya concentración y pureza se determinaron en un Nanodrop®. Se diseñaron los iniciadores FAa (5’-TCTGTTCCGACTTTCCGACT-3’) y RAa (5’ CCTGGTTTCGTCAAAC AAAG-3’), que amplifican todo el genoma del viroide (249 pb). El amplicón obtenido se visualizó en un gel de agarosa al 1.5%, teñido con bromuro de etidio, en un fotodocumentador (Quantum®) y fue secuenciado (Macrogen Inc. En Corea).

Tratamientos. Se evaluaron tres tratamientos en un diseño completamente al azar: a) Árboles sanos (S), b) Árboles enfermos (E), y c) Árboles enfermos tratados con un bioestimulante (E+Be). a los árboles del tratamiento E+Be se les aplicó mensualmente Virablock 3G-50® combinado con K, Ca, S, Cu y B; las aplicaciones se realizaron con una aspersora manual Swissmex 425® de 20 L, asperjando cada árbol hasta el punto de goteo. A los tratamientos E y S no se les aplicó ningún producto.

Variables evaluadas. En campo se registró mensualmente durante un año la longitud y el diámetro ecuatorial del fruto con un vernier digital Insize® mod. 1108-150 (cuatro frutos por árbol) así como el contenido de clorofila en ocho hojas por árbol con un equipo atLEAF®, cuyas lecturas se convirtieron a unidades SPAD. Por otra parte, se seleccionaron aleatoriamente ocho frutos por árbol de cada uno de los tratamientos y se determinó lo siguiente: a) peso de fruto con una báscula electrónica OHAUS®; b) diámetro ecuatorial y longitud con un vernier digital Insize®; c) firmeza con penetrómetro analógico Wagner® a los siete días poscosecha; d) madurez determinando el porcentaje de materia seca con el procedimiento que se describe a continuación: de cada fruto se retiró la epidermis, se ralló la pulpa y se pesaron 10 g, los cuales se secaron en horno a 70 °C durante 48 h hasta peso constante. El porcentaje se calculó como: Materia seca (%) = (peso de la pulpa seca/peso de la pulpa fresca) x100.

Análisis de datos. Los datos se analizaron bajo un esquema bifactorial (fecha × tratamiento) haciendo un análisis de varianza y posterior comparación de medias con la prueba de Tukey ($*p* \leq 0.05$). utilizando el paquete SAS® v. 9.0.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Longitud y diámetro de fruto. El crecimiento en longitud y diámetro del fruto es una fase fisiológica normal en árboles sanos que se redujo debido a la infección por *Avsunviroid albamaculapersea*.. El tratamiento E+Be mostró un incremento del 71.30% en el valor de estas variables en comparación al testigo S, superando en 11.58% al tratamiento E (59.72%)(Figura 1). Se sabe que los bioestimulantes, debido a sus propiedades bioactivas, impulsan el crecimiento y desarrollo de las plantas en condiciones de estrés (Shahrajabian *et al.*, 2024).

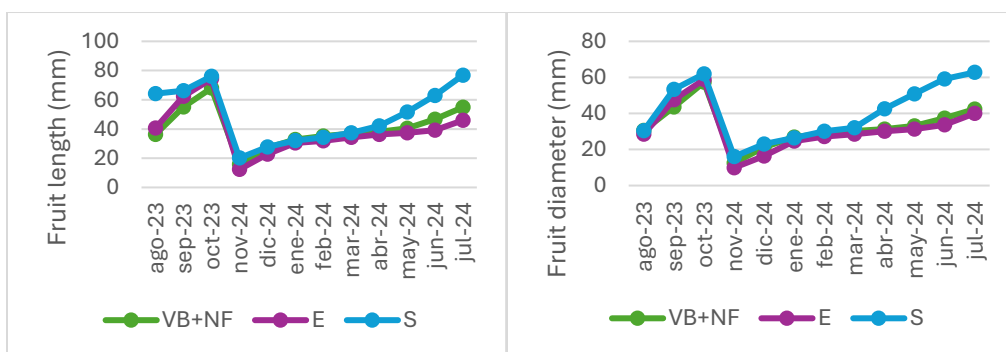


Figura 1. Longitud y diámetro de frutos de aguacate var. ‘Hass ‘en árboles sanos e infectados con el *A. albamaculapersea*: E+Be: árboles infectados + bioestimulante + nutrimentos; S: árboles sanos; E: árboles infectados.

Los mecanismos de acción reales de los bioestimulantes sobre las enfermedades parecen ser el resultado de la sinergia entre los diversos compuestos bioactivos en las materias primas, sin embargo, se pueden esperar resultados diferentes dependiendo del cultivo y condiciones presentes (Xu & Mou, 2018). Más que eliminar al viroide, se buscaba reducir el daño provocado por la infección. Los viroides son muy resistentes a la degradación debido a su estructura autocomplementaria similar a un bastón y al ARN circular cerrado covalentemente que forma una estructura secundaria muy estable. Esta característica les ha conferido ventajas selectivas para sobrevivir durante la evolución (Mölling & Broecker, 2021).

Clorofila. La clorofila presentó una fluctuación variable a lo largo del período de evaluación, y en algunos meses el tratamiento E+Be fuera estadísticamente superior al

tratamiento S. Comparando la primera y la última lectura correspondientes al inicio y término de las aplicaciones del bioestimulante, respectivamente, el tratamiento S aumentó en un 80,55%, el tratamiento E en un 22,38% y el tratamiento E+Be en un 2,61%. La clorofila es un pigmento cuya síntesis requiere una alta demanda de energía, principalmente por su alto contenido de nitrógeno (N). La naturaleza sésil de las plantas genera competencia por la luz y los nutrientes para asegurar el éxito reproductivo (Vojtech *et al.*, 2007).

Variables de postcosecha. El peso de los frutos del tratamiento E+Be fue estadísticamente menor (25,96%) en comparación con los tratamientos S y E. En cuanto a la firmeza del fruto, el tratamiento S fue estadísticamente superior, (27,75%) que el tratamiento E y E+Be (28,7%). Respecto al porcentaje de materia seca, el tratamiento S fue significativamente menor que los tratamientos E (37,18% menos) y E+Be (37,53%). Estos resultados reflejan un desfase fenológico entre los árboles infectados y los árboles sanos. Aunque el tratamiento E+Be no igualó en peso al tratamiento S, mostró un proceso de maduración más acelerado, lo que se tradujo en menor firmeza y mayor contenido de materia seca, superando el 24% requerido por la APEAM para productores y empacadores.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada para el financiamiento de este proyecto de investigación.

LITERATURA CITADA

- Beltrán PH, Soria RJ, Téliz OD, Ochoa MDL, Nava DC, Ochoa A S. 2014. Detección satelital y molecular del viroide de la mancha de sol del aguacate (*Avocado Sunblotch Viroid*, ASBVd). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 37 (1): 21–29.
- Du Jardin P. 2019. ¿Cómo actúan los bioestimulantes para plantas? *Phytoma España: La Revista Profesional de Sanidad Vegetal*, 313: 18–19.
- García EL, Robledo O A, Benavides MA, Solís G S, González M S. 2018. Efecto de elicitors de origen natural sobre plantas de tomate sometidas a estrés biótico. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9 (20): 4212–4221. <https://doi.org/10.29312/remexca.v0i20.991>
- Joubert M, Van den Berg N, Theron J, Swart V. 2024. Global transcriptomic analysis in avocado nursery trees reveals differential gene expression during asymptomatic infection by

Avocado sunblotch viroid (ASBVd). *Virus Research*, 339: 199263. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2023.199263>

Moelling K, Broecker F. 2021. Viroids and the origin of life. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(7): 1-13. <https://doi.org/10.3390/ijms22073476>

Shahrajabian MH, Sun W. 2024. Mechanism of action of collagen and epidermal growth factor: A review on theory and research methods. *Mini Reviews in Medicinal Chemistry*, 24 (4): 453–477. <https://doi.org/10.2174/1389557523666230816093034>

Vojtech E, Turnbull L A, Hector A. 2007. Differences in light interception in grass monocultures predict short-term competitive outcomes under productive conditions. *PLoS ONE*, 2 (5): e499. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000499>

Xu C, Mou B. 2018. Chitosan as soil amendment affects lettuce growth, photochemical efficiency, and gas exchange. *HortTechnology*, 28 (4): 476–480. <https://doi.org/10.21273/HORTTECH04032-18>

Zehra A, Raytekar N A, Meena M, Swapnil P. 2021. Efficiency of microbial bio-agents as elicitors in plant defense mechanism under biotic stress: A review. *Current Research in Microbial Sciences*, 2: 1-14. <https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2021.100054>

ETIOLOGÍA DE ENFERMEDADES E INSECTOS ASOCIADOS AL CULTIVO DE PITAHAYA (*Hylocereus* spp. (Caryophyllales: Cactaceae)) EN EL ESTADO DE PUEBLA, MÉXICO

Edith Luna-Martínez¹, Sergio Aranda-Ocampo^{1*}, Dimas Mejía-Sánchez², Manuel Livera-Muñoz³, Daniel Teliz-Ortiz¹, José Antonio Mora-Aguilera¹, Laura Delia Ortega-Arenas⁴

¹Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Postgrado Fitosanidad-Fitopatología. Km. 36.5 Carretera México- Texcoco, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56230. ²Universidad Autónoma Chapingo. Departamento de Parasitología Agrícola. Km. 38.5 Carretera México-Texcoco, Chapingo, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56230. ³Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Postgrado en Recursos Genéticos y Productividad (PREGEP)-Genética. ⁴Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Postgrado Fitosanidad-Entomología. Autor para correspondencia: *saranda@colpos.mx.

INTRODUCCIÓN

La pitahaya, también conocida como fruta del dragón, es originaria de Centro y Sudamérica. En América se cultiva en Nicaragua, Colombia, México y Guatemala; no obstante, por su valor nutritivo su cultivo se ha extendido a Israel, Vietnam, China, India e Indonesia (Balendres & Bengoa, 2019). En México, los principales estados productores de este fruto son Quintana Roo, Yucatán, Puebla, Aguascalientes y Tabasco (SIAP, 2022). Actualmente, las enfermedades amenazan la producción de pitahaya; a nivel mundial, se han identificado 17 géneros y 25 especies de patógenos que afectan flores, frutos y tallos en diferentes materiales genéticos de pitahaya; la mayoría de estas enfermedades son causadas por hongos y bacterias (Balendres & Bengoa, 2019). En México, en los últimos 23 años, en el cultivo de pitahaya únicamente se han identificado dos enterobacterias asociadas con la pudrición del tallo y al hongo *Botryosphaeria dothidea* como agente causal de manchas en los tallos en el estado de Yucatán (Valencia-Botín *et al.*, 2003). Desde entonces, no existe otra información acerca de las principales enfermedades que afectan la producción de pitahaya en México. En el estado de Puebla, en los últimos años, se ha incrementado la incidencia de plantas cultivadas de pitahaya con síntomas de pudriciones y manchas negras en los tallos. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue identificar y caracterizar los patógenos putativos que causan los síntomas de pudrición y mancha negra de tallo observados en campo en el estado de Puebla, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio: Durante el ciclo de producción de 2023, en huertos comerciales de Huitziltepec y Chilac en el estado de Puebla se realizaron tres muestreos: mayo-junio, julio-agosto y septiembre-octubre, que incluyeron diferentes etapas fenológicas del cultivo de pitahaya. Se colectaron tallos con síntomas de pudrición, necrosis y flores abiertas con insectos.

Aislamiento: En el laboratorio se clasificaron los síntomas en pudrición y manchas negras en tallo. Del tejido con ambos síntomas, se cortó aproximadamente 1 cm² de tejido de la zona de transición entre tejido sano y enfermo. Los trozos de tejido se desinfestaron con hipoclorito de sodio (1%) y sembraron en los medios de cultivo PDA, BK, R2A y CPV. Después, se incubaron a 28 °C para propiciar el desarrollo de hongos, y a 4 y 28 °C para bacterias durante diez y tres días respectivamente. Las bacterias y hongos aislados se preservaron en glicerol al 30%.

Pruebas de patogenicidad: Las bacterias aisladas se inocularon por herida e infiltración en rodajas y tallos de pitahaya sanas, agave y sábila, con 10 µL de una suspensión bacteriana a una concentración de 10⁸ ufc mL⁻¹. Asimismo, los aislamientos fúngicos se asperjaron sobre tallos de pitahayas sanas con y sin herida con una suspensión con 10⁵ conidios mL⁻¹. En los tratamientos testigo se utilizó la misma cantidad de agua destilada estéril en lugar del inóculo bacteriano y fungoso. Los cladodios inoculados se mantuvieron en cámara húmeda (humedad relativa > 90%) y temperatura constante de 25 °C.

Caracterización: Los métodos microbiológicos para identificar y caracterizar fitopatógenos incluyen morfología del aislamiento y estructuras de reproducción, características fisiológicas y bioquímicas, así como técnicas apropiadas de inoculación, para determinar la patogenicidad. La caracterización de los aislados bacterianos se llevó a cabo mediante métodos estándar que incluyeron reacción de Gram, hidrólisis de esculina, oxidación y/o fermentación de glucosa, producción de pigmentos fluorescentes en medio KB, hidrólisis de gelatina, y actividad de oxidasa y catalasa, reacción de hipersensibilidad en tabaco y actividad pectinolítica en rodajas de papa. Los hongos se crecieron en PDA a 25 °C durante 7 días para medir la tasa de crecimiento diaria y características morfológicas de la colonia, pigmentación de la colonia en adverso y reverso de la caja de Petri y tipo de micelio. Para las observaciones microscópicas, los aislados fungosos se cultivaron en SNA (agar sintético pobre en nutrientes) y se incubaron a 25 °C en oscuridad. Las estructuras fúngicas se observaron y fotografiaron con un microscopio Primo Star (ZEISS) y una cámara digital (AmScope).

Identificación molecular: La identificación de género y especie de los aislamientos bacterianos y fungos se realizó por PCR. La extracción de DNA genómico se llevó a cabo mediante el método CTAB 2 %. Los aislados bacterianos se sometieron a un análisis de secuencia multilocus (MLSA) con cuatro genes constitutivos (*rpoB*, *gyrB*, *leuS*, y *fusA*) y condiciones de PCR descrito por De Armas *et al.* (2022); asimismo, para los hongos aislados se secuenciaron los genes ITS y los genes parciales *gapdh*, *act*, *tub2*, *rpb2*, EF-1 α y LSU (Manamgoda *et al.*, 2012). Para algunos aislamientos de *Pantoea*, se utilizaron los iniciadores HiVir2p_F/HiVir2p_R para detectar la presencia de los genes biosintéticos HiVir, que están asociados con la patogenicidad (Polidore *et al.*, 2021).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvieron ocho morfotipos de bacterias de los tallos con síntoma de pudrición. Entre estas, la cepa 2-3TH que mostró colonias amarillas opaco, de consistencia mucoide en medio agar nutritivo, Gram negativa, reprodujo el síntoma de pudrición en tallo en las pruebas de patogenicidad. En 2003, Valencia-Botín *et al.* concluyeron que al menos dos enterobacterias estaban involucradas en la pudrición de tallo de la pitahaya; no obstante, la identificaron de los agentes causales no fue precisa.

El análisis molecular mostró que la cepa bacteriana 2-3TH pertenece al género *Pantoea*. Las especies de *Pantoea* han emergido en los últimos años como importantes fitopatógenos en la agricultura. La patogenicidad en algunas especies de este género se ha asociado al grupo de genes biosintéticos HiVir (Polidore *et al.*, 2021), que produce pantafos, una toxina de fosfanato que induce necrosis; estos genes se han detectado en aislamientos de *Pantoea* que causan la podredumbre en cebolla. En particular, los genes HiVir se han identificado en la cepa *P. vagans* GM1 que induce pudrición en la cebolla (Shin *et al.*, 2025). En esta investigación, el análisis multilocus con los genes *rpoB*, *gyrB*, *leuS* y *fusA* fue concluyente al identificar a la cepa 2-3TH como *P. vagans* y agente causal de la pudrición del tallo de pitahaya en el estado de Puebla, México. En México, *P. vagans* se ha aislado de flores de dalia (*Dahlia* sp.) y agave (*Agave angustifolia*) con síntomas de pudrición (Lara-Cortés *et al.*, 2019; Rodríguez-Velázquez 2024).

Los hongos reprodujeron síntomas de mancha negra similares a los observados en campo. La caracterización morfológica y microscópica permitió asociar los síntomas de antracnosis con el género *Colletotrichum*, manchas oscuras con *Bipolaris* y lesiones rojizas en los frutos con *Alternaria*. Mediante el análisis filogenético basado en secuencias de múltiples genes (*gapdh*, *act*,

tub2, *rpb2*, *ef-1α* y LSU), se identificaron las especies de hongos *Colletotrichum karstii*, *Biopolaris cactivora* y *Alternaria alternata* como agentes causales de enfermedades en el cultivo de la pitahaya. La antracnosis en pitahaya se ha asociado con seis especies de *Colletotrichum* en todo el mundo: *C. aenigma*, *C. gloeosporioides*, *C. siamense*, *C. tropicale*, *C. truncatum* (Hilma-dos Santos *et al.*, 2025) y *C. karstii* (Nascimento *et al.*, 2019). En esta investigación se identificó a *Biopolaris cactivora* como agente causal de la necrosis del tallo de la pitahaya en el estado de Puebla. *B. cactivora* se ha reportado causando necrosis en plantaciones de cactus; mientras en China y Florida se ha reportado causando pudrición de flores y frutos de pitahaya (Tarnowski *et al.*, 2010; Qiu *et al.*, 2021). *A. alternata*, es un importante fitopatógeno y toxigénico en la fruta (Vilaplana *et al.*, 2017).

AGRADECIMIENTOS

Agradecimientos a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por la beca otorgada y por financiar la investigación, así como a los productores por su apoyo en la toma de muestras dentro de sus parcelas.

LITERATURA CITADA

- Balendres MA, Bengoa JC. 2019. Diseases of dragon fruit (*Hylocereus* spp.): Etiology and current management options. *Crop protection*, 126, 104920.
- De Armas S, Galván GA, Lapaz MI, González-Barrios P, Vicente E, Pianzzola MJ, Siri MI. 2022. Phylogeny and Identification of *Pantoea* Species Associated with Bulb Rot and Bacterial Leaf Blight of Onion Crops in Uruguay. *Plant Disease*, 106(4), 1216-1225.
- Hilma-dos Santos MH, de Oliveira-Costa JF, da Silva-França KR, dos Santos T F, de Medeiros-Ferro MM, de Melo MP, *et al.* 2025. Characterization and pathogenicity of *Colletotrichum* species causing anthracnose on pitaya (*Hylocereus* spp.) in Brazil. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 138, 102657.
- Lara-Cortés E, Bautista-Baños S, Barrera-Necha LL, *et al.* 2019. Detección e identificación molecular de *Pantoea vagans* en flores de *Dahlia* sp. *TIP Rev Esp Cienc Quim Biol*. 2019;22(1):1-8.
- Manamgoda DS, Cai L, McKenzie EH, Crous PW, Madrid H, Chukeatirote E, Hyde KD. 2012. A phylogenetic and taxonomic re-evaluation of the *Biopolaris-Cochliobolus-Curvularia* complex. *Fungal diversity*, 56(1), 131-144.

- Nascimento MB, Bellé C, Azambuja RM, Maich SLP, Neves CG, Souza-Junior IT, *et al.* 2019. First report of *Colletotrichum karstii* causing anthracnose spot on pitaya (*Hylocereus undatus*) in Brazil. Plant Disease, 103(8), 2137.
- Polidore AL, Furiassi L, Hergenrother PJ, Metcalf WW. 2021. A phosphonate natural product made by *Pantoea ananatis* is necessary and sufficient for the hallmark lesions of onion center rot. MBio, 12(1), 10-1128.
- Qiu F, Yang J, Li X, Xie C, Li J, Zheng FQ. 2021. First Report of *Bipolaris cactivora* Causing Flower Rot of Pitaya (*Hylocereus costaricensis*) in China. Plant Disease, 105(4).
- Rodríguez-Velázquez ND, Pérez-Pérez GO, Vergara-Arellano G, Estrada-de los Santos P, Mendoza-Figueroa JS, Chavez-Ramirez B. 2024. *Pantoea vagans* causing soft rot disease in *Agave angustifolia*, in Mexico. Journal of Phytopathology, 172(1).
- Shin GY, Kvitko BH. 2025. Complete genome sequences of *Pantoea vagans* strains GM1 and GM2, isolated from the leaves of garlic mustard. Microbiology resource announcements, 14(1), e0094324. <https://doi.org/10.1128/mra.00943-24>
- SIAP. Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera. 2022. Base de datos en línea (Consulta: 04 de junio del 2024).
- Tarnowski TLB, Palmateer AJ, Crane JH. 2010. First report of fruit rot on *Hylocereus undatus* caused by *Bipolaris cactivora* in South Florida. Plant Disease, 94(12), 1506-1506.
- Valencia-Botín AJ, Cruz-Hernández P, Rodríguez-Canto A. 2003. Avances en la etiología y manejo de la pudrición blanda de tallos de pitahaya, *Hylocereus undatus* H. (Cactaceae). Fitosanidad, 7(2),11-17.
- Vilaplana R, Páez D, Valencia-Chamorro S. 2017. Control of black rot caused by *Alternaria alternata* in yellow pitahaya (*Selenicereus megalanthus*) through hot water dips. LWT-Food Science and Technology, 82, 162-169.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO, PATOGENICIDAD Y SENSIBILIDAD A FUNGICIDAS DE *Fusarium* sp., Y COINFECCIÓN CON *Neopestalotiopsis* sp. y *Macrophomina* sp. EN FRESA (*Fragaria* × *ananassa*, ROSALES: ROSACEAE)

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

¹Posgrado Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo Texcoco Estado de México, México. C. P. 56264. ²Posgrado Recursos Genéticos y Productividad-Producción de Semillas. Colegio de Postgraduados. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo Texcoco Estado de México, México. C. P. 56264. ³Universidad Autónoma Chapingo. Centro Regional Universitario Centro Occidente. Periférico Paseo de la Republica 1000, Morelia Michoacán, México. C. P. 58170.

