

1. SIMPOSIO: NANOTECNOLOGÍA EN LA FITOSANIDAD

1.1. NANOMATERIALES BIOPOLIMÉRICOS PARA EL CONTROL DE HONGOS TOXIGÉNICOS DE IMPORTANCIA AGRONÓMICA

[Biopolymeric nanomaterials for the control of toxigenic fungi of agronomic importance]

Maribel Plascencia-Jatomea

Laboratorio de Microbiología y Micotoxinas, Departamento de Investigación y Posgrado en Alimentos, Universidad de Sonora, Hermosillo, Sonora, México, C.P. 83000, maribel.plascencia@unison.mx

Existe un creciente interés en el estudio de materiales funcionales macro, micro- y nanoestructurados, así como de procesos tecnológicos innovadores que permitan reutilizar y aprovechar materias primas sustentables. Los materiales a base de polímeros como el quitosano representan una alternativa prometedora para obtener nuevos bionanomateriales altamente funcionales y ligeros, con aplicaciones potenciales en diversas áreas. La incorporación de compuestos bioactivos antimicrobianos en estos nanomateriales biopoliméricos constituye una opción viable para aplicaciones agroalimentarias debido a sus propiedades biológicas, fisicoquímicas y funcionales, que permiten su uso como empaques antimicrobianos, matrices acarreadoras de agentes bioactivos, películas o recubrimientos comestibles. Los nanomateriales biopoliméricos poseen una alta relación área/volumen, lo que incrementa la reactividad superficial haciéndolos más efectivos para inhibir el crecimiento microbiano. No obstante, los

beneficios y aplicaciones potenciales se deben balancear con las posibles implicaciones ambientales, efectos adversos en células procariontas/eucariontas y daños a la salud. Evidencias experimentales han demostrado que la actividad contra los hongos toxigénicos de importancia agronómica *Aspergillus parasiticus*¹, *A. niger*^{2,3} y *Fusarium verticillioides*⁴ está relacionada con la toxicidad aguda y/o fitotoxicidad de las matrices de quitosano. El objetivo de este trabajo es revisar el estado del arte del estudio integral de las propiedades biológicas, toxicidad y actividad antifúngica de nanomateriales de quitosano, así como sus posibles repercusiones en sistemas biológicos. ¹Hernández-Téllez, C.N. et al. *Rev. Mex. Ing. Quim.*, 2018, 17(3): 897-912. ²Gálvez-Iriqui, A.C. et al. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 2019, 103: 2985-3000 <https://doi.org/10.1007/s00253-019-09670-w>. ³Gálvez-Iriqui, A.C. et al. *Environ. Sci. Poll. Res.*, 2021, 38(3): 3051-3065. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-10716-0>. ⁴López-Meneses, A.K. et al. *LWT-Food Sci. Technol.*, 2018, 96: 597-603.

1.2. APLICACIÓN DE COMPUESTOS NANOESTRUCTURADOS DE ORIGEN VEGETAL PARA EL CONTROL DE FITOPATÓGENOS DE INTERÉS COMERCIAL EN LA CONSERVACIÓN DE FRUTAS Y HORTALIZAS

[Application of nanostructured compounds of plant origin for the control of phytopathogens of commercial interest in the preservation of fruit and vegetables]

Laura Leticia Barrera Necha

Laboratorio de Tecnología Postcosecha de Productos Agrícolas, Departamento de Interacciones Planta Insecto, Centro de Desarrollo de Productos Bióticos, Morelos México C.P. 62731, lbarrera@ipn.mx