*Autor para correspondencia: aguilera@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La fresa (*Fragaria* × *ananassa*) es una de las berries más importantes a nivel mundial por su valor económico y alto contenido de antioxidantes como antocianinas y elagitaninos. Su demanda ha incrementado la producción global, liderada por China, EE.UU., España y México. Sin embargo, su rendimiento es afectado por un complejo de hongos constituido por *Fusarium*, *Neopestalotiopsis*, *Macrophomina*, *Colletotrichum*, *Phytophthora* y *Pythium*, entre otros, que causa pudrición de raíz y corona (Koike y Gordon, 2015; Marin *et al.*, 2018). En México, *N. rosae* se reportó recientemente con alta relevancia fitopatológica y ha sido identificado con bases moleculares sólidas (Rebollar-Alviter *et al.*, 2020). Otros géneros reportados incluyen *Fusarium*, *Verticillium*, *Rhizoctonia* y *Colletotrichum*, (Ceja-Torres *et al.*, 2008; Mariscal-Amaro *et al.*, 2017), con limitaciones metodológicas asociadas a su identificación molecular, pues esta se ha basado en la secuenciación de la región ITS, insuficiente para delimitar especies complejas (Burkhardt *et al.*, 2019). Estudios previos realizados en distintas regiones freseras de México (datos propios, no publicados) revelaron que *Fusarium*, *Neopestalotiopsis* y *Macrophomina* son los géneros más frecuentes en raíz y corona. En algunos sistemas de producción *Fusarium* spp., ha mostrado indicios de resistencia a estrobilurinas, lo cual requiere de un análisis experimental profundo para fundamentar este supuesto. Variedades como ‘San Andreas’ y ‘Frontera’ presentan mayor susceptibilidad lo que subraya la necesidad de actualizar el conocimiento, sobre su

distribución y diversidad nacional especialmente ante los cambios de variedades cultivadas, condiciones climáticas y prácticas de manejo. Aunque, *Macrophomina* ha sido poco documentada en México, su frecuencia consistente de aislamiento justifica su inclusión en esta investigación. Por su alta prevalencia, el enfoque de esta investigación hace énfasis en el estudio de *Fusarium* debido a su alta prevalencia, por lo que se plantea su caracterización cultural y molecular multilocus (ITS, **tef1**, **all**, **CaM** y **rpb1**,) para identificar especies, analizar su diversidad genética, endemismo, prevalencia e interacciones, que pueden modificar la severidad de la marchitez. Esta investigación tiene como objetivos: a) analizar la relevancia sanitaria de *Fusarium* spp., mediante verificación cultural y molecular, distribución regional, filogenia, sensibilidad a fungicidas y patogenicidad, b) evaluar la coinfección de *Fusarium* spp., con *Neopestalotiopsis* y *Macrophomina* en invernadero, y c) desarrollar una estrategia de manejo basada en tolerancia varietal y efectividad de fungicidas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Recolección y aislamiento de muestras. Se recolectaron plantas de fresa con y sin síntomas de pudrición de raíz y corona en Michoacán, Guanajuato y Jalisco. Los tejidos con síntomas se desinfestaron con NaClO 2% (3 min), enjuagaron con agua estéril e incubaron a 23 ± 2 °C en cajas Petri con medio de cultivo papa-dextrosa-agar (PDA, Bioxón) adicionado con ácido láctico al 0.05%. Los bordes fúngicos se transfirieron a PDA para su aislamiento. Se incluirán también zonas de cultivo de Baja California, Puebla y Estado de México.

Obtención de aislamientos monoconidiales. Se obtuvieron aislamientos monoconidiales de *Fusarium* sp. y *Neopestalotiopsis* sp. mediante dilución seriada (10^{-1}) en agua destilada estéril, colocando gotas en placas con agar. Después de 12 h, se seleccionaron conidios germinados bajo microscopio y transfirieron a medio PDA. Para *Macrophomina* sp., los aislamientos se obtuvieron por cortes de punta de hifa en el mismo medio.

Caracterización morfológica, cultural y morfométrica de *Fusarium* sp. *Neopestalotiopsis* sp. y *Macrophomina* sp. Un total de 271 cepas de *Fusarium* sp., se caracterizaron por su tasa de crecimiento radial en medio PDA, incubadas a 28 °C y fotoperiodo 12 h luz/oscuridad. Se registraron características morfológicas y pigmentación según Rayner

(McKnight, 1972). La caracterización conidial de *Neopestalotiopsis* spp. y *Fusarium* spp. *Macrophomina* spp. se realizará empleando medios específicos para análisis conidial.

Patogenicidad de *Fusarium* sp., *Macrophomina* sp., *Neopestalotiopsis* sp., y coinfección. Se inocularán plantas sanas del cv. ‘Frontera’ en invernadero para selección de cepas representativas por severidad. El inóculo, obtenido de cultivos monoconidiales en PDA, se incrementará en arroz (*Fusarium* y *Macrophomina*) y trigo (*Neopestalotiopsis*) (Acosta-González *et al.*, 2022). Se usará una densidad de 1×10^6 conidios/mL e inocularán 10 plantas por cepa (1 mes de edad de la planta) con 60 mL vía drench. Se evaluará la incidencia, severidad y mortalidad.

Susceptibilidad de variedades de fresa a *Fusarium* sp. Se evaluará la respuesta sanitaria de dos variedades de fresa (‘San Andreas’ y ‘Frontera’) con el aislamiento más virulento de *Fusarium* sp. Se determinará el periodo de incubación, periodo de latencia, incidencia, severidad y mortalidad.

Caracterización molecular y análisis bioinformático. Se extraerá ADN de *Fusarium* spp., por el método CTAB al 2% (Doyle y Doyle, 1990). Se amplificarán por PCR la región ITS, y los genes **tef1**, **all**, **CaM** y **rpb1**, y los productos se secuenciarán en Macrogen (Macrogen, EUA). Se realizará un análisis filogenético.

Sensibilidad de *Fusarium* sp., a fungicidas. Las pruebas se realizarán en medio PDA modificado con 0,001, 0,01, 0,1, 1,10 y 100 $\mu\text{g ml}^{-1}$ del ingrediente activo del fungicida (por definir). Se utilizará un diseño completamente al azar con cuatro repeticiones y el experimento se replicará tres veces. Se determinará el porcentaje de crecimiento relativo y la concentración efectiva 50 (DE₅₀).

Material vegetal, incremento de inóculo y experimento *in vivo*. Se utilizará la variedad ‘Frontera’ por su alta susceptibilidad a *Fusarium* spp. El experimento se establecerá en invernadero bajo un diseño en bloques completamente al azar, con cuatro repeticiones, 10 plantas por unidad experimental, replicado dos veces. Se evaluará incidencia, severidad y mortalidad (Rebollar-Alviter *et al.*, 2020). La severidad se estimará mediante una escala ordinal basada en síntomas. Los

datos se analizarán mediante ANOVA (Proc Glimmix) en RStudio v4.5.0, transformando la severidad a proporción y aplicando análisis de mediciones repetidas por tiempo y tratamiento.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Hongos asociados a pudrición de raíz y corona de fresa. Los géneros aislados, con frecuencia variable, fueron *Fusarium*, *Neopestalotiopsis*, *Rhizoctonia*, *Macrophomina*, *Alternaria*, *Cylindrocarpon*, *Colletotrichum* y algunos oomicetos. A diferencia de Ceja-Torres *et al.* (2008), se detectaron géneros no reportados previamente, aunque *Fusarium* sigue siendo frecuente. Las variaciones podrían deberse al manejo, densidad de inóculo y sanidad del material vegetal usado para establecer las plantaciones (Rebollar-Alviter *et al.*, 2020).

Caracterización cultural. El análisis de 271 cepas de *Fusarium* spp. reveló dos clados y 28 grupos morfológicos, lo que sugiere variación de especies asociadas a necrosis de raíz y corona de fresa en México. Por otra parte, Burkhardt *et al.* (2019) destacaron la importancia del análisis molecular para la delimitación de especies dentro de grupos del género *Fusarium*. Actualmente, se encuentra en proceso la caracterización de aislamientos de *Neopestalotiopsis* spp. y *Macrophomina* spp. de esta investigación.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada al primer autor para el desarrollo de sus estudios de Doctorado. Al Colegio de Postgraduados por las facilidades proporcionadas para llevar a cabo esta investigación. A la universidad Autónoma Chapingo (CRUCO) y al Consejo Particular por su aportación.

LITERATURA CITADA

- Acosta-González U, Silva-Rojas HV, 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>
- Burkhardt A, Henry PM, Koike ST, Gordon TR, Martin F. 2019. Detection of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* from infected strawberry plants. *Plant Disease* 103(5): 1006–

1013.<https://doi.org/10.1094/PDIS-08-18-1315-RE>

- Ceja-Torres LF, Mora-Aguilera G, Téliz D, Mora-Aguilera A, Sánchez-García P, Muñoz-Ruiz C, Tlapal-Bolaños B, 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.
- Doyle JJ, Doyle JL. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13–15.
- Koike ST, Gordon TR. 2015. Management of *Fusarium* wilt of strawberry. *Crop Protection* 73: 67-72. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.02.003>
- Marin MV, Seijo T, Oliveira MS, Zuchelli E, Mertely J, Peres NA. 2018. First report of *Phytophthora nicotianae* causing crown rot of strawberry in the United States. *Plant Disease* 102(7): 1463.<https://doi.org/10.1094/PDIS-08-17-1333-PDN>
- Mariscal-Amaro LA, Rivera-Yerena A, Dávalos-González PA, 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 KH. 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 HV, Fuentes-Aragón D, Acosta-González U, Martínez-Ruiz M, Parra-Robles BE. 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>

DIVERSIDAD MORFOLÓGICA Y GÉNICA DE *Trichoderma* spp. Y *Fusarium* spp. ASOCIADOS A LA MARCHITEZ DE ZARZAMORA (*Rubus ulmifolius*) EN MICHOACÁN

Ana María Díaz-Fajardo¹, Gustavo Mora-Aguilera^{1*}, Sergio Aranda-Ocampo¹, Alberto Julián Valencia-Botín²,
Jeny Michua-Cedillo³, Erandy Montes-Hernández¹.

¹Postgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230

Texcoco, Estado de México, México. ²Centro Universitario de la Ciénega, Universidad de Guadalajara. Av. Universidad 1115, 47820 Ocotlán Jalisco, México. ³BioLab Diagnóstico Fitosanitario 1a Privada de Manuel Pérez Coronado 496, La Magdalena, 60080 Uruapan, Michoacán.

*Autor para correspondencia: morag@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

México es el principal productor de zarzamora (*Rubus ulmifolius*) a nivel mundial, Michoacán concentra más del 90% de la producción nacional con 214,706 toneladas en 2023. Los principales destinos de exportación son Estados Unidos, Canadá y Europa (SIAP, 2024). Una de las principales limitantes fitosanitarias del cultivo es la marchitez vascular de la zarzamora causada por *Fusarium*. Este hongo se caracteriza por alta incidencia, severidad, distribución y difícil manejo (Pastrana *et al.*, 2021). En México, la enfermedad se reportó en 2011 en Los Reyes Michoacán. La variedad Tupy, ampliamente cultivada es susceptible, al igual que otras variedades recientes, un síntoma típico es el amarillamiento y necrosis parcial del tallo. El manejo intensivo y la producción forzada del cultivo genera estrés fisiológico que favorece la infección y severidad (Hernández-Cruz *et al.*, 2020; Pastrana *et al.*, 2021). Aunque el control químico es frecuente, ha crecido el interés en el uso de microorganismos como agentes de biocontrol, debido a la resistencia de patógenos, impacto ambiental y riesgos a la salud. *Trichoderma* destaca por sus diferentes mecanismos de acción (Dutta *et al.*, 2022). En este trabajo se postula que el análisis integral de la diversidad morfológica y génica de *Fusarium* spp. y *Trichoderma* spp. representan una estrategia fundamental para entender el efecto de la interacción en la estructura poblacional espacio-temporal. Por tanto, el objetivo fue: caracterizar la diversidad fenotípica y génica de *Fusarium* y *Trichoderma* asociados a la marchitez de la zarzamora en el contexto tecnológico de la vertiente productiva en Michoacán.

MATERIALES Y METODOS

Área de estudio: Las colectas se realizaron en 10 municipios del estado de Michoacán y 36 huertos comerciales con diferentes variedades, niveles tecnológicos, condiciones climáticas y manejo agronómico, en diferentes años 2018, 2020, 2023 y 2024, con el fin de determinar la variabilidad de estos hongos a través del espacio y tiempo.

Método de muestreo: Se realizó un muestreo dirigido en torno a focos y perifocos, se tomaron muestras de agua, suelo, raíz, corona, tallo y hoja. Se siguió el protocolo propuesto por López- Bautista *et al.* (2019) con modificaciones. Las muestras de tejido incluyeron raíces secundarias, coronas, tallos con y sin síntomas, folíolos de la parte baja, media y alta de la planta. El material colectado se colocó en bolsas herméticas y se mantuvieron a 4- 6 °C hasta su proceso.

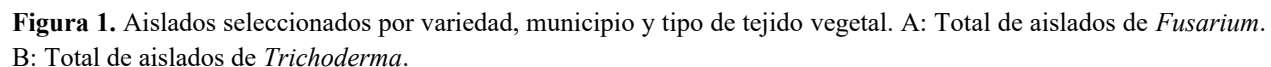
Aislamiento y purificación: los aislamientos se realizaron siguiendo los protocolos propuestos por CP-LANREF, se utilizaron medios selectivos y no selectivos. A partir de los crecimientos obtenidos a las 48 h, se seleccionaron, cuantificaron y purificaron los morfotipos putativos a *Fusarium* y *Trichoderma* los cuales se mantuvieron en cámara bioclimática a $\pm 28^{\circ}\text{C}$. Finalmente se conservaron las cepas con dos métodos: glicerol al 10% y sílica gel.

Caracterización morfológica: para la caracterización macroscópica se utilizaron los medios de cultivo PDA y SDA para *Fusarium*; PDA y V8 para *Trichoderma*, se registraron características como tipo, forma, textura, y coloración del micelio. Para la caracterización microscópica se utilizó el medio SNA y la técnica de microcultivos, tomando en cuenta la formación de fiálides, clamidosporas y la caracterización de conidios. Las estructuras se observaron con un microscopio Carl Zeiss a 40x. Se tomaron fotografías con cámara digital Canon (EOS REBEL T6) y se realizaron las mediciones con el programa ImageJ 1.54.

Extracción de DNA, PCR y secuenciación génica: la selección de cepas de *Fusarium* para el análisis molecular se realizó con el programa Reg-N (CP-LANREF, no publicado) que contempla variables epidemiológicas. La extracción de ADN se realizó con el protocolo AP (SDS 1%) (Sambrook y Russell, 2001) modificado. La calidad y concentración de ADN se cuantificó con un Nano Drop 2000 (Thermo Fisher Scientific, USA), la concentración final se ajustó a 40 ng/ μl . En la PCR se utilizaron los oligos EF1*/ EF2*, un termociclador T-100 de BioRad y el programa propuesto por Mendoza-Ramos *et al.* (2021). Los fragmentos amplificados se analizaron

Identificación y análisis filogenético: Las secuencias se editaron con el programa SeqAssem (v07/2008) para eliminar ambigüedades y se compararon con la base de datos GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) para identificar las especies y complejos.

Se seleccionaron 360 cepas, 243 pertenecientes al género *Fusarium* y 117 a *Trichoderma* de un total de 3704 aislados en medio PDA y Komada (**Figura 1**).



Página | 72

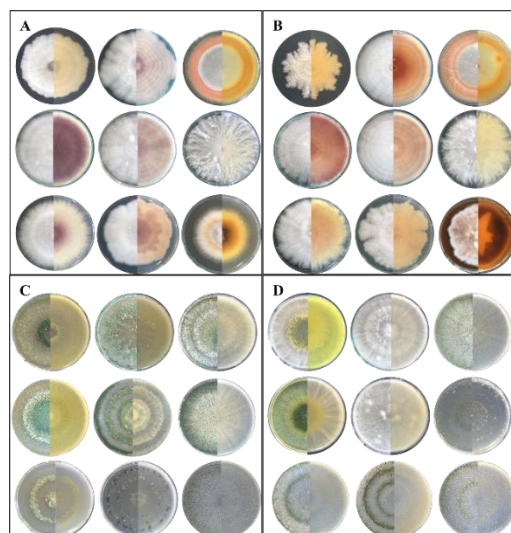


Figura 2. Caracterización cultural. A: Morfotipos de *Fusarium* en medio PDA; B: Morfotipos de *Fusarium* en medio SDA; C: Morfotipos de *Trichoderma* en medio SDA; D: Morfotipos de *Trichoderma* en medio V8.

Se realizó la extracción de ADN de 20 aislados de *Fusarium* seleccionados por Reg-N. Las calidades de ADN fueron entre 1.8-2.0 y se obtuvieron productos de PCR de 650 pb con el gen TEF 1- α . El Blast de las secuencias de 11 aislados mostró 100 % de homología con *Fusarium oxysporum*, siete cepas con *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* y dos con *F. verticillioides*, especies que coinciden con lo reportado en zarzamora silvestre y la variedad tupy por Pastrana *et al.* (2021) y Hernández-Cruz, (2020). Estos resultados concluyen que la caracterización morfo-molecular de *Fusarium* refleja una diversidad de morfotipos y especies asociadas a la marchitez vascular del cultivo, destacando *F. oxysporum*. La detección simultánea con *Trichoderma* sugiere una posible interacción de biocontrol lo cual requiere mayor investigación.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada, a mi consejo particular por compartir su conocimiento, consejos y enseñanzas. Al programa de Fitopatología del Colegio de Postgraduados-campus Montecillo por la oportunidad de formar parte de la institución.

LITERATURA CITADA

- Dutta P, Deb L, Pandey AK. 2022. *Trichoderma*- from lab bench to field application: Looking back over 50 years. *Frontiers in Agronomy* 4:839- 932. doi: 10.3389/fagro.2022.932839.
- Hernández-Cruz A, Saldivia-Tejeda A, Silva-Rojas HV, Fuentes-Aragón D, Nava-Díaz C, Martínez-Bolaños L, Rebollar-Alviter A. 2020. Evaluation of full-season programs for the management of *Fusarium* wilt of blackberry caused by a new lineage of the *Fusarium oxysporum* species complex. *Crop Protection* 134: 105- 167. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105167>.
- Infante-Martínez D, Martínez-Coca B, Peteira-Delgado B, Reyes-Duque Y, Gil K, Herrera-Estrella A. 2023. Caracterización morfo-cultural y variabilidad genética y molecular de aislamientos de *Trichoderma*. *Revista de Ciencias Biológicas y de la Salud* 25: 194- 203. DOI: 10.18633/biotecnia. v25i2.1890.
- Leslie JF, Summerell BA. 2006. *The Fusarium Laboratory Manual*. Blackwell Publishing. Iowa, USA. 388 p.
- Mendoza-Ramos C, Mora-Aguilera G, Coria-Contreras, JJ, Santana-Peñaloza B, Acevedo-Sánchez G, Martínez-Bustamante V, Gutiérrez-Espinosa, MA, Rubio-Cortés R. 2021. *Fusarium* spp. y estimación de carga de inóculo asociados a hijuelos de *Agave tequilana* en diferentes niveles de inductividad epidémica regional. *Revista Mexicana de Fitopatología* 39(1): 94- 121. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2006-8>
- Pastrana AM, Dean CW, Gordon TR. 2021. Colonization of wild blackberry in California by *Fusarium oxysporum* f. sp. *Mori*. *Plant Disease*. 105(2): 264- 267. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-20-1297-RE>
- López-Bautista V, Mora-Aguilera G, Gutiérrez-Espinosa MA, Mendoza-Ramos C, Martínez-Bustamante VI, Coria-Contreras JJ, Acevedo-Sánchez G, Santana-Peñaloza B. 2019. Morphological and molecular characterization of *Fusarium* spp. associated to the regional occurrence of wilt and dry bud rot in *Agave tequilana*. *Revista Mexicana de Fitopatología* 38(1): 79-106. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1911-4>
- SIAP (Servicio de información agroalimentaria y pesquera). 2024. Panorama Agroalimentario, la ruta de la transformación agroalimentaria 2018- 2024. <https://n9.cl/8tt2t>.

HONGOS ASOCIADOS A LA PUDRICIÓN DE RAÍZ Y CORONA DE FRESA EN MICHOACÁN, MÉXICO

Alfredo Gómez-Domingo¹, Remigio Anastacio Guzmán-Plazola^{1*}, Olga Gómez-Rodríguez¹, José Sergio Sandoval-Islas¹, Gerardo Sergio Benedicto-Valdés², Ángel Rebollar-Alviter³

¹ Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Posgrado en Fitosanidad. ²Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Posgrado en Edafología. Texcoco, Estado de México, C. P. 56264. ³Universidad Autónoma Chapingo. Centro Regional Morelia. Morelia, Michoacán, Mexico, C. P. 58170.

*Autor para correspondencia rguzmanp@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La fresa (*Fragaria x ananassa* Duch.) es un cultivo de alta demanda en México y en el mundo (Romero-Romano *et al.*, 2012). México fue el tercer productor mundial y el segundo exportador en el 2020 (SIAP, 2021). Sin embargo, los reportes indican una disminución, ya que en el 2021 se produjo 36.9 % menos respecto al año 2019 (SIAP, 2024). En el 2023, México descendió al quinto lugar como productor, con una producción de 641,552 toneladas (SIAP, 2024). Las dos principales entidades productoras de fresa en México son Michoacán y Baja California, quienes aportaron el 58.7 % y el 25.4 % del total de la producción en el 2023 (SIAP, 2024). A pesar de su importancia económica, la producción de fresa enfrenta importantes desafíos por plagas y enfermedades. En las principales regiones productoras de fresa en México las enfermedades del cultivo son un factor limitante importante, particularmente el marchitamiento de plantas y la pudrición de raíz y la corona (Narro-Sánchez *et al.*, 2006), que puede causar pérdidas superiores al 50 % (Martínez y Del Río, 1977). Hasta 2006, los patógenos reportados como causantes de estos síntomas fueron *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Verticillium* spp., *Rhizoctonia* spp. y *Phytophthora* spp., destacando los dos primeros como los principales agentes causales de la enfermedad en la fresa en Michoacán y Guanajuato. Aunado a esto, recientemente ha surgido un nuevo problema fitopatológico de la fresa de gran importancia en México y en el mundo por su alto nivel de incidencia en los predios y la severidad de daños que causa. Este problema se ha asociado al hongo *Neopestalotiopsis* spp. En México, en el 2017, se observaron pérdidas de trasplantes de hasta 50% en Zamora, Michoacán, debida a una enfermedad asociada a pudrición de raíz, pudrición de corona y manchas foliares. Rebollar-Alviter *et al.* (2020) reportaron a *Neopestalotiopsis rosae* como agente causal de estos síntomas en fresa en Zamora, Michoacán. Dada la importancia de la

enfermedad, se requiere realizar estudios más extensos a nivel regional y tomar acciones que contribuyan a la implementación de una estrategia de manejo integrado de la enfermedad basada en la determinación de fuentes de inóculo primario y la epidemiología de la enfermedad (Rebollar-Alviter *et al.*, 2020). En este sentido, la identificación de el o los agentes causales de la enfermedad y su prevalencia es crucial para investigar e implementar estrategias de manejo eficientes (Martínez-Ruiz *et al.*, 2016). Como una primera aproximación al conocimiento de la etiología actual de la marchitez, pudrición de corona y raíz de la fresa, así como del estudio de su epidemiología y estrategias de manejo, se realizó la identificación de hongos y oomicetos asociados a este cultivo en condiciones de plantas sintomáticas, en Michoacán, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio y periodo de evaluación. En el 2024, se realizó el muestreo de plantas enfermas en 63 unidades de producción (UP), en Zamora y Jacona, Michoacán. Se muestrearon dos plantas sintomáticas por UP.

Aislamiento de hongos y oomicetos. Se obtuvieron fragmentos de tejido de raíz, corona y hojas (cinco por tipo de tejido) por planta muestreada y se desinfestaron con alcohol (70%), seguido de hipoclorito de sodio (3%), por tres minutos cada uno. Posteriormente se realizaron dos enjuagues con agua destilada estéril y se colocaron sobre toallas estériles por 24 h para su secado. Se sembraron los fragmentos en cajas de Petri con medio de cultivo Papa-Dextrosa-Agar (PDA) con ácido láctico. Se sembraron 1,890 fragmentos (1/3 fue tejido de raíz, 1/3 de corona y 1/3 de hoja). Se incubaron a 22 ± 2 °C por 2-5 días. Los crecimientos miceliales se transfirieron a cajas individuales con PDA. Se realizó la purificación de los aislamientos mediante cultivo monospórico y punta de hifa.

Identificación de los aislamientos. La identificación fue mediante características morfológicas de la colonia y de conidios, así como la comparación con claves y descripciones morfológicas en literatura científica.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el 54.5 % de tejidos se tuvo crecimiento micelial (Figura 1a). La mayoría de estos aislamientos (48.1 %) se obtuvieron de corona y raíz (30.4 %), siendo menor en hoja (Figura 1b).

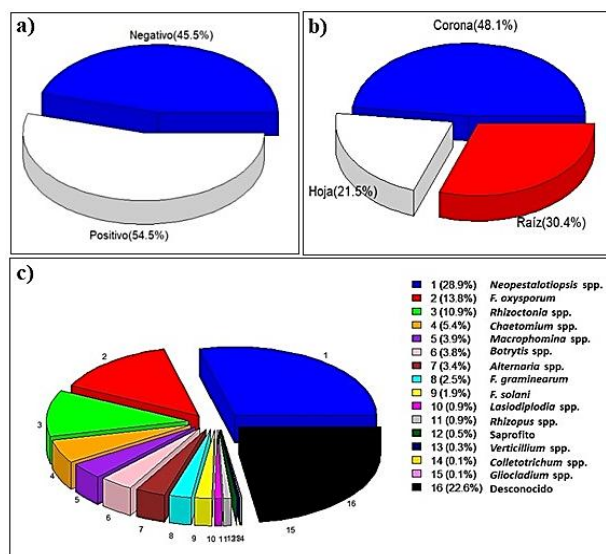


Figura 1. Resultados de aislamiento de hongos en fresa con marchitez y pudrición de raíz y corona: a) porcentaje de tejidos que mostraron crecimiento micelial; b) distribución de los aislamientos según el tipo de tejido de aislamiento; c) Frecuencia de aislamiento de hongos por género o especie.

Se identificaron 12 diferentes géneros de hongo y una proporción de los aislados (22.6 %) aún no fue identificada (Figura 1c). *Neopestalotiopsis* spp. se aisló con mayor frecuencia (28.9 %), seguido de *Fusarium oxysporum* (13.8 %) y *Rhizoctonia* spp. (10.9 %). Hasta 2006, *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Verticillium* spp., *Rhizoctonia* spp., y *Phytophthora* spp., se reportaron como agentes causales de marchitez y pudrición de raíz y corona de la fresa, siendo los dos primeros, los principales agentes causales de estos síntomas en fresa en Michoacán y Guanajuato (Narro-Sánchez *et al.*, 2006). Sin embargo, en el 2017, se observaron pérdidas de trasplantes de hasta 50% en Zamora, Michoacán, debida a una enfermedad asociada a pudrición de raíz, pudrición de corona y manchas foliares. Rebollar-Alviter *et al.* (2020) reportaron a *Neopestalotiopsis rosae* como agente causal de estos síntomas en fresa en Zamora, Michoacán. Los resultados de este trabajo demuestran que actualmente *Neopestalotiopsis* spp. está ampliamente distribuido y en alta prevalencia en la región productora de fresa en el estado de Michoacán. Otros hongos reportados como patógenos en fresa son *Macrophomina* spp. y *Lasiodiplodia* spp. Se reporta a *Lasiodiplodia theobromae* como agente causal de muerte regresiva en este cultivo (Nam *et al.*, 2016) y a *Macrophomina phaseolina* como causante de pudrición de corona y raíz (Qamar *et al.*, 2019). Estos hongos fueron identificados en este estudio, aunque con menor frecuencia que otros géneros. Sin embargo, deben considerarse de importancia, ya que *M. phaseolina* puede causar graves pérdidas (más del 80 % de mortalidad de plantas) en condiciones favorables para la enfermedad (Peres *et al.*, 2018). *Chaetomium* spp. fue de los que se aisló con mayor frecuencia. Muchas especies de *Chaetomium*

spp. son endófitos que colonizan asintóticamente tejidos sanos de plantas (Elkhateeb *et al.*, 2021). *F. graminearum* fue otro hongo identificado en este estudio. No existen reportes de esta especie como patógeno en fresa. Se ha reportado como patógeno de cereales, como el maíz (Leslie y Summerell, 2006), el cual se siembra en rotación con la fresa en Michoacán.

Se aislaron 12 géneros distintos de hongos en fresa con síntomas de marchitez y pudrición de corona y raíz. *Neopestalotiopsis* spp. se aisló con mayor frecuencia, seguido por *F. oxysporum* y *Rhizoctonia* spp. Otros hongos aislados fueron *Alternaria* spp., *Macrophomina* spp., *Lasioidiplodia* spp. y *Verticillium* spp. Todos ellos reportados como patógenos en la fresa. Este trabajo es una primera aproximación del estudio del estado actual de la sanidad del cultivo de fresa en el estado de Michoacán, que establece las bases para estudios posteriores en aspectos de estrategias de manejo y epidemiología de las enfermedades en este cultivo.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada para el financiamiento de este proyecto de investigación.

LITERATURA CITADA

- Elkhateeb WA, Kolaibe AG, Elnahas MO, Daba GM. 2021. Highlights on *Chaetomium* morphology, secondary metabolites and biological activities. Journal of Pharmaceutics and Pharmacology Research 4(1): 1-5. DOI: 10.31579/2693-7247/030
- Leslie, J. F., y Summerell, B. A. (2006). The *Fusarium* laboratory manual. Blackwell Publishing. Iowa, USA.
- Martínez AJ, Del Río MAO. 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-Catzim 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>
- Nam MH, Park MS, Kim HS, Kim TI, Lee EM, Park JD, Kim HG. 2016. First report of dieback caused by *Lasioidiplodia theobromae* in strawberry plants in Korea. Mycobiology 44(4):319-324. doi: 10.5941/MYCO.2016.44.4.319

- Narro-Sánchez, J, Davalos-González PA, Velásquez-Valle R, Castro-Franco J. 2006. Main strawberry diseases in Irapuato, Guanajuato and Zamora, Michoacan, Mexico. *Acta Horticulturae* 708: 167-172. DOI: 10.17660/ActaHortic.2006.708.27
- Peres NA, Baggio JS, Mertely JC. 2018. Charcoal rot of strawberries caused by *Macrophomina phaseolina*. PP242. UF/ IFAS Extension. <https://edis.ifas.ufl.edu/pdf/PP/PP16100.pdf>
- Qamar MI, Ghanzafar MU, Abbas MF, 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>
- Rebollar-Alviter A, Silva-Rojas HV, Fuentes-Aragón D, Acosta-González U, Martínez-Ruiz M, Parra-Robles BE. 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>
- Romero-Romano CO, Ocampo-Mendoza J, Sandoval-Castro E, Tobar-Reyes JR. 2012. Fertilización orgánica-mineral y orgánica en el cultivo de fresa (*Fragaria x ananassa* Duch.) bajo condiciones de invernadero. *Ra Ximhai*, 8(3), 41–49.
- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2021. Panorama agroalimentario 2021. Ciudad de México, México. <https://online.pubhtml5.com/aheiy/fkyt/#p=1> (Recuperado: junio 2025).
- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2024. Panorama agroalimentario 2024. Ciudad de México, México. https://drive.google.com/file/d/1NXcDhaB63Z94wjRUVF6f_FK0Urv6cgvJ/view (Recuperado: junio 2025).

USO DE DRONES EN LA DETECCIÓN TEMPRANA DE MARCHITEZ DE LA FRESA CULTIVADA (*Fragaria x ananassa*, ROSALES: ROSACEAE)

Alejandro **Hernández-Ramos**¹, José Antonio **Mora-Aguilera**^{1*}, Gustavo **Mora-Aguilera**¹, Enrique **Buendía-Rodríguez**²

¹Postgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Campo Experimental Valle de México. Carretera Texcoco-Los Reyes km 13.5, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56250.

*Autor para correspondencia: aguilera@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

México se posicionó como el quinto productor mundial de fresa (*Fragaria* × *ananassa*), con un rendimiento de 641 522.22 ton (FAOSTAT, 2023). En el mismo año, los principales estados productores fueron Michoacán, Guanajuato y Baja California (SIAP, 2023). La fresa es altamente susceptible a patógenos bióticos y abióticos que afectan significativamente el rendimiento y calidad de frutos. Uno de los principales problemas parasitarios es la “marchitez de la fresa”, que causa necrosis de raíz, corona y tallo, así como clorosis, enanismo, marchitamiento y muerte de la planta. De acuerdo con Ceja-Torres *et al.*, 2008, esta enfermedad se asocia a *Fusarium* sp., *Cylindrocarpon* sp., *Verticillium alboatrum*, *Colletotrichum* sp, *Phytophthora* sp., *Phytium aphanidermatum* y *Rhizoctonia fragariae*. Mariscal-Amaro *et al.* (2017), reportó pérdidas de hasta 50% en la producción de fresa en Guanajuato, Méx. Por su parte Bárcenas-Santana *et al.* (2019) reportó el mismo porcentaje para Morelos, Méx., en ambos casos atribuibles a este complejo.

Los síntomas de plantas enfermas, como clorosis, lesiones necróticas y reducción de biomasa, entre otros, inducen cambios en la coloración de los tejidos, detectable mediante la reflectancia registrada por sensores remotos de imagen RGB (Red, Green, Blue), multiespectral o hiperespectrales, incorporados a vehículos aéreos no tripulados (VANT) o drones. Estos constituyen una herramienta de teledetección con alto nivel de resolución, que permiten generar índices de vegetación para evaluar el estrés de las plantas. La aplicación de estos modelos facilita el diagnóstico sanitario rápido y localizado de anomalías abióticas o biológicas, pudiendo aplicarse simultáneamente y con rapidez a extensas superficies de cultivo.

Los objetivos de esta investigación son; a) Determinar un modelo de detección temprana de marchitez de la fresa con el uso de cámara RGB incorporada a VANTs. b) Comparar índices de vigor en diferentes estados fenológicos del cultivo, c) Determinar con índices de vigor el comportamiento espacio-temporal de la enfermedad.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio. El registro fotográfico y otros datos biológicos se realizó de marzo a mayo de 2025, en una huerta comercial de fresa cv. ‘Frontera’, ubicada en Tarandacua, Guanajuato, México, bajo un sistema de plantación semidirecta. El primer muestreo se realizó 20 días después del trasplante y los subsecuentes durante la etapa vegetativa del cultivo y emisión de estolones utilizados para repoblado de la plantación. La verificación de hongos se realizó con técnicas de cultivo e identificación de rutina utilizadas en el Laboratorio de Enfermedades de Frutales y Epidemiología LANREF, ubicado en el edificio de Fitosanidad del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Texcoco, México.

Recolección de material vegetativo. Se recolectaron plantas de fresa con marchitez, amarillamiento, enanismo y necrosis radical. También, hojas individuales con gradientes de daño por necrosis o clorosis. Las muestras vegetativas recolectadas fueron trasladadas al laboratorio para verificación taxonómica de hongos.

Aislamiento e identificación de hongos asociados. Las muestras se lavaron con agua corriente para eliminar el exceso de tierra y otros contaminantes. Posteriormente, se secaron a temperatura ambiente. De cada tejido afectado (raíz, corona y hoja), se seccionaron cuatro fragmentos de 0.5 a 1cm². En el caso de la corona, se realizó un corte transversal para extraer tejido vascular y medular. El resto del material vegetal se desinfectó con una solución de hipoclorito de sodio (2%) por 2 min, seguido de un triple lavado con agua estéril. Las muestras se secaron sobre papel absorbente estéril (Sanitas^R) dentro de una cámara de flujo laminar. Posteriormente, los fragmentos se colocaron en cajas Petri con medio papa-dextrosa-agar (PDA, Bioxon) + estreptomycin (0.25g/l) e incubaron a $\pm 23^{\circ}\text{C}$ por 15 días a fotoperiodo 12 h luz/oscuridad. Se obtuvieron cultivos monospóricos y por punta de hifa en medio de cultivo PDA + estreptomycin (0.25g/l). Los aislados se caracterizados con base en color de colonias y presencia de estructuras reproductivas, entre otras, conidiomas, conidióforos y conidios Granados-Montero *et al.* (2022).

Registro fotográfico. Se empleó un dron Phantom 4 (DJI), equipado con una cámara RGB con sensor CMOS 1/2.3'', resolución de 12.4 megapíxeles y sistema de posicionamiento GPS/GLONASS DJI (2025). En cada sesión, los vuelos horizontales se realizaron siguiendo una ruta de vuelo automática mediante la aplicación DJI Pilot^R, a una altura de 15m sobre el suelo, velocidad de 1.3m/s, y traslape fotográfico del 65% frontal y 65% lateral. Asimismo, se realizó un segundo vuelo con parámetros de traslape de 70% frontal y 70% lateral para mejorar cobertura espacial. Además, se capturaron imágenes verticales a partir del centroide de la parcela a diferentes alturas (100, 90, 80, 70 y 60 m). El registro fotográfico se realizó entre las 10:00 y 12:00 h, con cielo parcialmente despejado y corrientes de aire menores a 10km/h. El área cubierta por cada vuelo fue de aproximadamente 0.8 ha.

Procesamiento de imágenes. La construcción de ortomosaicos se realizó con el programa Agisoft Metashape Professional v1.5.1. La extracción y georreferenciación de plantas con síntomas seleccionadas en campo se realizó con el programa Qgis v3.42.0, la generación de índices de vegetación se realizó con RStudio v2024.12.1 Build 563, aplicando código abierto en lenguaje R.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Aislamiento e identificación de microorganismos asociados. Se obtuvieron 137 aislados (55% se obtuvo de raíces, 32% de coronas y 12% de hojas). Algunos de los organismos preliminarmente identificados por técnicas culturales fueron: *Fusarium* sp., *Alternaria* sp., *Colletotrichum* sp., *Neopestalotiopsis* sp. y *Dactylonectria* sp. (Ceja-Torres *et al.*, 2008; Espinoza-Altamirano *et al.*, 2017; Mariscal-Amaro *et al.*, 2017; Rebollar-Alviter *et al.*, 2020). Estos hongos se han reportado como agentes causales de marchitez de la fresa en diversas variedades y sistemas de producción en México y de igual manera para Costa Rica (Granados-Montero *et al.*, 2022).

Registro fotográfico. Se tiene un acervo fotográfico de 395 imágenes RGB del desarrollo fenológico del cultivo y dispersión espacial de la marchitez, correspondiente a vuelos horizontales con 65% de traslape frontal y lateral y 784 imágenes con traslape del 70%, así como imágenes a diferentes alturas (100, 90, 80, 70 y 60m).

Procesamiento de imágenes. Se han logrado construir seis ortomosaicos, correspondientes al estado fenológico de desarrollo vegetativo y emisión de estolones. Todas las plantas con síntomas de marchitez se encuentran georreferenciadas para identificar la distribución y expansión

espacial de focos de infección. El procesamiento de ortomosaicos mediante código R, se encuentra en desarrollo. Se ajustarán variables y parámetros para generar índices de vegetación para detección temprana de marchitez.

Actualmente, continua el registro fotográfico para caracterizar la evolución epidémica de marchitez en concordancia con la fenología del cultivo. También la verificación de microorganismos asociados en laboratorio. También se aplicarán técnicas complementarias para confirmar la identificación cultural y molecular de los microorganismos aislados y relacionar su presencia con patrones espectrales observados con las imágenes RGB e índices de vegetación.

AGRADECIMIENTOS

A la Secretaría de Ciencias, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), por la beca otorgada al primer autor para la realización de sus estudios de Maestría en Ciencias. Al Colegio de Postgraduados, por las facilidades proporcionadas para realización esta investigación. Al Consejo Particular, por su valiosa aportación y orientación durante el desarrollo del estudio. Al M.C. Uriel González Acosta, por el apoyo y conocimientos brindados durante el registro y procesamiento de datos biológicos.