Actualmente, la aplicación de la nanotecnología se enfoca en la conservación de productos agrícolas mediante el diseño y desarrollo de nuevos materiales que ayuden a extender la vida de anaquel de estos. Entre las soluciones que se han buscado para inhibir el desarrollo de microorganismos patógenos en los productos hortofrutícolas, se encuentra el uso de películas y de recubrimientos comestibles. Los compuestos naturales como el quitosano y agentes bioactivos con propiedades antimicrobianas incluyendo a los aceites esenciales y los extractos botánicos pueden incorporarse a estos recubrimientos, siendo sus componentes individuales o en conjunto más eficientes en su modo de acción y con una liberación de manera gradual. Por ejemplo, el aceite esencial de tomillo incorporado en las nanopartículas de quitosano (NpQ) fue efectivo en la inhibición *in vitro* e *in vivo* para diferentes microorganismos estudiados¹. En cuanto a los extractos botáni-

cos, el efecto inhibitorio fue diferente dependiendo del extracto, en algunos casos fue mayor para NpQ con el extracto metanólico de nanche encapsulado y en otros fue menor con el extracto etanólico de arándano, comparado con NpQ solas². La aplicación de cubiertas nanoestructuradas con extracto de nanche inhibieron notablemente el desarrollo de los microorganismos patógenos en relación a los frutos de pimiento no tratados, presentando la adición de agentes bioactivos un efecto sinérgico sin afectar la vida de anaquel de los frutos tratados durante el almacenamiento en cuanto a las variables de calidad y fisiológicas evaluadas³. ¹Correa-Pacheco, Z. N. et al. *Rev. Mex. Fitopatol.*, 2018, 36(3): 457-467. DOI: 10.18781/R.MEX.FIT.1803-2. ²Barrera-Necha, L. L. et al. *Adv. Microbiol.*, 2018, 8: 286-296. DOI: 10.4236/aim.2018.84019. ³González-Saucedo, A. et al. *Postharvest Biol. Tec.*, 2019, 149: 74-82. DOI: 10.1016/j.postharvbio.2018.11.019

1.3. NANOPARTÍCULAS EN EL DISEÑO DE BIOSENSORES PARA LA DETECCIÓN DE HONGOS FITOPATÓGENOS

[Nanoparticles in the design of biosensors for detection of phytopathogenic fungi]

Rosa Isela Ventura-Aguilar

Laboratorio de Tecnología Postcosecha de Productos Agrícolas, Departamento de Interacción Planta-Insecto. CONAYT-Centro de Desarrollo de Productos Bióticos, Instituto Politécnico Nacional, Morelos, México, C.P. 62731. riventuraag@conacyt.mx

Las nanopartículas se definen como cualquier material con un tamaño de 1-100 nm. Como resultado de su tamaño y su gran relación de superficie a volumen, pueden ser reactivas y unir, absorber y transportar compuestos bioactivos con alta eficiencia. Esto explica su uso en la inhibición del crecimiento de fitopatógenos, y su uso como bactericida, fungicida, así como también se emplean como nanofertilizantes y en el diseño de biosensores para el diagnóstico de enfermedades en las plantas¹. Los biosensores se están convirtiendo en una de las técnicas de diagnóstico de gran importancia para la industria alimentaria, el sector de la salud y el sector agrícola, por su rapidez de análisis, especificidad, reproducibilidad y facilidad de uso. Un biosensor es un dispositivo analítico que contiene un elemento sensor de origen biológico (bioreceptor), que está integrado o en contacto íntimo con un transductor, y es capaz de emitir una señal en presencia de un análisis de interés². El bioreceptor

puede formarse por una matriz polimérica formada por nanopartículas metálicas, nanopartículas magnéticas, óxidos metálicos o compuestos de origen vegetal con propiedades ópticas o conductivas, los cuales pueden ser inmovilizados con anticuerpos, aptámeros, ácidos nucleicos, enzimas y bacteriófagos, permitiendo la detección de hongos, bacterias y virus. Los objetivos de este trabajo son: (a) mostrar información sobre el uso de nanopartículas para el diseño de biosensores usados en el sector agrícola para el reconocimiento de hongos fitopatógenos y (b) compartir los avances de las investigaciones realizadas en Ceprobi-IPN, asociadas con el diseño de biosensores. ¹Elmer, J.C., White, W. “The future of nanotechnology in plant pathology,” *Annu. Rev. Phytopathol.*, 2018, 56, 111–133, doi: 10.1146/annurev-phyto-080417-050108. ²Thakur, K.V., Ragavan, M.S. “Biosensors in food processing,” *J. Food Sci. Technol.*, 2013, 50, 625–641, doi: 10.1007/s13197-012-0783-z.