LITERATURA CITADA

- Bárcenas-Santana D, Guillén-Sánchez D, Yazmín-Basaldúa C, Ramos-García M de L, Valle-de la Paz M. 2019. Etiología de la secadera de la fresa (*Fragaria* spp.) en Morelos, México. *Revista Mexicana de Fitopatología* 37: 454–463. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1904-5>
- Ceja-Torres LF, Mora-Aguilera G, Téliz D, Mora-Aguilera A, Sánchez-García P, Muñoz-Ruiz C, Tlapal-Bolaños B, De La Torre-Almaraz R. 2008. Ocurrencia de hongos y etiología de la secadera de la fresa con diferentes sistemas de manejo agronómico. *Agrociencia* 42: 451–461. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S140531952008000400008&lng=es&nrm=iso.
- DJI, 2025. Phantom 4 - DJI Soporte. [en línea] Disponible en: <https://www.dji.com/mx/support/product/phantom-4> [Consulta: Junio, 2025].
- Espinoza-Altamirano D, Silva-Rojas HV, Leyva-Mir SG, Marbán-Mendoza N, Rebollar-Alviter Á. 2017. Sensibilidad de aislados de *Colletotrichum acutatum* obtenidos de fresa a los

- fungicidas metil tiofanato y azoxystrobin. *Revista Mexicana de Fitopatología* 35: 186–203. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1612-4>
- FAOSTAT (Food and Agriculture Organization Statistical Database). 2023. Producción de fresa. (Consulta: Junio, 2025). <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>
- Granados-Montero M, Zúñiga-Castañeda M, Chaverri-Echandi P, Escudero-Leyva E, Mardones-Hidalgo M. 2022. Patogenicidad de hongos asociados a plantas de fresa (*Fragaria ananassa*) y descripción ultraestructural del Patosistema. *Agronomía Costarricense* 46: 9–28. <https://doi.org/10.15517/rac.v46i2.52043>
- Mariscal-Amaro L.A, Rivera-Yerena A, Dávalos-González P.A, Ávila-Martínez D. 2017. Situación actual de hongos asociados a la secadera de la Fresa (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) en Guanajuato, México. *Agrociencia* 51: 673–681. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S140531952017000600673&lng=es&tlng=es.
- SIAP (Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2023. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. https://nube.agricultura.gob.mx/cierre_agricola/ (Consulta: junio 2025)
- Rebollar-Alviter A, Silva-Rojas HV, Fuentes-Aragón D, Acosta-González U, Martínez-Ruiz M, Parra-Robles BE. 2020. An Emerging Strawberry Fungal Disease Associated with Root Rot, Crown Rot and Leaf Spot Caused by *Neopestalotiopsis rosae* in Mexico. *Plant Disease* 104: 2054–2059. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2493-SC>

EFFECTO DE LA APLICACIÓN DE *Trichoderma harzianum* Y NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE COBRE EN EL CONTROL DE *Fusarium graminearum*, CAUSANTE DE LA FUSARIOSIS EN PLANTAS DE TRIGO (*Triticum aestivum*)

*Brenda Arriaga-García¹, Reyna Isabel Rojas-Martínez¹, Ana María Hernández-Anguiano¹, Víctor M. Zúñiga-Mayo¹, Guillermo M. Herrera-Pérez², Julio Huerta-Espino³

¹ Colegio de Postgraduados, Montecillo 56230, México. ²CIMAV. ³INIFAP

*Autor para correspondencia: arriaga.brenda@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El trigo (*Triticum aestivum* L.) es el segundo grano más cultivado en el mundo, con una producción de 789.5 millones de toneladas (Mt). En México ocupa el cuarto lugar, con una producción de 3.281 Mt, siendo el trigo harinero de ciclo otoño-invierno bajo riego el que aporta alrededor del 90% de la producción nacional (CANIMOLT, 2022). Sin embargo, su productividad se ve afectada por enfermedades inducidas por fitopatógenos, como *Fusarium graminearum*, agente causal del tizón de la espiga, que posee como factor de virulencia la producción de micotoxinas como tricotecenos, deoxinivalenol (DON) y el nivalenol (NIV) perjudiciales para la salud humana y animal (Malbrán *et al.*, 2014). Para su control, se emplean cultivares con resistencia moderada a alta; no obstante, estos no son suficientes para prevenir una epidemia. Por ejemplo, variedades resistentes como Sumai 3 presentan limitaciones como un tamaño inadecuado para la trilla y bajo rendimiento del grano (Ribichich, Lopez & Vegetti, 2007). También se utilizan fungicidas como benzimidazoles, triazoles y estrobilurinas; lo cual por su uso excesivo e indiscriminado ha favorecido la aparición de cepas resistentes y un incremento en la producción de micotoxinas (Zhou *et al.*, 2020).

Hasta el momento, no existe un método de control completamente eficaz contra esta enfermedad, por lo que se propone el uso de *Trichoderma harzianum* como una alternativa ecológica. Este hongo presenta un mecanismo micoparasítico mediante la producción de compuestos antifúngicos, enzimas y proteínas que degradan la pared celular del patógeno (Schmoll & Schuster, 2010). Además, activa los mecanismos de defensa de la planta y facilita la absorción

de nutrientes, promoviendo así su crecimiento y desarrollo (Vinale *et al.*, 2008). Por otro lado, la nanotecnología ha incursionado en la creación de nanopartículas (NPs) de óxidos metálicos que poseen propiedades antifúngicas (Akbar *et al.*, 2019). Gaber *et al.*, (2023) reportan que las NPs de CuO tienen efecto antifúngico frente especies de *Fusarium*.

El objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto de *T. harzianum* y NPs de CuO en el control de *F. graminearum* en trigo. Se presenta ensayos de inhibición y antagonismo *in vitro* de las NPs, así como pruebas de toxicidad en plantas adultas de trigo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Preparación de los medios de cultivo y ensayos de inhibición de las NPs de CuO

Para el testigo se utilizó medio de cultivo agar papa dextrosa (PDA-Difco™) se preparó como lo describe el fabricante y el medio que contenía las NPs de CuO se preparó como se describe: una vez esterilizado el medio PDA, se mantuvo en agitación constante y se le agregaron concentraciones de 50, 200, 400, 500, 600, 700, 900 y 1000 ppm, las NPs de CuO previamente sonicadas por 20 min. Finalmente, se inocularon mediante la técnica de bocado a *T. harzianum* y *F. graminearum*, y se monitoreo su crecimiento durante 15 días. Los ensayos se realizaron por triplicado y se calculó el porcentaje de inhibición micelial, finalmente las muestras se llevaron a microscopia electrónica de barrido para observar y medir el efecto de las NPs de CuO en las hifas de hongos evaluados.

Ensayos de antagonismo de *T. harzianum* contra *F. graminearum*

Las confrontaciones se realizaron por triplicado, se incubaron a 28 °C a 12h luz y 12 h oscuridad. Como control, cada hongo se confrontó consigo mismo. Para las confrontaciones en presencia de NPs de CuO, se utilizaron concentraciones de 50, 200, 400 y 500 ppm se monitoreo durante 15 días y se calculó el porcentaje de reducción de crecimiento con la ecuación propuesta por Sundar *et al.* (1995).

Pruebas de toxicidad de NPs de CO en plantas adultas de trigo

Se realizaron dos aplicaciones semanales foliares hasta punto de saturación de NPs de CuO en plantas de trigo de variedad Urbina y Maya de 10 semanas de edad. Las concentraciones utilizadas fueron de 100, 200, 300, 400 y 500 ppm. Además del tratamiento control donde se utilizó agua destilada. La evaluación de los parámetros se realizó dos semanas después de la aplicación de los tratamientos, donde se midió altura total, peso seco y análisis químico elemental.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La inhibición del desarrollo de *F. graminearum* en medio PDA con NPs de CuO, se observó al noveno día de la inoculación, mostrando una reducción del crecimiento micelial de 9.6 %, 54.17 %, 22.13% y 100 % con dosis de 50, 200, 400 y 500 ppm, respectivamente. A partir de 500 ppm, hay una inhibición del 100%, por lo que las NPs de CuO poseen propiedades antifúngicas. Las micrografías obtenidas y las mediciones del grosor de las hifas mostraron que a partir de 200 ppm se presentan alteraciones morfológicas en las hifas de *F. graminearum*. Hifas excesivamente anchas podrían dificultar la penetración inicial en los tejidos del trigo, mientras que hifas excesivamente delgadas podrían comprometer el transporte de nutrientes, la resistencia a condiciones adversas y la formación de estructuras de dispersión, afectando así el crecimiento y la propagación del hongo (Giedrojć *et al.*, 2025).

En las pruebas de antagonismo, la reducción del crecimiento micelial fue del 43.4 % en el control (medio de cultivo sin NPs), mientras que los tratamientos con nanopartículas mostraron reducciones del 62.85 %, 67.42 %, 80.57 % y 100 % con concentraciones de 50, 200, 400 y 500 ppm, respectivamente. Estos resultados sugieren que la combinación de *T. harzianum* y NPs de CuO ejerce un efecto antagónico y antifúngico significativo contra *F. graminearum*.

En los ensayos de toxicidad de las NPs de CuO realizados en plantas adultas de trigo, se observó un aumento en el crecimiento y en el peso seco a una concentración de 500 ppm, en concordancia con lo reportado por Rashid *et al.* (2023). No obstante, también se detectaron malformaciones en algunas espigas y una disminución en los niveles de manganeso (Mn). Generalmente, las dosis utilizadas en estudios de fertilización con NPs de CuO en plántulas de trigo no superan los 100 ppm; sin embargo, no existen reportes previos de ensayos realizados en plantas adultas (Alhaithloul *et al.*, 2023).

Con base en los resultados de los ensayos de fitotoxicidad y eficacia antifúngica, se propone una concentración de 400 ppm de NPs de CuO como dosis óptima para el control de la fusariosis de la espiga en trigo.

AGRADECIMIENTOS

Primer autor agradece al SECIHTI por la beca otorgada para llevar a cabo sus estudios de maestría. Al Colegio de Postgraduados por las facilidades proporcionadas para la realización de la investigación. Así como, el agradecimiento a CIMMYT por la donación de *F. graminearum*.

LITERATURA CITADA

- Alhaithloul, H.A.S. et al. (2023) ‘Effect of green-synthesized copper oxide nanoparticles on growth, physiology, nutrient uptake, and cadmium accumulation in *Triticum aestivum* (L.)’, *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 268, p. 115701. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.ECOENV.2023.115701>.
- CANIMOLT (2022) Compendio Estadístico 2027-2021. Available at: <https://www.canimolt.org/publicaciones?04#reportes> (Accessed: 12 June 2024).
- Gaber, S.E. et al. (2023) ‘Antifungal activity of myco-synthesized bimetallic ZnO-CuO nanoparticles against fungal plant pathogen *Fusarium oxysporum*’, *Biomass Conversion and Biorefinery*, 14(20), pp. 25395–25409. Available at: <https://doi.org/10.1007/S13399-023-04550-W/FIGURES/9>.
- Giedrojć, W., Pluskota, W.E. and Wachowska, U. (2025) ‘*Fusarium graminearum* in Wheat—Management Strategies in Central Europe’, *Pathogens* 2025, Vol. 14, Page 265, 14(3), p. 265. Available at: <https://doi.org/10.3390/PATHOGENS14030265>.
- Malbrán, I. et al. (2014) ‘Toxigenic Capacity and Trichothecene Production by *Fusarium graminearum* Isolates from Argentina and Their Relationship with Aggressiveness and Fungal Expansion in the Wheat Spike’, <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-13-0172-R>, 104(4), pp. 357–364. Available at: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-13-0172-R>.
- Olmedo-Monfil, V. et al. (2002) ‘Multiple environmental signals determine the transcriptional activation of the mycoparasitism related gene *prb1* in *Trichoderma atroviride*’, *Molecular Genetics and Genomics*, 267(6), pp. 703–712. Available at: <https://doi.org/10.1007/S00438-002-0703-4/METRICS>.
- Rashid, M.I. et al. (2023) ‘Nanobiochar and Copper Oxide Nanoparticles Mixture Synergistically Increases Soil Nutrient Availability and Improves Wheat Production’, *Plants* 2023, Vol. 12, Page 1312, 12(6), p. 1312. Available at: <https://doi.org/10.3390/PLANTS12061312>.

- Ribichich, K.F., Lopez, S.E. and Vegetti, A.C. (2007) 'Histopathological Spikelet Changes Produced by *Fusarium graminearum* in Susceptible and Resistant Wheat Cultivars', <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.7.794>, 84(7), pp. 794–802. Available at: <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.7.794>.
- Schmoll, M. and Schuster, A. (2010) 'Biology and biotechnology of *Trichoderma*', *Applied Microbiology and Biotechnology*, 87(3), pp. 787–799. Available at: <https://doi.org/10.1007/S00253-010-2632-1/FIGURES/1>.
- Sundar, A.R., Das, N.D. and Krishnaveni, D. (1995) 'In-vitro Antagonism of *Trichoderma* spp. against two Fungal Pathogens of Castor', *Indian J. Plant Prot.*, 23, pp. 152–155. Available at: www.IndianJournals.com.
- Vinale, F. et al. (2008) 'Trichoderma–plant–pathogen interactions', *Soil Biology and Biochemistry*, 40(1), pp. 1–10. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.SOILBIO.2007.07.002>.
- Zhou, Z., Duan, Y. and Zhou, M. (2020) 'Carbendazim-resistance associated β 2-tubulin substitutions increase deoxynivalenol biosynthesis by reducing the interaction between β 2-tubulin and IDH3 in *Fusarium graminearum*', *Environmental Microbiology*, 22(2), pp. 598–614. Available at: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14874>.

DISTRIBUCIÓN POBLACIONAL DE CEPAS TOXIGÉNICAS Y ATOXIGÉNICAS DE *Aspergillus flavus* NATIVAS DE SUELOS MAICEROS PARA MITIGAR LAS AFLATOXINAS EN MAÍZ, EN MÉXICO

Carlos **Muñoz-Zavala**¹, María de Jesús **Yañez-Morales**¹, María del Pilar **Rodríguez-Guzmán**¹, Alejandro **Ortega-Beltrán**³, Natalia **Palacios-Rojas**², Ana María **Hernández-Anguiano**^{1*}.

¹Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. ²Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, Texcoco.

³Instituto Internacional de Agricultura Tropical, Nigeria. *Autor para correspondencia: ahernandez@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

La producción de maíz (*Zea mays* L.) en México es diversa, pero a pesar del sistema de cultivo, el grano se puede contaminar por aflatoxinas (AF). Las AF son metabolitos secundarios, producidos por el hongo *Aspergillus flavus*. Desde 1990 se tienen los primeros reportes de contaminación por AF en la región de Tamaulipas. Sin embargo, en los últimos años, el problema ha aumentado debido a que en el país se han presentado condiciones favorables, como altas temperaturas y sequías, que propician la producción de AF. Una de las mejores estrategias para reducir la contaminación por AF es el uso del control biológico mediante la aplicación en campo de cepas no aflatoxigénicas de *A. flavus* en formulaciones comerciales como: AF36-Prevail® y Afla-Guard® (EE. UU), Aflasafe (África) y AF-XI® (Italia) (Moral *et al.*, 2020). La formulación AF36-Prevail® se probó con buenos resultados en campos maiceros de Tamaulipas y Campeche con reducción en los niveles de AF en grano por debajo de los límites máximos permitidos (<20 ppb) (Muñoz-Zavala *et al.*, 2025; Ortega-Beltran *et al.*, 2016). Para mayor efectividad, es importante que la cepa sea endógena de la zona donde se usará, y que los productos de biocontrol se hayan formulado con múltiples cepas (Mehl *et al.*, 2012).

Por lo tanto, el objetivo general de este proyecto es estudiar la distribución poblacional de cepas de *A. flavus* nativas de campos maiceros con producción de híbridos y criollos en climas tropicales y subtropicales de México, para seleccionar las cepas más promisorias con actividad de biocontrol similar o superior a la cepa control AF36-Prevail®. En este evento se reportan avances del aislamiento, caracterización y determinación de morfotipo esclerótico de cepas de *Aspergillus* de suelos maiceros de México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo de suelos maiceros. Se muestrearon 286 campos distribuidos en 96 municipios de 11 regiones de México durante 2023-2025 (**Cuadro 1**) con diferentes escenarios de: manejo agronómico, clima, tipo de suelo, siembra de maíz híbrido y criollo, para examinar la asociación que pudiera ocurrir en presencia o ausencia de *A. flavus*. Los procedimientos de colecta se hicieron de acuerdo con Ortega-Beltran *et al.* (2015).

Cuadro 1. Total de muestras de suelo maicero colectadas por lugar de origen en México.

Estado	Municipio / Localidad	Número de muestras
Baja California	Mexicali	15
Campeche	Bacabchen, Calakmul, Candelaria, Chavi, Chunyaxnic, Emiliano Zapata, Katab, Nohalal, Nuevo Progreso, Nueva Trinidad, Pachuitz, Santa Rosa, Yalnon	66
Chiapas	Chiapa de Corzo, La Concordia, Suchiapa, Villaflores	15
Chihuahua	Guachochi, Mariano Balleza	10
Guanajuato	Celaya, Cortazar, Juventino	6
Jalisco	San Juan de los Lagos, Poncitlán	6
Michoacán	Zamora	3
Sonora	Benito Juárez, Cajeme, Huatabampo	15
Tamaulipas	Abasolo, Díaz Ordaz, Río Bravo	23
Veracruz-Región:		
Centro	Acajete, Altotonga, Atzalan, Ayahualulco, Jalacingo, Las Vigas, Tepeyolulco, Texhuacan, Xico, Xoxocotla	52
Huasteca	Alamo Temapache, Benito Juárez, Chalma, Chicontepec, Chontla, Ixcatepec, Ixhuatlan de Madero, Platón Sánchez, Tantoyuca, Tempoal, Tepetzintla, Zontecomatlán	19
Norte	Agua Fría, Cazonas, Chumatlán, Coatzintla, Coxquihui, Coyutla, Espinal, Mecatlán, Papantla, Ricardo Flores Magón, Zozocolco de Hidalgo	27
Sur	Benito Juárez, Buena Vista, El Corpal, El Garro, El Juile, El Marquesillo, Emiliano Zapata, La Cañada, La Colmena, La Pitahaya, Las Pochotas, Ocozotepec, Ojo De Agua, Ojochapa, Piedras Negras, Poblado 3, San Antonio, Santa Rosa Loma Larga, Villa Alta, Villa Guerrero	29

Aislamiento de *A. flavus* en medio rosa de Bengala (MRB). En este medio se registró el número total de colonias por placa para calcular las unidades formadoras de colonias por gramo de

suelo (UFC/g). El MRB es específico para especies de *Aspergillus* sección *Flavi*, y restringe el crecimiento de otros hongos de rápido crecimiento (Cotty, 1994).

Caracterización morfológica de *A. flavus*. Con ayuda de un palillo de madera estéril se tomaron las UFC para inocular placas Petri con medio jugo V8 (Campbells®) al 5% a $31\pm1^{\circ}\text{C}$, en oscuridad por 7 días. Todos los aislamientos se caracterizaron por su morfotipo esclerótico L o S de acuerdo a Cotty (1989) con algunas modificaciones (**Figura 1A**). Seis discos de 2 mm de cada aislamiento con morfotipo L se almacenaron en tubos eppendorf con 1 mL de agua destilada-estéril a 4°C para estudios de efectividad biológica.

Tratamiento con vapor de amoníaco (AM). De cada morfotipo de *A. flavus* con morfotipo L se tomaron 10 μL para reactivarse por separado en medio glucosa-levadura (GY) a $31\pm1^{\circ}\text{C}$, en oscuridad por 7 días. Las colonias desarrolladas se expusieron a vapor de hidróxido de amonio a 28 % (200 μL) para registrar cambios en la coloración después de 20 min de tratamiento. Los morfotipos que presentaron cambio de amarillo pálido a rojo-purpura se registraron como morfotipos toxigénicos (Kushiro *et al.*, 2018) (**Figura 1B**).

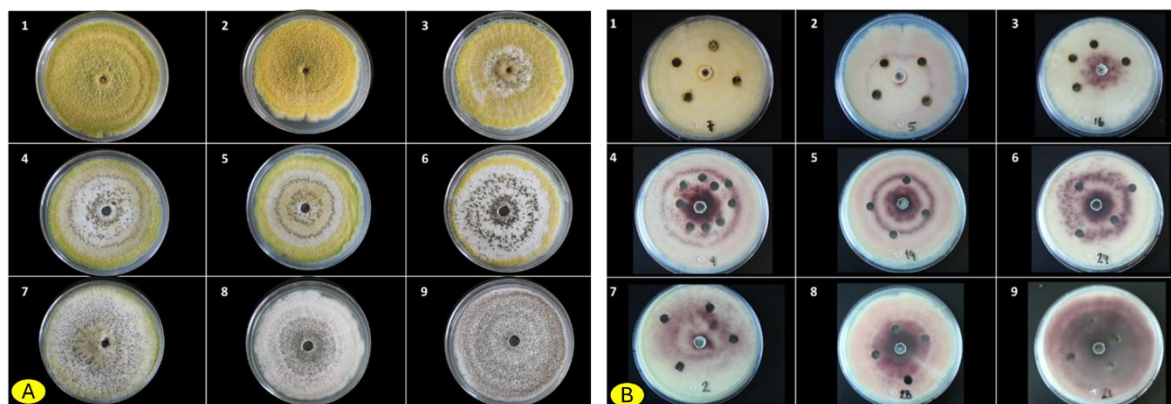


Figura 1. Clasificación morfológica de aislamientos de *A. flavus* obtenidos de suelos maiceros en México. **A)** Nueve morfotipos en medio GY organizados por tamaño de esclerocio (1-6, cepas L con esclerocios $\geq 400\ \mu\text{m}$ y 7-9, cepa S con esclerocios $\leq 400\ \mu\text{m}$). **B)** Reverso de placas de morfotipos en GY registrados como: atoxigénicos (1 a 3) y toxigénicos (4 a 9) por la reacción del tratamiento con vapor de amoníaco.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se aislaron e identificaron especies de *Aspergillus* sección *Flavi*, en muestras de suelos maiceros de diferentes regiones de México. Los aislamientos se clasificaron en cepas S y L según

el tamaño del esclerocio. Los aislamientos L (1,944 morfotipos) predominaron sobre los aislamientos S (601 morfotipos). El 44.3% de los morfotipos L resultaron no aflatoxigénicos por la prueba con vapor de AM (**Cuadro 2**).

Cuadro 2. Promedio de UFC/g y distribución de aislamientos de *Aspergillus* con morfotipo L obtenidos a partir de suelos maiceros en México.

Estado	Promedio UFC/g ¹	Morfotipo L		
		Total ²	Atoxigénicos ³	Toxigénicos ³
Baja California	190.3	98	52	46
Campeche	270.2	647	306	341
Chiapas	734.2	172	41	131
Chihuahua	27.5	16	2	14
Guanajuato	85.4	45	25	20
Jalisco	81.3	38	22	16
Michoacán	195.8	30	5	25
Sonora	1376.7	96	45	51
Tamaulipas	817.9	331	197	134
Veracruz-región:				
Centro	1.0	2	1	1
Huasteca	135.7	86	56	30
Norte	312.1	184	28	151
Sur	245.7	199	76	123
Gran total		1,944	856	1,083

¹UFC/g = (Número de colonias en MRB/ Volumen de muestra inoculada) x Factor de dilución (volumen del agua / volumen del suelo). ²Total de aislamientos de *A. flavus* con morfotipo L crecidos en medio V8. ³Aislamientos de *A. flavus* con morfotipo L crecidos en medio GY y tratados con vapor de amoníaco.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca (CVU: 966981) otorgada al primer autor. A técnicos y productores participantes en las colectas de suelo del Programa de Producción para el Bienestar de Veracruz. Al personal del Laboratorio de calidad de maíz y micotoxinas del CIMMYT.

LITERATURA CITADA

- Cotty, P. J. (1989). Virulence and cultural characteristics of two *Aspergillus flavus* strains pathogenic on cotton. *Phytopathology*, 79(7) 808–814.
- Cotty, P. J. (1994). Comparison of four media for the isolation of *Aspergillus flavus* group fungi. *Mycopathologia*, 125(3), 157–162. <https://doi.org/10.1007/BF01146521>

- Kushiro, M., Hatabayashi, H., Yabe, K., & Loladze, A. (2018). Detection of Aflatoxigenic and Atoxigenic Mexican *Aspergillus* Strains by the Dichlorvos–Ammonia (DV–AM) Method. *Toxins*, 10(7), Article 7. <https://doi.org/10.3390/toxins10070263>
- Mehl, H. L., Jaime, R., Callicott, K. A., Probst, C., Garber, N. P., Ortega-Beltran, A., Grubisha, L. C., & Cotty, P. J. (2012). *Aspergillus flavus* diversity on crops and in the environment can be exploited to reduce aflatoxin exposure and improve health. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1273(1), 7–17. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2012.06800.x>
- Moral, J., Garcia-Lopez, M. T., Camiletti, B. X., Jaime, R., Michailides, T. J., Bandyopadhyay, R., & Ortega-Beltran, A. (2020). Present Status and Perspective on the Future Use of Aflatoxin Biocontrol Products. *Agronomy*, 10(4), Article 4. <https://doi.org/10.3390/agronomy10040491>
- Muñoz-Zavala, C., Molina-Macedo, A., Toledo, F. H., Telles-Mejía, E., Cabrera-Soto, L., & Palacios-Rojas, N. (2025). Combating aflatoxin contamination by combining biocontrol application and adapted maize germplasm in northeastern and southeastern Mexico. *Biological Control*, 204, 105727. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2025.105727>
- Ortega-Beltran, A., Grubisha, L. C., Callicott, K. A., & Cotty, P. J. (2016). The vegetative compatibility group to which the US biocontrol agent *Aspergillus flavus* AF36 belongs is also endemic to Mexico. *Journal of Applied Microbiology*, 120(4), 986–998. <https://doi.org/10.1111/jam.13047>
- Ortega-Beltran, A., Jaime, R., & Cotty, P. J. (2015). Aflatoxin-producing fungi in maize field soils from sea level to over 2000 masl: A three-year study in Sonora, Mexico. *Fungal Biology*, 119(4), 191–200. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2014.12.006>

ENCAPSULACIÓN ORGÁNICA DE UNA MATRIZ MULTIFUNCIONAL DE *Trichoderma* spp. PARA RESTAURAR LA SUPRESIVIDAD DE SUELOS AGAVEROS DE JALISCO

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

¹Programa de Fitosanidad Fitopatología. Carr. México-Textcoco km 36.5, Montecillo, Textcoco, Estado de México, México. C.P. 56264. ²Departamento de Edafología. Carr. México-Textcoco km 36.5, Montecillo, Textcoco, Estado de México, México. C.P. 56264. ³Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Instituto de Investigaciones Químico Biológicas. Francisco J. Mújica s/n, Ciudad Universitaria, Morelia, Michoacán, México, C.P. 58030

*Autor para correspondencia: morag@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El uso de bio reguladores microbianos (BM) es una medida compatible con los 17 objetivos para la sostenibilidad de la ONU (2015). Sin embargo, requiere bioprospección con fines adaptativos y la aplicación eficiente de microorganismos o sus bioproductos (Roberts y Tylor, 2016). Otra estrategia, es fortalecer o inducir suelos supresivos donde el microbioma endémico puede reducir cargas de inóculo y la incidencia/severidad de enfermedades de raíz en presencia del hospedero (Schlatter *et al.*, 2017). Se han identificado 25 especies de *Trichoderma* con potencial de BM para más de 100 fitopatógenos con múltiples mecanismos de acción (Thambugala *et al.*, 2020). Se postula que la dispersión 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 del agave (SMAP), influenciados por carga de inóculo, diversidad genética y de complejos de especies de *Fusarium* spp, densidad del hospedero y propiedades edáficas. Asimismo, que se puede optimizar la supresividad del suelo para la producción sostenible del agave, con subpoblaciones nativas adaptadas de *Trichoderma* y otros BM. El objetivo de esta investigación es desarrollar y validar *in vitro* e *in vivo* una matriz funcional a base de linajes de especies nativas y prevalentes de *Trichoderma* spp. con mecanismos de acción complementarios, empleando subproductos (industria tequilera) para encapsular, que permitan innovar los métodos de aplicación convencional con un Nivel de Madurez Tecnológica (TRL) 4.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se seleccionaron seis y una especie-haplotipo de *Trichoderma* y *Fusarium*, respectivamente de la colección de CP- LANREF. El acervo se obtuvo con criterios del sistema epidemiológico SMAP en *A. tequilana* en las regiones Altos, Valles y Sur de Jalisco. Se confirmó la prevalencia regional de estos aislados empleando el índice multivariado de salud de suelos CP-LANREF (Muñoz-Alcalá *et al.*, 2024). Se estandarizó la actividad enzimática en *T. asperellioides*, *T. lentiforme*, *T. asperellum*, *T. koningopsis*, *T. afroharzianum* *T. endophyticum*, aislados de plantaciones *A. tequilana* (regiones altos y sur). Los aislados se activaron en PDA a 28°C con 12 h luz por siete días, posteriormente se verificó la pureza. La actividad quitinolítica (AQ) y celulolítica (AC) se evaluó en medios con carboximetilcelulosa y quitina coloidal, respectivamente, sembrado por triplicado con discos de 0.5 cm con micelio activo según las metodologías reportadas por Hernández-Melchor *et al.*, (2022). **Fermentación líquida:** La fuente de celulosa (1%), obtuvo de 5 g de bagazo de agave, molido con 32 balines de acero (¼) a 25 frecuencias por 10 minutos, en un disruptor Retsch MM-400. La fuente de quitina (0.5%) se obtuvo biomasa del aislado *Fusarium oxysporum* H1 (Mendoza-Ramos *et al.*, 2020) en PD a 28 °C y 120 rpm por nueve días. Se empleó un diseño factorial (4x6), los tratamientos fueron T1, Medio mínimo basal (MMB), T2, MMB y bagazo 1%, T3, MMB más 0.5% de *F. oxysporum* H1. T4, combinación de T1 + T2 + T3. La unidad experimental fue un tubo de 50 mL con 40 mL según el tratamiento y 1×10^6 conidios/mL de cada aislado. La fermentación se mantuvo a 170 rpm por 30 días a temperatura ambiente, con evaluaciones cada tercer día. La AC y AQ se midió según lo descrito por Vargas-Hoyos (2015) y Hernández-Melchor *et al.*, (2022) por la técnica de DNS. Los datos se analizaron mediante el área bajo la curva del progreso de absorbancias en tiempo (ABCP). Se utilizó el software RStudio v.2024.04.2+764 lib. tidy, purrr y pracma. **Encapsulamiento mediante gelificación iónica:** Se adaptó la metodología de Localli *et al.* (2018) para encapsular *Trichoderma* spp. usando bagazo de agave con tres formulaciones al 1, 2 y 4% en combinación con alginato de sodio 1, 2 y 2%, respectivamente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La colección de CP-LANREF conserva 101 aislamientos de *Trichoderma* spp., distribuidos en las regiones Altos (41), Valles (16) y Sur (35) con 50 variables asociadas a factores químicos, físicos y biológicos de los suelos de colecta. Se confirmó que los aislados de *Trichoderma*

estuvieran asociados con muestras provenientes de salud de suelo de agave potencialmente supresivo (López-Bautista *et al.*, 2019; Mendoza-Ramos *et al.*, 2021; Muñoz- Alcalá *et al.*; 2024). Las seis especies mostraron capacidad enzimática diferencial. *T. afroharzianum* (Figura 1A y D) exhibió los mayores halos de degradación para ambas enzimas, en contraste con *T. lentiforme* y *T. endophyticum* en AC y AQ, respectivamente (Figura 1 E y H). En estos avances la cinética enzimática ha sido analizada en 40%, mostrando datos sin una distribución normal ni varianzas homogéneas (Shapiro y Levene $p < 0.05$). **En celulasas-CMC**, *T. endophyticum* y *T. asperellum* presentaron la mayor efectividad, con una media estimada $\bar{x} = 62.7$ y 5.5 UI L^{-1} , grupo c y bc, respectivamente. En contraste, *T. asperellioides*, *T. koningopsis*, y *T. lentiforme* con valores inferiores ($17.6 - 24.4 \text{ UI L}^{-1}$). Los tratamientos T4 y T2 mostraron $\bar{x} = 58.9$ y 50.1 UI L^{-1} , grupo d y c, superiores a T3 y T1 con valores $\bar{x} = 26.4$ y 10.6 UI L^{-1} . Las interacciones especie – tratamiento a *T. asperellum* y *T. endophyticum* con T2 y T4, respectivamente como las combinaciones más eficientes. Temporalmente se observa un comportamiento oscilante con la mayor producción dos días después de la inoculación (DDI) por *T. endophyticum* con T4 con ABCP= $4648.47 \text{ UI L}^{-1}$, replicado por *T. afroharzianum* posiblemente por la disponibilidad inmediata de celulasa en el T4 (Figura 1C y G). En contraste con los aislados de *Trichoderma* sp. aislados de maíz donde se reporta 1323 IU L^{-1} (Hernández-Melchor *et al.*, 2022). **En quitinasas** el comportamiento mostró a *T. endophyticum* con $\bar{x} = 58.9 \text{ UI L}^{-1}$ grupo c, en comparación con *T. asperellum*, $\bar{x} = 17.2 \text{ UI L}^{-1}$ grupo a. Los tratamientos T4 y T2 presentaron la mejor producción con 51.3 y 47.8 UI L^{-1} grupo b, respectivamente. Mientras que T1 y T3 (grupo a) fueron menores 17.9 y 28.9 UI L^{-1} . Las interacciones especie – tratamiento no evidenciaron diferencias significativas (11.3 a 57.3 UI L^{-1}). El comportamiento temporal no mostró diferencias en la mayoría de las especies a excepción de *T. endophyticum* y *T. koningiopsis* (2 DDI). Por su parte las formulaciones realizadas mostraron que bagazo y alginato (2%) produjeron esferulas firmes, mientras que al 4% dificulta la incorporación al ClCa₂. El uso de subproductos de la industria tequilera es promisorio para una formulación estable de una matriz de *Trichoderma*. Se requiere ampliar la exploración del acervo, completar la colecta en Valles. Además, de evaluar compatibilidad entre cepas, los mecanismos de acción contra *Fusarium* y otros métodos de encapsulamiento.

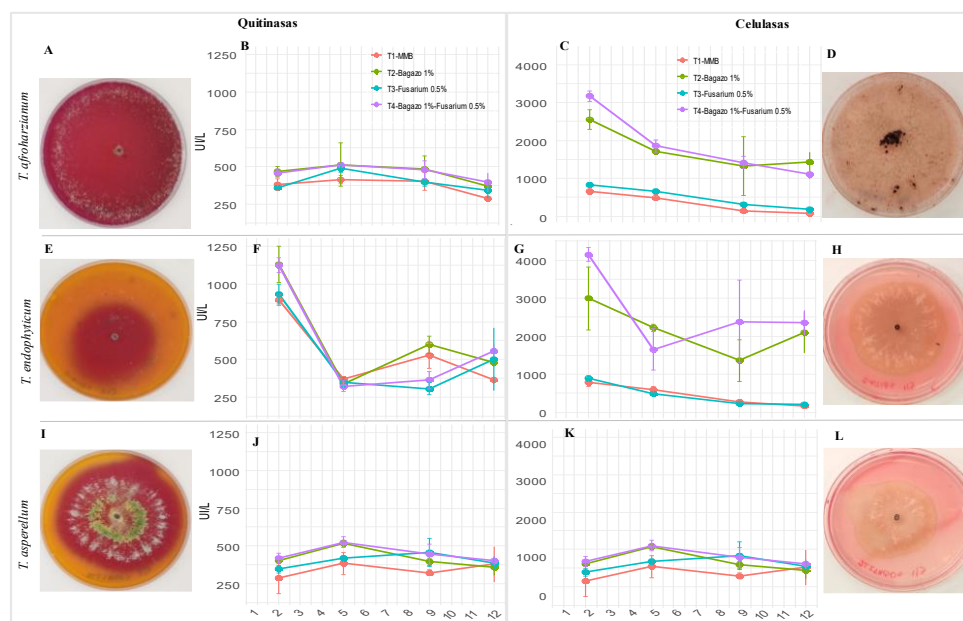


Figura 1. Producción de quitinasas y celulasas en sustratos de bagazo T2, *F. oxysporum* H1 T3, combinación T2 + T3 y testigo. A–D: *T. afroharzianum*; E–H: *T. endophyticum*; I–L: *T. asperellum*; A, E, I: La actividad quitinolítica (halos morados). B, F, J: Cuantificación de quitinas expresada en Unidades Internacionales por litro UI L⁻¹. C, G, K: La actividad celulolítica (halos rojos). D, H, L: Cuantificación de celulasas – CMC en UI L⁻¹.

AGRADECIMIENTOS

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

LITERATURA CITADA

- Hernández-Melchor DJ, Guerrero-Chávez AC, Ferrera-Rodríguez MR, Ferrera-Cerrato R, Larsen J, Alarcón A. 2023. Cellulase and chitinase activities and antagonism against *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 1 of six *Trichoderma* strains isolated from Mexican maize cropping. *Biotechnology Letters* 453: 387-400. <https://doi.org/10.1007/s10529-022-03343-x>.
- Locatelli GO, dos Santos GF, Botelho PS, Finkler CLL, Bueno LA. 2018. Development of *Trichoderma* sp. formulations in encapsulated granules CG and evaluation of conidia shelf-life. *Biological Control* 117: 21-29. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2017.08.0>
- López-Bautista, V, Mora-Aguilera G, Gutiérrez-Espinosa MA, Mendoza-Ramos C, Martínez-Bustamante VI, Coria-Contreras JJ, Acevedo-Sanchez G, 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>
- Mendoza-Ramos C, Mora-Aguilera G, Coria-Contreras JJ, Santana-Peñaloza B, Acevedo-Sánchez G, Martínez-Bustamante V, Rubio-Cortés R. 2021. *Fusarium* spp. and inoculum load estimation associated to commercial *Agave tequilana* offsets at different regional epidemic inductivity levels. Mexican Journal of Phytopathology 391: 94-121.
- Muñoz A A, Mora AG, Mora AA. Ramón RC. 2024. Efecto de textura, compactación, ph, materia orgánica y población de hongos del suelo en la supresividad regional de *Fusarium* spp. en *Agave tequilana*. Terra 2025 (Enviado).
- ONU (Organización de las Naciones Unidas). 2015. La Asamblea General adopta la Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible. Recuperado: <https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/2015/09/la-asamblea-general-adopta-la-agenda-2030-para-el-desarrollo-sostenible>
- Roberts MR, Taylor JE. 2016. Exploiting plant induced resistance as a route to sustainable crop protection. Plant Pathogen Resistance Biotechnology 317-339.
- Schlatter D, Kinkel L, Thomashow L, Weller D, Paulitz T. 2017. Disease suppressive soils: new insights from the soil microbiome. Phytopathology 10711: 1284-1297
- Thambugala KM, Daranagama DA, Phillips AJ, Kannangara SD, Promptutha 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. DOI: 10.3389/fcimb.2020.604923.
- Vargas-Hoyos HA, Gilchrist-Ramelli E. 2015. Producción de enzimas hidrolíticas y actividad antagónica de *Trichoderma asperellum* sobre dos cepas de *Fusarium* aisladas de cultivos de tomate *Solanum lycopersicum*. Revista Mexicana de Micología 42: 9–16.

ACTIVIDAD NEMATICIDA DE *Ipomoea purpurea*, *Lysimachia arvensis* Y *Conium maculatum* CONTRA *Rotylenchulus reniformis*, *Meloidogyne incognita* Y *Nacobbus aberrans* EN JITOMATE BAJO INVERNADERO

Julio Hernán Ruiz-Ibarra^{1*}, Ignacio Cid del Prado-Vera¹, Raúl Velasco-Azorsa², María del Pilar Rodríguez Guzmán¹, Alfonsina Judith Hernández¹, Mateo Varga-Herández³.

¹Colegio de postgraduados, Programa de Fitopatología, Carretera Federal México-Texcoco Km 36.5, 56264 Texcoco, Estado de México. ²Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Centro de Investigaciones Biológicas, Área Académica de Biología, Mineral de La Reforma, Hidalgo. 42184. ³Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Suelos, C.P. 56230, Texcoco, Estado de México.

*Autor para correspondencia: ruiz.julio@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

En las últimas décadas, la producción agrícola ha enfrentado diversos desafíos que afectan tanto el rendimiento como la calidad de los cultivos. Entre ellos, los nematodos fitopatógenos agalladores representan una de las principales amenazas causantes de estos problemas para el agricultor. Dentro de este grupo, están los nematodos endoparásitos sésiles *Meloidogyne* spp. y *Nacobbus aberrans* destacan como algunas de las especies más dañinas presentes en México (Cid del Prado-Vera *et al.*, 2022). Estos organismos comprometen la sanidad de cultivos hortícolas como el tomate (*Solanum lycopersicum* L.), papa (*S. tuberosum* L.), chile (*Capsicum annuum* L.) y leguminosas como el frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.), generando pérdidas económicas que pueden superar el 50 % en infestaciones severas (Manzanilla-López *et al.*, 2002). Cabe destacar que *N. aberrans* aún no está presente en la Unión Europea, lo que incrementa su relevancia como riesgo fitosanitario a nivel global (EPPO, 2025). Para combatir este problema, es fundamental el desarrollo de estrategias de manejo integrado de plagas y enfermedades. Si bien los nematicidas sintéticos han sido eficaces, su uso prolongado genera consecuencias negativas como fitotoxicidad, riesgo para la salud humana y contaminación ambiental. Como alternativa, se han propuesto extractos vegetales provenientes de especies de plantas con amplia distribución. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto nematicida bajo condiciones de laboratorio (*in vitro*) de extractos metanólicos de *Ipomoea purpurea*, *Lysimachia arvensis* y *Conium maculatum*, especies consideradas malezas comunes en la región central de México. Su abundancia representa una

opción viable y sustentable para el manejo de nematodos, minimizando los efectos colaterales de los productos químicos tradicionales.

MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. Inóculo de nematodos

Se utilizaron poblaciones de *M. incognita* y *N. aberrans* mantenidas en cultivos de tomate variedad “Río Grande” bajo condiciones de invernadero en el Colegio de Postgraduados, Campus Montecillos. La identificación se realizó mediante técnicas morfológicas y morfométricas aplicadas a hembras sésiles y J2, observando características como la morfología de la región cefálica, estiletes, glándulas esofágicas y patrón perineal.

2.2. Juveniles J2 de *M. incognita* y *N. aberrans*

Los huevos fueron extraídos de raíces agalladas por la técnica de NaOCl al 0.4% (Vrain, 1997), capturados en el tamiz de 500 mallas y concentrados en placas Petri para su incubación. Se mantuvieron a 26–27 °C para *M. incognita*, presentándose una eclosión máxima a los 4 días mientras que a 25 °C, *N. aberrans* presento la máxima eclosión a los 6 días. Solo se utilizaron J2 eclosionados dentro de estos periodos.

2.3. Actividad nematocida *in vitro*

Se evaluó la inmovilidad de individuos J2 de ambas especies tras 24, 48 y 72 h de exposición con los extractos metanólicos de *I. purpurea*, *L. arvensis* y *C. maculatum* a 10, 100 y 1000 µg/mL, el control positivo fue fluopyram (VerangoPrime®, Bayer) y el control negativo una solución de Tween 80 al 0.05%. El número de individuos J2 por tratamiento fue de 25, en placas de 96 pozos, por triplicado, y mantenidos a 25°C. Después de 72 h, los tratamientos fueron reemplazados por agua destilada estéril, y se evaluó la recuperación de movilidad a las 24 h posteriores. Se utilizó la fórmula de Abbott para corregir la mortalidad.

2.4 Análisis estadístico

Se realizó el Análisis de varianza y Comparación múltiple de medias mediante el procedimiento Tukey, con el método DMS ($P < 0.05$) con el software SAS.

2.5. Fraccionamiento cromatógrafo

Se fraccionaron 10g de extracto de cada una de las plantas seleccionadas, en cromatografía flash de 16 x 2 cm con flujo de 2 ml/min con hexano/AcOEt, colectando fracciones de 50 ml, las cuales fueron monitoreadas por cromatografía en capa fina. Los compuestos aislados se elucidaron mediante experimentos de RMN de ^1H y ^{13}C a 400 y 100 MHz con CDCl_3 .

RESULTADOS Y DISCUSION

Efecto de los extractos metanólicos sobre la inmovilidad y su actividad nematocida en *Meloidogyne incognita* y *Nacobbus aberrans*

Los extractos metanólicos de *C. maculatum*, *I. purpurea* y *L. arvensis* mostraron efectos diferenciados sobre la inmovilidad y mortalidad de individuos (J2) de *M. incognita* y *N. aberrans*, en función del tiempo de exposición (24, 48, 72 y 96 h) y la concentración aplicada (10, 100 y 1000 $\mu\text{g mL}^{-1}$). El extracto de *C. maculatum* fue el más efectivo, induciendo inmovilidad desde las primeras 24 horas, especialmente a concentraciones de 100 y 1000 $\mu\text{g mL}^{-1}$. Este efecto se mantuvo hasta las 72 horas. A las 96 horas, su actividad nematocida se confirmó con una baja recuperación de movilidad (8%), incluso después de diluir el tratamiento con agua destilada estéril. *I. purpurea* presentó una respuesta más gradual. En *M. incognita*, la inmovilidad fue baja $<50\%$, mientras que en *N. aberrans* se alcanzó $>50\%$ a las 24 horas en concentraciones altas, con máxima eficacia a las 72 horas. Su actividad nematocida a 96 horas fue más efectiva contra *N. aberrans*, con apenas 3.5% de recuperación, pero limitada frente a *M. incognita*. Por su parte, *L. arvensis* no mostró efectos relevantes ni en la inmovilidad ni en la mortalidad de ninguna de las especies evaluadas.