1.4. USO DE NANOPARTÍCULAS METÁLICAS COMO AGENTES ANTIFÚNGICOS

[Use of metallic nanoparticles as antifungal agents]

Rebeca Betancourt Galindo¹, Ana María González², Eneida Pérez Velasco²

¹Departamento de Materiales Avanzados. Centro de Investigación en Química Aplicada. Saltillo, Coah. México, C.P. 25294, rebeca.betancourt@ciqa.edu.mx

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro

La nanotecnología ha resultado ser de gran interés por parte de la ciencia y la tecnología para su aplicación en la agricultura, debido a que permite generar, manipular y desarrollar nanomateriales a escala muy pequeña, que por sus propiedades únicas hace posible tener aplicaciones novedosas¹. Actualmente, se está buscando destacar en la agricultura mediante el desarrollo de sistemas de producción agrícola con el uso de nanoagroquímicos que resultan cruciales en la agricultura moderna, con el desarrollo de nanofungicidas ya que el uso inadecuado de agroquímicos convencionales ha afectado el crecimiento de los cultivos y la resistencia a los fungicidas utilizados². En base a esto, se están buscando nuevas metodologías, técnicas de aplicación o productos con el fin de equiparar la relación costo beneficio en la utilización de nanofungicidas que permitan promover el crecimiento de la planta y su producción, así como, evitar la presencia de las plagas y enfermedades de las plantas. El progreso de la nanotecnología ha generado

nuevas alternativas de control, por lo que el uso de nanopartículas metálicas (NPs) ha adquirido gran importancia como agentes antimicrobianos debido a sus fuertes propiedades germicidas en diferentes cultivos de interés económico como promotores de crecimiento, bactericidas y fungicidas³. En este trabajo nosotros reportamos que las nanopartículas metálicas presentan actividad antifúngica en base a evaluaciones *in vitro*, donde se observó que inhiben el crecimiento micelial. La aplicación foliar de las NPs promueve el crecimiento de las plantas y disminuyen la incidencia de algunos hongos. Además, tienen el potencial para utilizarse como productos para prevenir y controlar el deterioro de las plantas por microorganismos fitopatógenos. ¹Kah Melanie. *Frontiers in Chemistry*, 2015, 3: 1-6. doi:10.3389/fchem.2015.00064. ²Ghormade, V. *et al. Biotechnology Advances*, 2011, 29: 792-803. doi:10.1016/j.biotechadv.2011.06.007. ³Rai, M. *et al. Appl. Microbiol Biotechnol*, 2012, 94: 287-293. doi:10.1007/s00253-012-3969-4.

1.5. USO DE NANOCOMPÓSITOS PARA LA REDUCCIÓN DE ENFERMEDADES FÚNGICAS DE FRUTOS EN POSCOSECHA

[Use of nanocomposites for reduction of fruits fungal disease in postharvest]

Pedro Damián Loeza-Lara

Licenciatura en Genómica Alimentaria, Universidad de La Ciénega del Estado de Michoacán de Ocampo, Sahuayo, Michoacán, México, C.P. 59103, pdloeza@ucemich.edu.mx