La eficacia del extracto de *C. maculatum* se relaciona con la presencia de coniina, un alcaloide piperidínico neurotóxico que actúa como antagonista de los receptores nicotínicos de acetilcolina en invertebrados (Hotti, 2017; Erkent *et al.*, 2016; Redulovic *et al.*, 2012). Este estudio reporta una mayor eficacia que la observada por (Akyazi, 2014), y demuestra por primera vez su actividad nematocida contra *M. incognita* y *N. aberrans*. *I. purpurea*, aunque no había sido evaluada previamente frente a nematodos fitoparásitos, mostró buen efecto, similar o superior al de otras especies del género como *I. carnea* (Abdullah *et al.*, 2023) y *I. murcoides* (Vázquez-Sánchez *et al.*, 2018). El fraccionamiento del extracto reveló la presencia de beta-sitosterol y estigmasterol, compuestos con actividad nematocida (Cabianca *et al.*, 2022; Velasco-Azorsa *et al.*, 2021). En contraste, *L. arvensis* no mostró antecedentes ni eficacia relevante; sus efectos leves podrían

atribuirse a baja concentración de compuestos activos, por lo que se sugiere explorar otras condiciones de extracción.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por el apoyo beca nacional número 1330603.

LITERATURA CITADA

- Abdullah MM, Khan, Amir, Albargi, Hasan B., Ahmad, Mohammad Zaki, Ahmad, Javed, Ahmad, Faheem, et al. 2023. *Ipomoea carnea* associated phytochemicals and their *in silico* investigation towards *Meloidogyne incognita*. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science. 73 (1): 74-87. <http://dx.doi.org/10.1080/09064710.2023.2194305>
- Akyazi F. 2014. Effect of Some Plant Methanol Extracts on Egg Hatching and Juvenile Mortality of Root-Knot Nematode *Meloidogyne incognita*. American Journal of Experimental Agriculture. 4: 1471-9. <http://dx.doi.org/10.9734/AJEA/2014/10525>
- Cabianca, A., Ruthes, A. C., Pawlowski, K., Dahlin, P. 2022. Tomato Sterol 22-desaturase Gene CYP710A11: Its Roles in *Meloidogyne incognita* Infection and Plant Stigmasterol Alteration. International Journal of Molecular Sciences. 1; 23(23):15111. <https://doi.org/10.3390/ijms232315111>
- Cid del Prado-Vera I, Magallanes-Tapia MA, Velasco-Azorsa R, Pérez-Espíndola A. 2022. Organic Amendments and Other Strategies for Management of *Meloidogyne* spp. and *Nacobbus aberrans* in Horticultural and Orchard Crops: The Mexican Experience. Sustainable Management of Nematodes in Agriculture: Organic Management. 1 p. 343-79. https://doi.org/10.1007/978-3-031-09943-4_14
- EPPO (Global Database) *Nacobbus aberrans* sensu lato (NACOBAs). <https://gd.eppo.int/taxon/NACOBAs> (Recuperado: mayo 2025).
- Erkent U, Iskit AB, Onur R, Ilhan M. 2016. The effect of coniine on presynaptic nicotinic receptors. Zeitschrift für Naturforschung C. 71 (5-6): 115-20. <https://doi.org/10.1515/znc-2015-0194>
- Hotti H, Rischer H. 2017. The killer of Socrates: Coniine and Related Alkaloids in the Plant Kingdom. Molecules. 22 (11): 1-962. <https://doi.org/10.3390/molecules22111962>
- Manzanilla-Lopez RH, Costilla MA, Doucet M, Franco J, Inserra RN, Lehman PS, et al. 2002. The genus *Nacobbus* Thorne & Allen, 1944 (Nematoda: Pratylenchidae): Systematics, distribution, biology and management. Nematropica.:149-228.

- Radulović N, Dorđević N, Denić M, Pinheiro MMG, Fernandes PD, Boylan F. 2012. A novel toxic alkaloid from poison hemlock (*Conium maculatum* L., Apiaceae): identification, synthesis and antinociceptive activity. *Food Chem Toxicol.* 50 (2): 274-9. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2011.10.060>
- Vázquez-Sánchez M, Medina-Medrano JR, Cortez-Madrigal H, Angoa-Pérez MV, Muñoz-Ruiz CV, Villar-Luna E. 2018. Nematicidal activity of wild plant extracts against second-stage juveniles of *Nacobbus aberrans*. *Nematropica.* 48 (2): 136–144.
- Velasco-Azorsa R, Cruz-Santiago H, Cid del Prado-Vera I, Ramirez-Mares MV, Gutiérrez-Ortiz MdR, Santos-Sánchez NF, Salas-Coronado R, Villanueva-Cañongo C, Lira-de León KI, Hernández-Carlos B. 2021. Chemical characterization of plant extracts and evaluation of their nematicidal and phytotoxic potential. *Molecules.* 26(8): 2216. <https://doi.org/10.3390/molecules26082216>.
- Vrain TC. 1977. A technique for the collection of larvae of *Meloidogyne* spp. and a comparison of eggs and larvae as inocula. *Journal Nematol.* 9 (3): 249-51.

EXTRACTOS METANÓLICOS DE *Ricinus communis* Y *Melia azedarach* COMO MÉTODO DE CONTROL DE NEMATODOS EN EL CULTIVO DE *Saintpaulia ionantha*

Eligio Sosa-Perez^{1*}, Ignacio Cid del Prado-Vera¹, Ramón Marcos Soto-Hernández², María del Pilar Rodríguez-Guzmán¹.

¹Posgrado de Fitosanidad-Fitopatología, Colegio de Postgraduados, Montecillo. ²Posgrado en Botánica, Colegio de Postgraduados, Montecillo, Estado de México. *Autor para correspondencia: sosa.eligio@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Los nematodos fitopatógenos generan pérdidas en la producción de cultivos principalmente en hortalizas. En plantas ornamentales, como violeta africana, se han reportado a las especies *Malenchus bryophilus*, *Meloidogyne arenaria*, *M. incognita*, *M. hapla*, *M. javanica*, *Scutellonema brachyurus*, *Criconema* sp., *Paratylenchus projectus*, *Pratylenchus pratensis* y *Rotylenchus brachyurum*, las cuales tienen la capacidad de afectar el cultivo (Horst, 2013; Kepenekci, 2014; Knight *et al.*, 1997; Silva *et al.*, 2017). El uso de productos químicos es el método más utilizado para el control de nematodos (Mwamula *et al.*, 2022). Sin embargo, el control no siempre es el esperado debido a diversos factores que afectan su eficiencia. Alternativas de origen biológico se han desarrollado, como es el uso de *Paecilomyces lilacinus* un hongo que es capaz de infectar tanto huevos como juveniles de nematodos (Saxena, 2018; Viaene *et al.*, 2013). Asimismo, existe amplia investigación sobre el uso extractos vegetales capaces de disminuir la población de nematodos fitopatógenos (Mwamula *et al.*, 2022). En este sentido, extractos de especies como *Ricinus communis* y *Melia azedarach* se han reportado como tóxicos para nematodos (Ayala *et al.*, 2017; Ntalli *et al.*, 2010). Es por ello que esta investigación tuvo como objetivo evaluar *in vitro* la toxicidad de extractos metanólicos de *R. communis* y *M. azedarach* sobre *M. incognita* e identificar nematodos asociados al cultivo de violeta africana.

MATERIALES Y MÉTODOS

Obtención de nematodos: Recolección y procesamiento de muestras de sustrato. Las muestras de sustrato fueron colectadas en Jalpan, Puebla, en marzo de 2024, de plantas de violeta africana que se encontraban en maceta en invernadero. Los nematodos fueron extraídos de mediante la técnica de flotación centrifugado (Viaene *et al.*, 2021). Los especímenes fueron sacrificados, deshidratados y transferidos a glicerina, mediante el método descrito por Cid del Prado Vera & Subbotin (2012), y se montaron en portaobjetos de vidrio. La observación de los

especímenes en microscopía electrónica de barrido, y se preparados según los descrito por Yushin *et al.* (2021).

Obtención de extractos vegetales. El material vegetal se colectó en el municipio de Jalpan, Puebla. Los frutos de *R. communis* se secaron en una estufa a 40° C y las hojas de *M. azedarach* se secaron a temperatura ambiente hasta obtener peso constante. Posteriormente, los extractos de ambas plantas se obtuvieron mediante maceración con metanol. El extracto se concentró en un rotavapor BUCHI® y posteriormente se guardó en refrigeración a 4 °C hasta su uso.

Obtención de *Meloidogyne*. Las hembras, machos y masas de huevos se extrajeron mediante disección de agallas de las raíces del cultivo de violeta africana; con las masas de huevos extraídas se inocularon plantas de jitomate cv. “Rio Grande” para incrementar y mantener el inóculo, en condiciones de invernadero.

Actividad nematocida *in vitro*. Se colocaron 25 juveniles activos en segundo estadio (J2) de *M. incognita* recién eclosionados en pequeños contenedores estériles con 400 µL de los extractos de cada una de las plantas a 500, 1 000, 2 000, 5 000 y 10 000 mg/L, para lo cual se preparó una solución madre de ambos extractos al 2 % en agua y “Tween 20” al 0.3 %. El ensayo fue completamente aleatorizado y se repitió tres veces bajo condiciones de laboratorio. Observándolos bajo el microscopio se evaluó la inmovilidad de nematodos a las 72 h, posteriormente se colocaron los nematodos en agua destilada por 48 horas para evaluar y confirmar su mortalidad. Los datos de porcentaje de inmovilidad y mortalidad promedio de los tres ensayos se transformaron mediante la función $\sin^{-1}(\sqrt{x})$ y se realizó un análisis de varianza completamente al azar y prueba de separación de medias de Tukey ($\alpha=0.05$) en SAS v.9 (SAS Institute Inc.).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Efecto de extractos metanólicos *in vitro*. La inmovilidad y mortalidad del J2 de *Meloidogyne* fue significadamente mayor a partir de partir del 1 000 mg/L del extracto metanólico de *M. azedarach*, en comparación con el testigo. Mientras que el extracto *R. communis* tuvo menor efecto y fue significativo hasta 10 000 mg/L. Estos resultados indican una mayor toxicidad de los extractos de *M. azedarach* que los de *R. communis*. Ambos extractos tienen efecto de inmovilidad, aunque difieren de forma significativa. Sin embargo, con *M. azedarach*, en su mayoría los juveniles, no recuperan movimiento después de la prueba de recuperación en comparación con *R. communis*.

Nuestros resultados indican que el extracto de *M. azedarach* tienen efecto nematocida, siendo esto consistente con lo reportado en otras investigaciones con extractos de hojas y frutos (Elkhiat *et al.*, 2025; Maregiani *et al.*, 2010; Solano-Castillo *et al.*, 2013). Por otra parte, los extractos de *R. communis* indican que a bajas concentraciones no tiene actividad nematocida, en contraste a lo reportado en otras investigaciones, donde a altas concentraciones muestran toxicidad sobre nematodos (Adomako & Kwoseh, 2013; Estelle *et al.*, 2023; Vinueza *et al.*, 2006).

Nematodos asociados al cultivo de violeta africana. En función de las características morfológicas observadas tanto en microscopio de luz como en microscopía electrónica de barrido, las especies de nematodos encontradas en el cultivo de violeta africana fueron *Meloidogyne incognita*, *Scutellonema brachyurus* y *Paratylenchus minutus* (Ghaderi *et al.*, 2014; Hunt & Handoo, 2009; Kolombia *et al.*, 2017).

AGRADECIMIENTOS

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por el financiamiento económico otorgado para la realización de estudios de maestría en Fitosanidad-Fitopatología.

LITERATURA CITADA

- Adomako J, Kwoseh C. 2013. Effect of castor bean (*Ricinus communis* L.) aqueous extracts on the performance of root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) on tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Journal of Science and Technology (Ghana)* 33(1). <https://doi.org/10.4314/jst.v33i1.1>
- Ayala H, Iannaccone J, Alvarino L. 2017. Toxicity of five botanical aqueous extracts on *Panagrellus redivivus* (Nematoda: Panagrolaimidae), *Daphnia magna* (Crustacea: Daphniidae), *Lemna minor* (Araceae) and *Raphanus sativus* (Brassicaceae). *Neotropical Helminthology* 11(1): 139–155.
- Cid del Prado Vera I, Subbotin SA. 2012. *Belonolaimus maluceroi* sp. n. (Tylenchida: Belonolaimidae) from a tropical forest in Mexico and key to the species of *Belonolaimus*. *Nematropica* 42(2): 201–210.
- Elkhiat ZK, Aly AF, Fahmy HH, Raddy HM. 2025. Evaluation of different leaf extracts of *Melia azedarach* formulations on root-knot nematode, *Meloidogyne incognita*, infesting tomato plant in vitro and in vivo. *Journal of Natural Pesticide Research* 12: 100119. <https://doi.org/10.1016/j.napere.2025.100119>

- Estelle CK, Patrice AK, Ben K, Diallo HA. 2023. In Vitro assessment of aqueous extracts of eastor plant (*Ricinus communis*) against root-knot nematodes (genus *Meloidogyne*) infecting tomato. *International Journal of Phytopathology* 12(2): 191–198. <https://doi.org/10.33687/phytopath.012.02.4646>
- Ghaderi R, Kashi L, Karegar A. 2014. Contribution to the study of the genus *Paratylenchus* Micoletzky, 1922 sensu lato (Nematoda: Tylenchulidae). *Zootaxa* 3841(2). <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3841.2.1>
- Horst RK. 2013. Westcott's Plant Disease Handbook. Eighth Edition. Springer Netherlands: Ithaca, NY, USA. 826 p. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-2141-8>
- Hunt DJ, Handoo ZA. 2009. Taxonomy, identification and principal species. In Perry RN, Moens M, Starr JL. (ed.), *Root-knot Nematodes*. CABI: UK, pp: 55–97. <https://doi.org/10.1079/9781845934927.0055>
- Kepenekci I. 2014. Plant parasitic nematodes (Tylenchida: Nematoda) in Turkey. *Pakistan Journal of Nematology* 32(1).
- Knight KW, Barber CJ, Page GD. 1997. Plant-parasitic nematodes of New Zealand recorded by host asociation. *Journal of nematology* 29(4S): 640–656.
- Kolombia YA, Karssen G, Viaene N, Kumar PL, Joos L, Coyne DL, Bert W. 2017. Morphological and molecular characterisation of *Scutellonema* species from yam (*Dioscorea* spp.) and a key to the species of the genus. *Nematology* 19(7): 751–787. <https://doi.org/10.1163/15685411-00003084>
- Maregiani G, Zamuner N, Angarola G. 2010. Efecto de extractos acuosos de dos meliaceas sobre *Meloidogyne incognita* (Nematoda, meloidogynidae). *Revista latinoamericana de química* 38(1): 68–73.
- Mwamula AO, Kabir MdF, Lee D. 2022. A review of the potency of plant extracts and compounds from key families as an alternative to synthetic nematicides: history, efficacy, and current developments. *The Plant Pathology Journal* 38(2): 53–77. <https://doi.org/10.5423/PPJ.RW.12.2021.0179>
- Ntalli NG, Vargiu S, Menkissoglu-Spiroudi U, Caboni P. 2010. Nematicidal carboxylic acids and aldehydes from *Melia azedarach* fruits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 58(21): 11390–11394. <https://doi.org/10.1021/jf1025345>

- Saxena G. 2018. Biological Control of Root-Knot and Cyst Nematodes Using Nematophagous Fungi. *In* Giri B, Prasad R, Varma A. (eds.), Root Biology. Soil Biology. Springer International Publishing, pp: 221–237. https://doi.org/10.1007/978-3-319-75910-4_8
- Silva JAT, Dewir YH, Wicaksono A, Sahijram L, Kim H, Zeng S, Chandler SF, Hosokawa M. 2017. African violet (*Saintpaulia ionantha* H. Wendl.): classical breeding and progress in the application of biotechnological techniques. *Folia Horticulturae* 29(2): 99–111. <https://doi.org/10.1515/fhort-2017-0010>
- Solano-Castillo T, Agurto-Córdova G, Quezada-Zapata C, Ruiz-Toledo J, Pozo-Núñez EM. 2013. Efecto de extractos de *Tagetes* spp. y *Melia azedarach* L. sobre el nematodo *Meloidogyne incognita* (Kofoid and White) Chitwood. *Centro Agrícola* 40(4): 87–93.
- Viaene N, Coyne DL, Davies KG. 2013. Biological and cultural management. *In* Perry RN, Moens M. (eds.), Plant nematology. CABI: Tarxien, Malta, pp: 383–410. <https://doi.org/10.1079/9781780641515.0383>
- Viaene N, Hallmann J, Molendijk LPG. 2021. Methods for nematode extraction. *In* Perry RN, Hunt DJ, Subbotin SA. (eds.), Techniques for work with plant and soil nematodes. CABI: UK, pp: 12–41. <https://doi.org/10.1079/9781786391759.0002>
- Vinueza SM, Crozzoli R, Perichi G. 2006. Evaluación in vitro de extractos acuosos de plantas para el control del nematodo agallador *Meloidogyne incognita*. *Fitopatología venezolana* 19(2): 26–31.
- Yushin VV, Claeys M, Leunissen JLM, Zograf JK. 2021. Electron microscopy techniques. *In* Perry RN, Hunt DJ, Subbotin SA. (eds.), Techniques for work with plant and soil nematodes. CABI: UK, pp: 12–41. <https://doi.org/10.1079/9781786391759.0002>

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS TERMÓFILAS CON POTENCIAL ANTAGÓNICO A *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

Raza 1

Xochitl **Victorino-Ramírez**¹, Gustavo **Mora-Aguilera**^{1*}, Sergio **Aranda-Ocampo**¹, Candelario **Ortega-Acosta**¹,
Erandy **Montes-Hernández**¹, Mario **Orozco-Santos**².

¹Postgrado en Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, 56230 Texcoco, Estado de México, México. ²INIFAP-Campo Experimental Tecomán, km 35 Autopista Colima Manzanillo, C.P. 28100 Tecomán, Colima. *Autor para correspondencia: morag@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

El banano (*Musa* spp.) es una planta tropical y subtropical importante en la economía regional y nacional (García *et al.*, 2021). La producción del cultivo está en riesgo por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 (FOC-R4T), agente causal de una marchitez y muerte de plantas, considerado un hongo cuarentenario a nivel internacional (Dita *et al.*, 2018). Las experiencias con esta enfermedad a nivel mundial han demostrado la complejidad de su manejo, por lo que se están buscando manejos integrales donde la salud del suelo y su componente biológico constituyen una estrategia fundamental (Rocha *et al.*, 2021). La aplicación de *Bacillus* spp. constituye una alternativa viable, debido a su alta capacidad adaptativa al suelo (Du *et al.*, 2024). Mediante técnicas de metagenómicas se ha caracterizado la diversidad del microbioma de rizósfera y de planta de *Musa* sp. identificándose a *Bacillus* spp en rizósfera y planta, pero no directamente en suelo (Kaushal *et al.*, 2024). El objetivo de esta investigación fue aplicar técnicas culturales convencionales y metagenómica direccional a poblaciones de putativos *Bacillus* a partir de suelos de plantaciones de banano de Chiapas con antecedentes de marchitez por *Fusarium* spp, no vinculantes a la raza 4, con el fin de identificar potenciales especies con capacidad supresiva ante el eventual ingreso de FOC-R4T.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio y muestras. La colecta de muestras de suelo se realizó en septiembre de 2023, en las fincas productoras de banano El Sacrificio, San José Cano y San Pedro ubicadas en el municipio de Pichucalco, Chiapas. Tres muestras compuestas por foco (2) y perifoco (1) por plantación (Mendoza *et al.*, 2021), con un total de 250 g de tierra extraída a una profundidad de 20 cm

Cada muestra fue dividida para diferentes fines experimentales. Una parte se destinó al análisis microbiológico, realizado en el laboratorio de Tequila, Jalisco.

Análisis de laboratorio: Se utilizaron 5 g de suelo suspendidas en 45 ml de agua destilada estéril, para análisis microbiológico. Para la obtención de *Fusarium* spp se realizaron siembras en medios de cultivo Komada, PDA y Sabouraud (Mendoza *et al.*, 2021). En cuanto al análisis fisicoquímico se destinaron 100 gr de suelo en el laboratorio de fertilidad de suelos del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo. Para el aislamiento de putativos *Bacillus* spp, se tomó 1 gr de suelo suspendió en 9 ml de agua destilada estéril (1×10^{-1}). Esta suspensión se sometió a tratamiento hidrotérmico a 80°C por 20 minutos (Gajbhiye *et al.*, 2010). Posteriormente se realizaron diluciones a la 1×10^{-2} con tres repeticiones y sembradas en agar nutritivo. Las colonias de putativos *Bacillus* spp. fueron caracterizadas considerando el borde, forma, elevación y superficie, purificadas y conservadas en medio nutritivo con glicerol al 40% a -20 °C.

Extracción de ADN y análisis metagenómico. Para la identificación molecular de *Fusarium* spp, de utilizó el protocolo AP (SDS 1%), la concentración y calidad de ADN se verificó con el NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, USA) y posteriormente se homogenizaron a 40 ng μ L⁻¹ para su uso en la reacción en cadena de polimerasa (PCR). Se amplificó el gen factor de elongación (EF-1a). Para el análisis de *Bacillus* spp se preparó una suspensión de suelo 1×10^{-1} con dos repeticiones. Las muestras fueron sometida a termoterapia 80°C por 20 min, mientras que las muestras sin tratamiento se incluyeron como testigo. Posteriormente, se realizaron siembras en agar nutritivo y tras 24 horas de incubación, las colonias fueron recolectadas mediante raspado con un asa de Drigalsky estéril. Estas se transfirieron a tubos de 2 ml con agua destilada estéril, y posteriormente se les añadieron perlas de vidrio. La extracción de ADN bacteriano se utilizó el protocolo CTAB basado en la metodología descrita por Minas *et al.*, (2011), y adaptado por CP-LANREF, la concentración y calidad del ADN se verificó con NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, USA) y la integridad con un gel de agarosa al 1%.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvieron ocho morfotipos de *Fusarium* spp., de las cuales cinco fueron seleccionados para identificación genómica. Las secuencias obtenidas se editaron en el programa SaqAssem (v07/2008) donde se verificó la calidad de los espectrogramas. Las secuencias presentaron un consenso mayor del 97% a *Fusarium* sp comparadas con la base de datos del GenBank. El suelo presentó una textura arcillo-limosa y un pH entre 7.4 a 8.1 clasificándose como alcalino favorable a

bacterias en general. El contenido de materia orgánica (MO) osciló entre 0.4 a 2%. Algunas especies de *Bacillus* spp toleran condiciones de alcalinidad y tratamiento hidrotérmico, lo que sugiere su alta adaptabilidad y sobrevivencia en suelo, aptitudes requeridas para fines de uso potencial en supresión microbiológica (Shen *et al.*, 2023). A partir del tratamiento hidrotérmico y seleccionando una dilución de 1×10^{-2} (Figura 1), se aplicó el criterio de saturación de colonias bacteriana, el cual establece un rango óptimo de 30 a 300 colonias viables por placa. Bajo esas condiciones, se aislaron un total de 54 morfotipos bacterianos con amplia variabilidad morfológica. Las colonias presentaron diferencia en forma, borde, textura y elevación.

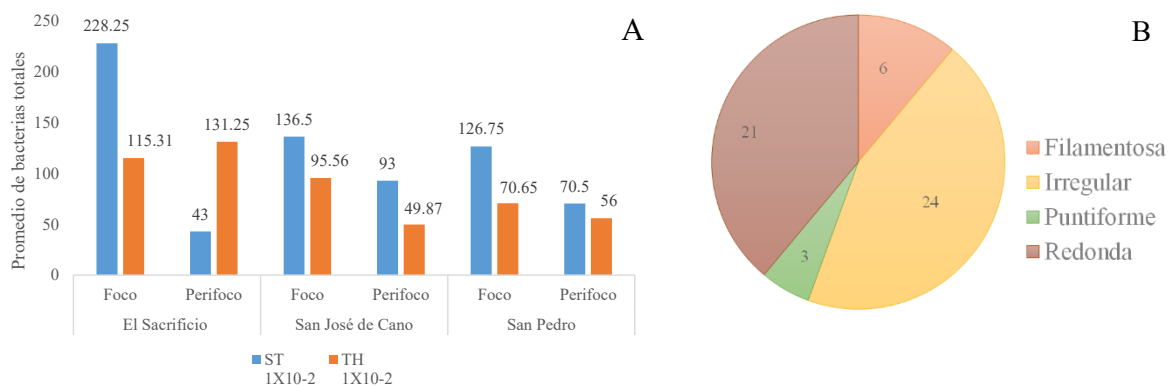


Figura 1. A. Promedio de colonias bacterianas cultivables en agar nutritivo obtenidas de muestras de suelo de focos y perifocos de plantas de banano comercial con síntomas putativos a marchitez por *Fusarium*. Extracto de suelo (1×10^{-2}) con tratamiento hidrotérmico (TH) y sin tratamiento hidrotérmico (ST) obtenidas de muestras de tres fincas bananeras. **B.** Números de morfotipos putativos a *Bacillus* aislados de TH, clasificados por forma de colonia, elevación y borde.

Estos resultados sugieren que el tratamiento hidrotérmico actúa como un proceso de selección microbiana, reduciendo la carga bacteriana total y posiblemente con potencial para su uso en estrategias de control biológico. El análisis metagenómico permitió identificar seis especies del género *Bacillus* en suelos tratados hidrotérmicamente (**Cuadro 1**). El mayor Índice Relativo de Prevalencia fue *Bacillus velezensis* (1.00), seguido de *B. thuringiensis* (0.54) y *B. xiamenensis* (0.43), respectivamente. Estas especies han sido previamente asociadas con propiedades antifúngicas y promoción del crecimiento vegetal (Liu *et al.*, 2021).

Cuadro 1. Especies de *Bacillus* e índice relativo de prevalencia obtenidas mediante secuenciación masiva de una fracción acuosa de suelo tratada hidrotérmicamente (80 °C/20 min) proveniente de una plantación bananera de Enano Gigante de Pichucalco, Chiapas.

Suelo con tratamiento Hidrotérmico	Copias (millones) de secuencias completas	Índice relativo de prevalencia
<i>Bacillus velezensis</i>	4.14	1.00
<i>Bacillus thuringiensis</i>	2.227	0.54
<i>Bacillus xiamenensis</i>	1.8	0.43
<i>Bacillus altitudinis</i>	1.62	0.39
<i>Bacillus cereus</i>	1.361	0.33
<i>Bacillus bombysepticus</i>	0.142	0.03

La composición microbiana del suelo es un factor clave para comprender la dinámica de las poblaciones microbianas y su impacto en la salud del suelo. El análisis genómico reveló la estructura de los *Bacillus* spp antes y después del tratamiento hidrotérmico. Estos resultados permiten generar una colección de *Bacillus* spp y una metodología para obtención de estas bacterias para su potencial evaluación como agentes de biocontrol respecto a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 ante un eventual ingreso a México.

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca de posgrado otorgada, al Colegio de Postgraduados y al Comité Estatal de Sanidad Vegetal de Chiapas por el apoyo en la colecta de muestras.

LITERATURA CITADA

- Dita M, Barquero M, Heck D, Mizubuti E, Staver C. 2018. *Fusarium* wilt of banana: current knowledge on epidemiology y research needs toward sustainable disease management. *Frontiers in Plant Science* 9, 1468. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01468>
- Du C, Yang D, Jiang S, Zhang J, Ye Y, Pan L, Fu G. 2024. Biocontrol agents inhibit banana *Fusarium* wilt and alter the rooted soil bacterial community in the field. *Journal of Fungi* 10(11), 771. <https://doi.org/10.3390/jof10110771>
- Gajbhiye A, Rai A, Meshram S, Dongre A. 2010. Isolation, evaluation y characterization of *Bacillus subtilis* from cotton rhizospheric soil with biocontrol activity against *Fusarium oxysporum*. *World Journal of Microbiology y Biotechnology* 26, 1187-1194. <https://doi.org/10.1007/s11274-009-0287-9>

- García R, Portal N, Santos R, Rodríguez A, Companioni B. 2021. Mejoramiento genético para la resistencia a marchitez por *Fusarium* en banano. *Revista Mexicana de Fitopatología* 39 (1), 122-146. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2008-2>
- Kaushal M, Swennen R, Mahuku G. 2020. Unlocking the microbiome communities of banana (*Musa* spp.) under disease stressed *Fusarium* wilt y non-stressed conditions. *Microorganisms* 8 (3): 443. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030443>
- Liu S, Yang W, Yang X. 2024. Integrated control of *Fusarium* wilt in banana by *Bacillus velezensis* EB1 y potassium sorbate. *BMC Microbiology* 24, 457. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03549-1>
- Mendoza C, Mora G, Coria JJ, Santana B, Acevedo, G MartínezV, Gutiérrez MA, Rubio R. 2021. *Fusarium* spp. y estimación de carga de inóculo asociados a hijuelos de *Agave tequilana* en diferentes niveles de inductividad epidémica regional. *Revista Mexicana de Fitopatología* 39 (1): 94-121. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2006-8>
- Minas K, McEwan N, Newbold C, Scott K. 2011. Optimization of a high-throughput CTAB-based protocol for the extraction of qPCR-grade DNA from rumen fluid, plant and bacterial pure cultures. *FEMS microbiology letters*, 325(2): 162-169. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2011.02424.x>
- Nirmaladevi D, Venkataramana M, Srivastava R. 2016. Molecular phylogeny, pathogenicity and toxigenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *ScientificReports* 6, 21367 <https://doi.org/10.1038/srep21367>
- Shen Y, Shi Z, Zhao J, Li M, Tang J, Wang N, Mo Y, Yang T, Zhou X, Chen Q, *et al.* 2023 Whole genome sequencing provides evidence for *Bacillus velezensis* SH-1471 as a beneficial rhizosphere bacterium in plants. *Scientific Reports* 13, 20929 <https://doi.org/10.1038/s41598-023-48171-9>
- Rocha A, Soares J, Santos A, Ferreira F, Amorim EP. 2021. Improvements in the resistance of the banana species to *Fusarium* Wilt: A systematic review of methods and perspectives. *Journal of Fungi*, 7(4):249. <https://doi.org/10.3390/jof7040249>

DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS CULTIVABLES EN PLANTAS CULTIVADAS Y SILVESTRES DE VAINILLA (*Vanilla spp*), EN RELACIÓN A LA MARCHITEZ CAUSADA POR *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*

Héctor **González-Reyes**¹, María del Pilar **Rodríguez-Guzmán**^{1*}, Ignacio **Cid del Prado-Vera**¹, José Antonio **Mora-Aguilera**¹ y Frédérique **Reverchon**²

¹. Fitopatología, Instituto de Fitosanidad, Colegio de Postgraduados, km 36.5 Carr. México-Texcoco, Montecillo, Texcoco, Edo México, CP 56230, México. ²Red de Diversidad Biológica del Occidente Mexicano. Instituto de Ecología, A.C. Centro Regional del Bajío - Pátzcuaro, Michoacán.

*Autor para correspondencia: gonzalez.hector@colpos.mx

INTRODUCCIÓN

Los microorganismos endófitos como bacterias, actinomicetos y hongos (Anand *et al.*, 2023), son aquellos que pueden colonizar de manera intercelular o intracelular diferentes tejidos de las plantas, durante todo su ciclo de vida o parte de éste, sin causar síntomas aparentes de daño o enfermedad (Hardoim *et al.*, 2015). En el caso particular de los hongos endófitos (HE), algunos logran establecer una simbiosis benéfica con su hospedante, que favorece la promoción del crecimiento de las plantas (Wang *et al.*, 2024) y mejora la tolerancia a diversos tipos de estrés. La actividad promotora del crecimiento de los HE en plantas leñosas (Qin *et al.*, 2024) y orquídeas (Pant *et al.*, 2017) ha sido explorado, así como su actividad antagonista a fitopatógenos de cultivos agrícolas (Manathunga *et al.*, 2024). El cultivo de vainilla se ve afectado por la enfermedad marchitez causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-vanillae* que provoca pudrición de raíces y tallo (Kouyyappurath, 2016). El uso de hongos endófitos para el biocontrol de la marchitez se ha reportado a nivel *in vitro* con *Tulasnella* y *Ceratobasidium*, pero hace falta seguir estudiando el potencial del género *Rhizoctonia* y otros endófitos como agentes de biocontrol de la marchitez de la vainilla (Manrique-Barros *et al.*, 2023). Sin embargo, se desconoce la dinámica temporal de los hongos endófitos de la vainilla durante el ciclo de desarrollo de las plantas y en presencia de la enfermedad. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue evaluar la dinámica de la diversidad de hongos endófitos y rizosféricos cultivables asociados a raíces de vainilla asintomáticas y sintomáticas en plantas con daño por la enfermedad marchitez, en una población de vainilla cultivada y una población silvestre, mediante técnicas tradicionales, dependientes de cultivo. Así

como la evaluación del potencial de algunos HE como promotores del crecimiento de las plantas y antagonistas a *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Obtención de hongos endófitos

Se seleccionaron nueve hongos endófitos de raíces de vainilla silvestre (*Rhizoctonia* sp., *Trichoderma* sp.2, *Cladosporium* sp., *Scytalidium* sp., y Morfotipo56) y cultivada (*Fusarium* sp.1, *Fusarium* sp.2, *Xylaria* sp. y *Trichoderma* sp.1). La selección de aislamientos se hizo con base en una evaluación previa *in vitro* de la actividad promotora del crecimiento vegetal, mediante solubilización de fosfatos, producción de ácido indol acético (AIA) y producción de sideróforos.

Dinámica de la diversidad en presencia de la enfermedad marchitez

La biodiversidad de hongos endófitos y rizosféricos de vainilla cultivada y silvestre, se analizó con base en la riqueza de morfotipos fúngicos, Se utilizó el software Estimate S 9.1. La dinámica de la diversidad en las poblaciones y etapas fenológicas de la vainilla se estimó utilizando el Software PAST 4.13, se determinaron diferencias significativas mediante (ANOVA), utilizando la prueba de separación de medias Tukey ($p < 0.05$) (Liu *et al.*, 2024). En cada fecha de muestreo se evaluó la densidad de inóculo del patógeno, la incidencia y severidad de la enfermedad.

Antagonismo *in vitro* a *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*

Los hongos endófitos de raíces de vainilla seleccionados y el fitopatógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*, se sembraron en medio de cultivo papa dextrosa agar (PDA) y se incubaron a 25 °C en oscuridad para su crecimiento durante siete días. Posteriormente se hizo la confrontación dual. Se hicieron tres repeticiones por cada aislamiento evaluado y su respectivo testigo, se midió el crecimiento radial de las colonias cada 24 horas y se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento del micelio (Posthangbam *et al.*, 2017).

Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza (ANOVA) completamente al azar y la prueba de separación de medias de Tukey en Rstudio®, para determinar diferencias significativas ($p \leq 0.05$) en la inhibición del crecimiento del patógeno.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Dinámica de la diversidad en presencia de la enfermedad marchitez

La diversidad de hongos endófitos y rizosféricos fue significativamente diferente (4.41×10^{-6}) entre las dos poblaciones de vainilla, el mayor valor del índice de Shannon ($H'=2.9$) se obtuvo en vainilla silvestre. De manera general, la diversidad de hongos fue mayor en raíces y rizósfera en la población silvestre de vainilla, misma que presentó la mayor diversidad de hongos endófitos en raíces asintomáticas y difirió de manera significativa respecto a vainilla cultivada. En vainilla cultivada los índices de diversidad más altos para hongos de las raíces y la rizósfera se obtuvieron durante el desarrollo de frutos (julio) y cosecha, durante este periodo (diciembre), la severidad de la enfermedad marchitez presentó un valor de 44.8%. En vainilla silvestre, la mayor diversidad de los endófitos fúngicos de raíces asintomáticas ($H'=3.4$) se obtuvo durante las etapas de crecimiento 4 (diciembre) y crecimiento 1 (julio), con daño por la marchitez de 18.5 % y 5.5 % respectivamente.

Antagonismo *in vitro* a *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*

Cuatro hongos endófitos mostraron inhibición del crecimiento de *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* de manera significativa, el endófito *Trichoderma* sp.1 aislado de raíces de plantas silvestres, fue el que inhibió en mayor porcentaje (86.34 %) el crecimiento del patógeno (fig.2). Se observó antagonismo por competencia, lisis y micoparasitismo. *Fusarium* sp.1, *Fusarium* sp.2 y *Xylaria* sp., continúan creciendo después de los 10 días sin inhibir a la colonia del patógeno, mientras que el Morfotipo 56, *Cladosporium* sp. y *Scytalidium* sp. forman una pigmentación oscura en la zona de contacto e impiden el crecimiento del fitopatógeno. La mayoría de los endófitos que inhibieron el crecimiento del patógeno corresponde a aislamientos de plantas silvestres de vainilla.

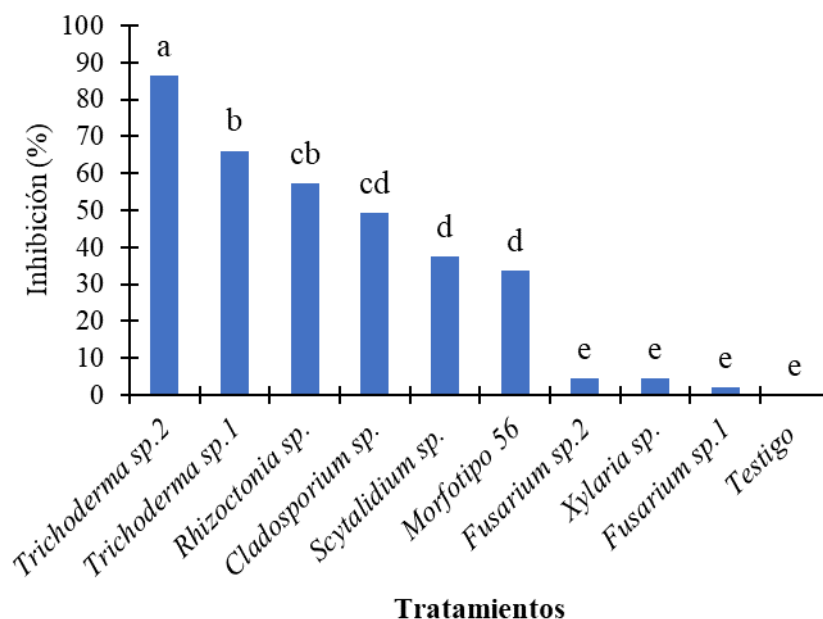


Figura 1. Efecto antagonista de algunos hongos endófitos aislados de raíces de *Vanilla* spp., sobre la inhibición del crecimiento *in vitro* de *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*. Letras diferentes indican diferencias estadísticamente significativas. ($p \leq 0.05$).

AGRADECIMIENTOS

Al SECIHTI por la beca otorgada para mis estudios de postgrado y al Colegio de Postgraduados por las facilidades otorgadas para mi formación, a mi consejo particular de investigación y a los productores de vainilla de Papantla Veracruz y Pluma Hidalgo, Oaxaca.

LITERATURA CITADA

- Anand U, Pal T, Yadav N, Kumar SV, Tripathi V, Choudhary KK, Shukla AK, Sunita K, Kumar A, Bontempi E, Ma Y, Kolton M, Amit KS. 2023. Current Scenario and Future Prospects of Endophytic Microbes: Promising Candidates for Abiotic and Biotic Stress Management for Agricultural and Environmental Sustainability. *Microb Ecol* 86, 1455–1486. <https://doi.org/10.1007/s00248-023-02190-1>
- Hardoim PR, van Overbeek LS, Berg G, Pirttilä AM, Compant S, Campisano A, Döring M and Sessitsch A. 2015. The Hidden World within Plants: Ecological and Evolutionary Considerations for Defining Functioning of Microbial Endophytes. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 79: 293–320.
- Koyyappurath S, Atuahiva T, Le R, Batina H, Le-Squin S, Gautheron N, Edel HV, Peribe J, Jahiel M, Steinberg C, Liew EY, Alabouvette C, Besse P, Dron M, Sache I, Laval V and Grisoni M.

2016. *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-vanillae* is the causal agent of root and stem rot of *Vanilla*. Plant Pathology 65: 612–625.
- Liu C, Zhang L, Li H. et al. (2024). Assessing the biodiversity of rhizosphere and endophytic fungi in *Knoxia valerianoides* under continuous cropping conditions. BMC Microbiol 24, 195. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03357-7>
- Manathunga KK, Gunasekara NW, Meegahakumbura MK, Ratnaweera PB, Faraj TK, Wanasinghe DN. 2024. Exploring Endophytic Fungi as Natural Antagonists against Fungal Pathogens of Food Crops. J Fungi (Basel). 26;10(9):606. doi: 10.3390/jof10090606.
- Manrique-Barros, S., Flanagan, N. S., Ramírez-Bejarano, E., & Mosquera-Espinosa, A. T. (2023). Evaluation of *Tulasnella* and *Ceratobasidium* as Biocontrol Agents of *Fusarium* Wilt on *Vanilla planifolia*. Agronomy, 13(9), 2425. <https://doi.org/10.3390/agronomy13092425>
- Pant B, Shah S, Shrestha R, Pandey S, Joshi PR 2017. An Overview on Orchid Endophytes. In: Varma, A., Prasad, R., Tuteja, N. (eds) Mycorrhiza - Nutrient Uptake, Biocontrol, Ecorestoration. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-68867-1_26
- Potshangbam M, Devi SI, Sahoo D, Strobel GA. 2017. Functional Characterization of Endophytic Fungal Community Associated with *Oryza sativa* L. and *Zea mays* L. Front Microbiol. 8:325. doi: 10.3389/fmicb.2017.00325.
- Qin X, Xu J, An X, Yang J, Wang Y, Dou M, Wang M, Huang J, Fu Y. 2024. Insight of endophytic fungi promoting the growth and development of woody plants. Crit Rev Biotechnol. 44(1):78-99. doi: 10.1080/07388551.2022.2129579.
- Wang Q, Zhang X, Xie Q, Tao J, Jia Y, Xiao Y, Tang Z, Li Q, Yuan M, Bu T. 2024. Exploring Plant Growth-Promoting Traits of Endophytic Fungi Isolated from *Ligusticum chuanxiong* Hort and Their Interaction in Plant Growth and Development. *Journal of Fungi*. 10(10):713. <https://doi.org/10.3390/jof10100713>

HONGOS ASOCIADOS EN COMPOSTA DE PALMERA *Phoenix canariensis* (ARECALES, ARECACEAE).