Las frutas frescas proporcionan algunos de los principales componentes para una dieta saludable y balanceada, ya que son fuente de agua, vitaminas, minerales, fibra, energía y compuestos antioxidantes, por lo que brindan protección en contra de una amplia gama de enfermedades, entre ellas, las cardiovasculares y el cáncer. Por lo anterior, en las últimas décadas se ha intensificado la producción y exportación de estos productos agrícolas. Sin embargo, algunas de estas características también hacen que los frutos sean susceptibles de pudrición por desecación, lesión mecánica, descomposición, e infección por hongos patógenos¹. Entre las anteriores, destaca la descomposición de los frutos en poscosecha por la acción de los hongos, por lo que ésta representa mermas importantes para la industria alimentaria. A nivel mundial, las pérdidas por el efecto de los hongos patógenos varían dependiendo del producto frutícola. Por ejemplo, en la fresa (*Fragaria x ananassa*), se estiman mermas entre el 28 y el 42 %, mientras que en el mango (*Mangifera indica*) se reportan porcentajes entre el 17 y el 36 %. El uso de fungicidas químicos sin-

téticos (control químico) es la principal estrategia de control de hongos patógenos; no obstante, su uso se asocia a contaminación del ecosistema, selección de patógenos resistentes, desarrollo de enfermedades en humanos y animales, así como intoxicaciones agudas, entre otras desventajas². Lo anterior, promueve la búsqueda de alternativas al control químico, como el uso de nanocompuestos elaborados a base de polímeros como el quitosano y los ácidos grasos³, así como quitosano y nanopartículas metálicas. El objetivo de esta ponencia es mostrar los resultados obtenidos en la valoración del efecto antifúngico *in vitro* de compósitos de quitosano-ácidos grasos y quitosano-nanopartículas de plata, sobre el crecimiento micelial de hongos patógenos y la protección que proporcionan dichos nanocompuestos a los frutos de *F. x ananassa* y *M. indica* en almacenamiento. ¹Basu, A. A. et al. Crit. Rev. Food Sci. Nutr., 2014, 54: 790-806. 10.1080/10408398.2011.608174. ²Arceo-Martínez, M.T. et al. Agrociencia, 2019, 53(8): 1297-1311. ³Sandoval, F. Ma. G. et al. Nova Scientia, 2018, 10(2): 207-227. doi.org/10.21640/ns.v10i21.1599

**SIMPOSIO: ACTUALIZACIÓN EN
2. EL CONTROL Y MANEJO DE LAS
ENFERMEDADES EN CULTIVOS
BÁSICOS**

2.1. MANEJO Y CONTROL DE HONGOS FITOPATÓGENOS QUE AFECTAN AL CULTIVO DE FRIJOL

Brenda Zulema Guerrero Aguilar

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Bajío.
Celaya, Gto., México. Km. 6.5 carretera Celaya-San Miguel de Allende. C.P. 38110.
guerrero.brenda@inifap.gob.mx

En los últimos años la producción de frijol ha disminuido considerablemente debido a varios factores uno de ellos es que, no es una opción atractivamente rentable para los agricultores, y la otra son los problemas fitosanitarios como son las enfermedades causados por bacterias como el tizón común (*Xanthomonas axonopodis*), (*Xanthomonas campestris pv. phaseoli*), que presentan síntomas como manchas necróticas de color marrón y de aspecto acuoso, por el haz de las hojas, las lesiones son de color castaño y rodeadas de un halo clorótico. En las vainas los síntomas se manifiestan como manchas húmedas de color rojo oscuro. Tizón de Halo (*P. syringae pv. phaseoli*), los daños causados, se presentan, por el envés de las hojas se observan lesiones húmedas, mientras que por el haz las lesiones son punteadas rojizas en su centro rodeadas de un halo clorótico.