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 y Andrés **Quezada Salinas**²

¹Colegio de Postgraduados, Km. 36.5, Carr. México-Texcoco, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. C.P. 56264.

²Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF)-Vigilancia Epidemiológica Fitosanitaria. Carretera Federal México-Pachuca km 37.5, Tecámac, Estado de México. C.P. 55740.

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

INTRODUCCIÓN

Los residuos vegetales de las plantas están conformados por ramas, hojas y otras partes; que contienen lignocelulosa y al incorporarse al suelo, forman parte esencial de la materia orgánica (Prescott *et al.*, 2004), y estos residuos contienen lignocelulosa, que consiste de tres elementos: celulosa, hemicelulosa y lignina; y la biodegradación de residuos ricos en lignocelulosa es llevado a cabo generalmente por hongos (Vallejos, 2013; Lucas *et al.*, 2001^a). Existen alrededor de 2000 especies de hongos que pueden degradar lignina, celulosa y lignina o únicamente lignina (Lucas *et al.*, 2001^b). En México, los residuos de poda representan el 10.84% de los residuos sólidos urbanos (SEMARNAT, 2020), lo que genera problemas ambientales y de salud (Adebayo *et al.*, 2011; Benito *et al.*, 2006). El aprovechamiento de los residuos para la producción de composta puede mitigar estos impactos y generar valor económico (Adebayo *et al.*, 2011); pero para ello es importante conocer algunas características que contiene la composta para lo cual se planteó el siguiente objetivo: conocer la diversidad de hongos presentes en la composta antes de ser usados como abonos orgánicos en plantación de agave espadín (*Agave angustifolia* Haw).

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio. El presente ensayo se llevó a cabo en el Laboratorio de Patología Forestal del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo ubicado en Texcoco Estado de México y la composta fue proporcionada por la empresa TERRAMULCH.

Control de calidad y obtención de lixiviado. Una vez que se estableció la composta se le dio seguimiento por 177 días, y durante este periodo se tomaron seis muestras, una cada mes aproximadamente. Las muestras fueron tomadas a 20 y 60 cm de profundidad. La composta fue evaluada con la norma mexicana (NMX-AA-180-SCFI-2018), donde las muestras se tamizaron con un tamiz del número 10 – 2mm.

De las seis muestras de composta tamizada, se pesaron 25 gramos de cada una y se colocaron en un matraz de 250 mL, se le agregó 100 mL de agua destilada estéril y se taparon con un algodón, para ser agitadas hasta homogenizar las muestras y que quedaran humedecidas, después se dejaron reposar por 24 horas. Transcurrido las 24 horas, se filtró el lixiviado y el contenido se vació en botellas de 125 mL.

Siembra en medios de cultivo: Para obtener los crecimientos del lixiviado, se sembró en cuatro diferentes medios de cultivo: Extracto de Malta Agar (MEA), Papa-Dextrosa-Agar (PDA), Agel y Agar Nutritivo (AN), con tres repeticiones cada muestra y en total se sembraron seis muestras. Del lixiviado obtenido se tomó un mL y se colocó en nueve de agua destilada estéril, este proceso se repitió dos veces más hasta llegar a 10^{-3} y de éste sólo se tomó 0.1 mL para colocarse en las cajas con medio de cultivo, y se distribuyó de manera uniforme; posteriormente, las cajas fueron incubadas a 25°C bajo condiciones de laboratorio. A los siete días, las colonias desarrolladas, fueron cuantificadas y clasificadas de acuerdo a las características de coloración y forma de crecimientos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Control de calidad y obtención de lixiviado. Los resultados obtenidos, de acuerdo con la NMX-AA-180-SCFI-2018, se encuentran especificados en el **Cuadro 1**. En la composta de seis meses de edad se alcanza el mayor porcentaje de descomposición de acuerdo a las especificaciones de la norma.

Cuadro 1. Control de calidad de compostas obtenidas a partir de palmera 100%.

Número de muestreo	% Material fino (2mm)	*Tipo de composta
1	54.6	Composta tipo I ≤ 10 mm
2	56.6	Composta tipo I ≤ 10 mm
3	57.3	Composta tipo I ≤ 10 mm
4	58.2	Composta tipo I ≤ 10 mm
5	64.0	Composta tipo I ≤ 10 mm
6	83.8	Composta tipo I ≤ 10 mm

* Especificación NMX-AA-180-SCFI-2018.

Siembra en medios de cultivo. El mayor número de unidades formadoras de colonias (UFC) se obtuvo en el medio de cultivo hecho a base de PDA, seguido de MEA y AN. En Agel no se obtuvieron crecimientos (**Figura 1**).



Figura 1. Unidades formadoras de colonias obtenidas en diferentes medios de cultivo del muestreo de la composta hecha a base palmera 100%, en diferentes etapas del proceso.

En total se obtuvieron 596 UFC, de los cuales se clasificaron de acuerdo a sus características de crecimiento y color: rojiza (393), amarillo (187), blanco (10), gris (5) y verde (1). Los aislamientos de color amarillo correspondieron a *Paecilomyces* sp., de color blanco a *Fusarium* sp., *Aspergillus* sp., gris a *Cladosporium* sp., y los otros dos restantes aún se encuentran en identificación.

Xie *et al.*, (2022) mencionan que la relación inicial C/N del sustrato tiene un efecto significativo en la comunidad microbiana y la degradación de la materia orgánica durante el compostaje de ramas de nogal, y que una relación C/N adecuada en los residuos de ramas permite una nutrición equilibrada, incrementa la abundancia de microorganismos, mejora la degradación de lignocelulosa y favorece la eliminación de fitopatógenos; en este sentido, se recomienda una relación C/N de **30:1** para la conversión biológica eficiente de residuos de ramas, y en nuestros resultados se encontró una relación de 65:1, lo cual nos indica la búsqueda de estrategias para mejorar la calidad de la composta en cuanto a la diversidad de hongos.

Los hongos del género *Fusarium* ocasionan ablandamiento de los tejidos de la madera que va seguido de una pérdida importante de peso (Baltierra *et al.*, 2015; Huang *et al.*, 2015), lo cual está relacionado con los aislamientos obtenidos en este estudio.

El género *Paecilomyces* cuenta con muchas especies, tanto patógenas como saprófitas, y puede encontrarse en una amplia variedad de hábitats, incluyendo las compostas, en el deterioro de los alimentos y la rizosfera de diversas plantas, por lo cual, no es de extrañarse que en este estudio

sea uno de los hongos con mayor frecuencia aislados, y es que este género juega un papel importante como endófito en numerosas plantas, brindando varias ventajas para el desarrollo vegetal como un potencial bioestimulante, aunque en algunos casos se ha estudiado como agentes de control biológico de diferentes plagas y enfermedades (Moreno-Gavira *et al.*, 2020; Urquhart e Idnurm, 2023).

Camacho y colaboradores (2014) mencionan que se puede inocular actinobacterias y el hongo *Aspergillus fumigatus* para acelerar el compostaje y ser utilizado en corto tiempo para el mejoramiento de la calidad de suelos pobres, y en este estudio el hongo *Aspergillus* sp., fue uno de los hongos encontrados. En resumen, los hongos con mayor presencia en la composta hecha de palmera 100% fueron: *Paecilomyces* sp., *Fusarium* sp., *Aspergillus* sp., y *Cladosporium* sp.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías 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 y a la empresa TERRA-MULCH por brindarnos sus materiales para llevar a cabo los estudios de Biodiversidad.

LITERATURA CITADA

- Adebayo, O. S., Kabbashi, N. A., Alam, Z., Salihu, A., Abass, A., & Ruqayyah, T. I. D. (2011). Composting of food and yard wastes by locally isolated fungal strains. *African Journal of Biotechnology*, 10(81), 18800-18806.
- Benito, M., Masaguer, A., Moliner, A., & De Antonio, R. (2006). Chemical and physical properties of pruning waste compost and their seasonal variability. *Bioresource technology*, 97(16), 2071-2076.
- Camacho, A. D., Martínez, L., Ramírez Saad, H., Valenzuela, R., & Valdés, M. (2014). Potencial de algunos microorganismos en el compostaje de residuos sólidos. *Terra Latinoamericana*, 32(4), 291–300.
- Lucas, L. R., Robles, G. A. M., Gálvez Del, P. R. A., García, G. T., Pérez, P. R., & Álvarez De Cienfuegos, L. G. (2001a). Los materiales lignocelulósicos. Introducción. En Universidad de Jaén, Servicio de Publicaciones e Intercambio Científico (Eds.), *Biodegradación de la celulosa y la lignina* (pp. 13–14). España.
- Lucas, L. R., Robles, G. A. M., Gálvez Del, P. R. A., García, G. T., Pérez, P. R., & Álvarez De Cienfuegos, L. G. (2001b). Biodegradación de la lignina. Degradación por hongos. En

- Universidad de Jaén, Servicio de Publicaciones e Intercambio Científico (Eds.), *Biodegradación de la celulosa y la lignina* (pp. 68–69). España.
- Moreno-Gavira, A., Huertas, V., Diáñez, F., Sánchez-Montesinos, B., & Santos, M. (2020). *Paecilomyces* and its importance in the biological control of agricultural pests and diseases. *Plants*, 9(12), 1746.
- Prescott, L. M., Harley, J. P., & Klein, D. A. (2004). Ecología y simbiosis. Microorganismos en ambientes terrestres – Microorganismos y descomposición de plantas. En S. A. McGraw-Hill/Interamericana (Eds.), *Microbiología* (p. 743). España.
- Rodríguez Castro, B., & Torres-Moreno, F. (2018). Evaluación de *Penicillium* sp. como degradador de celulosa en el proceso de compostaje de residuos orgánicos de origen vegetal en la localidad 20 de Bogotá.
- SEMARNAT. 2020. Diagnóstico básico para la gestión integral de residuos. Ed. 1. México. PP. 272. Consultado el 04 de junio de 2025 en <https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/554385/DBGIR-15-mayo-2020.pdf>
- Urquhart, A. S., & Idnurm, A. (2023). A polyphasic approach including whole genome sequencing reveals *Paecilomyces paravariotii* sp. nov. as a cryptic sister species to *P. variotii*. *Journal of Fungi*, 9(3), 285.
- Vallejos, N. G. (2013). Degradación de residuos vegetales mediante inoculación con cepas microbianas. *Enfoque UTE*, 4(1), 1–13.
- Xie, Y., Zhou, L., Dai, J., Chen, J., Yang, X., Wang, X., ... & Feng, L. (2022). Effects of the C/N ratio on the microbial community and lignocellulose degradation, during branch waste composting. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 45(7), 1163–1174. <https://doi.org/10.1007/s00449-022-02765-7>

AUTORREFLEXIÓN DEL DESEMPEÑO ACADÉMICO: ESTUDIANTES PERIODO PRIMAVERA 2022 – 2024

Jessica Berenice **Valencia Luna**¹, Alejandro **Hernández Ramos**¹, Juan Agustin **Gonzalez Cruces**¹, Candelario **Ortega Acosta** y Ana María **Hernández Anguiano**^{1*}

*Autora para correspondencia: aherandez@colpos.mx

¹Colegio de Postgraduados, Carretera México-Texcoco km 36.5. Montecillo, 56264, Texcoco, Estado de México

INTRODUCCIÓN

La autorreflexión académica es un proceso continuo que debe ser integrado en la rutina de estudio de las y los estudiantes para lograr un aprendizaje más profundo y significativo. Al autoevaluarse, las personas pueden obtener un mejor conocimiento de sí mismas que les permita desarrollar una perspectiva positiva y optimista frente a los desafíos (retos) y fracasos (resultados adversos) a los que se puedan enfrentar durante sus estudios. En el Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, del Colegio de Postgraduados, se carece de conocimiento sobre los desafíos y fracasos que enfrentan y experimentan las y los estudiantes durante sus estudios, por lo que el objetivo general de este ejercicio es brindar un espacio de oportunidad para que lleven a cabo una reflexión crítica de su desempeño académico, para la detección de oportunidades de mejora, y fortalecer habilidades en posgrado.

METODOLOGÍA

Se envió un cuestionario encuesta a través de un formulario en línea a una población de 33 estudiantes en activo del posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, del periodo primavera 2022 – 2024. El cuestionario constó de las siguientes seis preguntas abiertas relacionadas con competencias cognitivas, técnicas, éticas, sociales, entre otras, las cuales fueron aprobadas por el Comité organizador de Avances de Investigación LGAC-Fitosanidad 2025, de Fitopatología.

1. Normalmente utilizo estrategias de estudio en una clase específica y evalúo su efectividad de tal forma que el conocimiento adquirido lo pueda aplicar en mi trabajo de investigación.

2. Identifico o se cuáles son mis puntos fuertes y débiles en mi trabajo de investigación y analizo cómo mejorar el desempeño futuro.

3. Normalmente evalúo la comprensión de un concepto o tema con mi Consejero (a), Asesores (as), y determino si requiero más información o apoyo.

4. Ante la complejidad de un problema científico, me preparo mentalmente para un análisis, recurro a fuentes de información confiables y, abordo el problema.

5. Normalmente aplico los valores de la ética de la investigación en mi práctica profesional, y evalúo cuales he omitido o que puedo reforzar.

6. Participo en actividades académicas colaborativas o de trabajo en equipo, fomentando la comunicación y resolviendo problemas de manera conjunta.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En total, 23 (70%) de 33 estudiantes del posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, aceptó participar en forma anónima y voluntaria en el ejercicio de hacer una reflexión crítica de su desempeño académico (**Cuadro 1**).

Cuadro1. Preguntas sistematizadas y respuestas.

Pregunta	Número de respuestas	
	SI (%)	NO (%)
1. Normalmente utilizo estrategias de estudio	18 (78)	5 (22)
2. Identifico mis puntos fuertes y débiles en mi trabajo	20 (87)	3 (13)
3. Normalmente evalúo la comprensión de un concepto	17 (74)	6 (26)
4. Ante la complejidad de un problema científico, me preparo mentalmente	22 (96)	1 (4)
5. Aplico los valores de la ética de la investigación	23 (100)	0 (0)
6. Participo en actividades académicas colaborativas	20 (87)	3 (13)

Las respuestas obtenidas permitieron registrar el sentir general en cada pregunta, así como detectar oportunidades para mejorar y fortalecer habilidades, como se describe a continuación.

Pregunta 1.- Las personas participantes muestran una actitud positiva hacia el uso de estrategias de estudio, destacando métodos como esquemas, resúmenes, revisión de literatura y discusiones en grupo. Muchas mencionan que estas estrategias están enfocadas en su investigación, y algunas reconocen que aún deben mejorar en evaluar su efectividad. La mayoría vincula

directamente el aprendizaje con su práctica investigativa. Valoran la retroalimentación de Asesores (as), y el uso de cursos o materiales complementarios.

Pregunta 2.- Las personas encuestadas muestran clara conciencia de sus fortalezas y debilidades en su trabajo de investigación, lo cual les permite buscar estrategias para superarlas. Este proceso incluye desde la búsqueda activa de apoyo (Consejero (a), colegas, expertos) hasta la toma de decisiones estratégicas como la elección de llevar cursos o hacer ajustes metodológicos.

Pregunta 3.- Las respuestas reflejan que la mayoría de las personas participantes suelen validar sus comprensiones conceptuales o metodológicas a través del diálogo ya sea con Asesores (as) o colegas o bien mediante la revisión crítica de artículos. Aunque hay algunas personas que no lo hacen sistemáticamente, la mayoría reconoce la utilidad de compartir conceptos para corregir errores o profundizar ideas. El apoyo del Consejero (a) es valorado como guía.

Pregunta 4.- La mayoría de las personas participantes indica que adopta un enfoque estructurado y reflexivo ante problemas científicos complejos. Algunas destacan la importancia de planificar estrategias para resolver problemas desde múltiples ángulos. Mencionan que recurren a consultar y contrastar diversas fuentes: colegas, Asesores (as), literatura científica, y plataformas especializadas.

Pregunta 5.- Las respuestas dadas reflejan que las personas encuestadas son conscientes de su responsabilidad profesional, que reconocen la importancia de la transparencia, el respeto por la autoría y la responsabilidad profesional. Algunas reflexionan también sobre valores personales complementarios (como la lealtad y el respeto) y reconocen áreas a fortalecer como la autocrítica. Las respuestas también reflejan que las personas tienen conciencia clara del impacto de la ética en su desarrollo profesional.

Pregunta 6.- Las respuestas muestran que la mayoría de las personas encuestadas valora y practica el trabajo en equipo y la colaboración interdisciplinaria, reconociendo que la ciencia es una construcción colectiva. Aunque algunas aún no se involucran, reconocen que la disposición a compartir, dialogar y construir en comunidad fortalece no solo los proyectos individuales, sino el desarrollo académico de todo el grupo.

El presente ejercicio revela que las y los estudiantes de Fitosanidad-Fitopatología muestran muy buena disposición para llevar a cabo una autorreflexión de su desempeño académico. También muestra que las personas participantes tienen un alto grado de reflexión crítica y compromiso académico.

A través de las respuestas, a las seis preguntas planteadas, se encuentra que hay oportunidades en las que el posgrado puede incidir para mejorar y fortalecer habilidades. En especial, en lo referente a lo de facilitar el acceso a herramientas metodológicas para fortalecer la comprensión de conceptos, y optimizar las estrategias de estudio (Preguntas 1 y 3, respectivamente).

AGRADECIMIENTOS

Al grupo de 23 estudiantes de Fitosanidad Fitopatología que voluntariamente decidieron participar en este sencillo, pero importante ejercicio para el Programa de Fitopatología.

Al SECIHTI por las becas 291888, 1330495 y 1026751 otorgadas a Jessica Berenice Valencia Luna, Alejandro Hernández Ramos, y Juan Agustin Gonzalez Cruces, respectivamente, estudiantes y miembros del Comité organizador, del Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología.

Al COMECYT por la beca RCAT2024-0047, “Cátedras de Investigación” otorgada a Candelario Ortega Acosta, miembro del Comité organizador del Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología.

LITERATURA CONSULTADA

Hirsch AA. 2019. Valores de la ética de la investigación en opinión de académicos de posgrado de la Universidad Nacional Autónoma de México. Revista de la educación superior, 48(192): 49-66.

Lew MD and Schmidt HG. 2011. Self-reflection and academic performance: is there a relationship? Advances in health sciences education: theory and practice. 16(4):529-45. doi: 10.1007/s10459-011-9298-z.

UPAD Psicología y Coaching. 2024. La importancia de la autorreflexión en el Desarrollo Personal. [Consultado el 16 de mayo de 2025]. Disponible en: <https://upadpsicologiacoaching.com/autorreflexion-desarrollo-personal/#:~:text=La%20autorreflexi%C3%B3n%20es%20una%20herramienta,comportamientos%20y%20experiencias%20de%20vida.>

RESUMEN TEMÁTICO GENERAL Y COMENTARIO FINAL

El siguiente resumen está basado en enfoques y objetivos que se destacan en los 23 trabajos de Avances de Investigación LGAC- Fitopatología 2025.

Temas principales abordados en las introducciones de los trabajos

1. Enfermedades causadas por hongos fitopatógenos

- *Phytophthora*, *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Rhizoctonia*, entre otros, son los géneros más estudiados.
- Se enfatiza su papel en la disminución del rendimiento y calidad en cultivos como aguacate, jitomate, chile, papa, frijol, y ornamentales.

2. Diagnóstico y caracterización de patógenos

- Uso de técnicas moleculares: PCR, secuenciación ITS, marcadores SSR.
- Aislamiento e identificación morfológica y molecular.

3. Evaluación de resistencia genética en cultivos

- Estudio de variedades resistentes a ciertos patógenos, especialmente en jitomate, frijol y chile.
- Uso de bancos de germoplasma y cruas dirigidas.

4. Control biológico y alternativas al manejo químico

- Uso de *Aspergillus*, *Trichoderma*, bacterias benéficas, extractos vegetales y aceites esenciales.
- Evaluación de su efectividad frente a enfermedades como antracnosis, pudriciones radicales y marchiteces.

5. Interacción planta-patógeno

- Se investiga cómo responde la planta a infecciones: mecanismos de defensa, producción de fitoalexinas, cambios histológicos.
- Se abordan también efectos del estrés combinado (biótico y abiótico).

6. Impacto del cambio climático y condiciones ambientales

- Algunos trabajos destacan cómo la temperatura, humedad y manejo del cultivo influyen en la severidad de enfermedades.

Principales objetivos identificados en los trabajos

1. Identificar y caracterizar agentes fitopatógenos asociados a enfermedades emergentes.
2. Evaluar la resistencia de diferentes genotipos o variedades a infecciones específicas.
3. Analizar la efectividad de agentes de control biológico o extractos naturales como alternativas al control químico.
4. Comprender los mecanismos fisiológicos y moleculares de defensa de la planta ante infecciones.
5. Proponer estrategias de manejo integrado para reducir la incidencia de enfermedades.
6. Documentar la distribución geográfica y prevalencia de ciertos patógenos en regiones productivas clave.

COMENTARIO FINAL

En los trabajos de investigación es frecuente el uso de drones como herramienta en el diagnóstico para la detección temprana de enfermedades fúngicas y virales como la marchitez de la fresa cultivada (*Fragaria x ananassa*), el síndrome de declinamiento de espárrago (*Asparagus officinalis*) y la tristeza de los cítricos en limón persa (*Citrus latifolia*). Estos trabajos con el uso de drone también representan una vertiente de investigación sólida, pertinente y actual en fitopatología.

Ana María Hernández Anguiano

Coordinadora de Avances de Investigación LGAC-Fitopatología 2025