Otro de los principales problemas que afecta al cultivo de frijol son los hongos patógenos, que afectan la parte aérea y los que ocasionan pudriciones radiculares. En la parte aérea se encuentran algunas enfermedades importantes como son: Mancha Angular (*Phaeoisariopsis griseola*), donde en las hojas se observan pequeñas manchas de color gris o café, de forma cuadrada o triangular con borde amarillento, en plantas adultas ocurre amarillamiento y caída de las hojas inferiores. Roya (*Uromyces appendiculatus*) (Pers.) Unger, los síntomas se presentan en las hojas donde se observan

puntos amarillentos que después de cuatro días de su aparición, presentan en el centro un punto de color oscuro, que se abre y libera un polvo rojizo o color ladrillo. Y Antracnosis (*Colletotrichum lindemuthianum*), en plantas jóvenes, los tallos presentan manchas pequeñas (1 mm), alargadas, ligeramente hundidas, que crecen a lo largo y pueden quebrarlo. Debajo de las hojas, las venas principales se ven quemadas y presentan un color rojizo oscuro. El síntoma más claro es en las vainas, donde se observan manchas redondas, hundidas, con borde rojizo.

Las patógenos que afectan en la raíz pueden ser causadas por un solo organismo o por cualquier combinación de los siguientes organismos que actúan como un complejo de patógenos: Pudrición radical por *Rhizoctonia solani*, pudrición radical por *Fusarium* spp., pudrición carbonosa *Macrophomina phaseolina*, pudrición radical por *Pythium* (*Pythium* spp.), pudrición de la raíz por *Sclerotium* (*Sclerotium rolfsii*), y pudrición blanca del tallo por *Sclerotinia sclerotiorum*, sus síntomas principalmente son marchitez en la planta y pudriciones en las raíces y base del tallo.

Para el control de estas enfermedades, se han empleado diferentes métodos uno de ellos son los productos químicos que por durante muchos años se han implementado, pero una desventaja de ellos es que incrementa considerablemente los costos de la producción, muchas veces sin brindar un control eficiente sobre los patógenos, además de hacerlos más resistentes y por lo tanto más virulentos.

Otra de las alternativas es mejorar el cultivo donde ha dado buenos resultados es la planeación de mejora genética enfocados a resolver los problemas puntuales, siendo estas las variedades resistentes o tolerantes además de implementar buenas practicas agronómicas como son preparación del suelo, rotación de cultivo, eliminación oportuna de restos de cosecha, adecuada densidad de plantas y siembra en el momento óptimo para cada territorio,

esto es con el objetivo de evitar la incidencia del hongo patógeno en el periodo crítico del cultivo (fase de prefloración y floración). En el INIFAP en el programa de mejoramiento desde hace muchos años se ha trabajado con búsqueda de resistencia en diferentes enfermedades por lo que se encuentran fuentes de resistencia en líneas y variedades elite con alto valor comercial, que puede ser una solución a este problema.

2.2. DETECCIÓN Y MANEJO DE VIRUS EN EL CULTIVO DE FRIJOL

José Luis Anaya López

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Bajío.
Celaya, Gto., México. Km. 6.5 carretera Celaya-San Miguel de Allende. C.P. 38110.
anaya.jose@inifap.gob.mx

El frijol es un alimento básico que forma parte de la cultura mexicana, y el principal suministro de proteína para los sectores más pobres. En la familia *Leguminosae*, el frijol es probablemente una de las especies más susceptibles a las infecciones virales. El *Virus del mosaico común del frijol* (BCMV), el *Virus de la necrosis del mosaico común del frijol* (BCMNV), y el *Virus del mosaico dorado amarillo del frijol* (BGYMV) son tres de las especies que más afectan la producción de frijol en México. El BCMV y BCMNV son particularmente importantes debido a su amplia distribución, y la alta transmisibilidad a la semilla. Otros virus no patogénicos como el *Phaseolus vulgaris endornavirus* 1, 2 y 3 podrían estar vinculados al proceso de domesticación del frijol. En los sistemas de producción de frijol de México, especialmente con los agricultores de pequeña escala y/o de subsistencia, es común la siembra de variedades criollas susceptibles,

y el uso del grano cosechado como semilla. Estas prácticas agronómicas, y las condiciones climáticas actuales, que favorecen el incremento de las poblaciones de los insectos vectores, permiten la existencia de una fuente de inóculo permanente en las regiones productoras. Algunas prácticas culturales, el control de malezas y de insectos vectores contribuyen a reducir la incidencia de enfermedades virales. Sin embargo, la forma más económica y efectiva de prevenir daños es sembrar variedades resistentes a los virus presentes en cada región. En este seminario se presentarán los resultados y avances de investigación obtenidos en los últimos siete años por el Programa de Mejoramiento de Frijol del INIFAP en relación a la identificación, desarrollo de herramientas de detección y mejoramiento genético de frijol de distintos tipos para incorporar resistencia genética a los principales virus que afectan su producción.

2.3. PRINCIPALES ENFERMEDADES DEL CULTIVO DE TRIGO Y SU MANEJO

[Most important diseases of wheat and their management]

María Florencia Rodríguez-García, Julio Huerta-Espino
Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias.
Campo Experimental Valle de México. rodriguez.maria@inifap.gob.mx.

El trigo harinero (*Triticum aestivum* L.) y macarronero (*T. durum*) son los cultivos con mayor superficie sembrada en el mundo y el volumen de su cosecha es mayor que el de cualquier otro cereal alimenticio destinado al consumo humano. La producción de trigo en México y en el mundo, es afectada por factores abióticos debido al cambio climático y la presencia de factores bióticos como las enfermedades principalmente de origen fungoso y dentro de estas, las royas causadas por hongos del género *Puccinia* son las que históricamente han causado pérdidas económicas importantes en trigo. En los últimos años los mayores daños los está ocasionando la roya amarilla causada por *P. striiformis* W. y de la hoja causada por *P. triticina* E. Otras enfermedades de importancia en trigo son los tizones foliares causados por el complejo de hongos

como *Zymoseptoria tritici*, *Z. nodorum*, *Drechslera tritici-repentis* y *Biopolaris sorokiniana*, las cuales demeritan la calidad física de la semilla en variedades susceptibles. Localmente otras enfermedades como pudriciones de la raíz y carbones pueden alcanzar niveles económicamente significativos. La estrategia que más ha apoyado para el manejo de las enfermedades en trigo en todo el mundo es el control genético; basado en la utilización de variedades que poseen genes que confieren resistencia. Sin embargo, cuando el nivel de resistencia de las variedades no es satisfactorio o cuando los fitopatógenos evolucionan adquiriendo virulencias nuevas se utiliza el control químico como complemento al control genético, cuidando la utilización racional y responsable del manejo de este, para evitar contribuir al deterioro del medio ambiente

2.4. PRINCIPALES ENFERMEDADES DEL CULTIVO DE ARROZ Y SU MANEJO

Marianguadalupe Hernández Arenas

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Zacatepec, Morelos, México. m. 0.5 Carretera Zacatepec, Galeana - Cuautla S/N, Centro, 62780 Zacatepec, Mor. C.P. 62780. hernandez.marian@inifap.gob.mx

El cultivo de arroz en México se siembra en más de 49,000 hectáreas, convirtiéndolo en uno de los granos alimenticios básicos para la población, después del maíz, frijol y trigo. Las principales variedades cultivadas son del tipo Sinaloa, en segundo lugar, Milagro Filipino y en menor proporción el tipo de arroz Morelos con denominación de origen. La Sociedad Americana de Fitopatología menciona más de 50 enfermedades ocasionadas en primer lugar por hongos y bacterias y en número virus y nematodos. Entre estas, la quemazón del arroz o piricularia (*Pyricularia oryzae*) y el manchado de grano, cuyo principal agente causal es *Cochliobolus miyabeanus*, ocupan el primer lugar en importancia por daños y distribución mundial, ocasionan fuerte impacto especialmente en el rendimiento y calidad de grano, ambas transmitidas por semilla por lo que afectan desde la emergencia y durante el ciclo del cultivo. El virus de la hoja blanca del arroz (VHB) y su vector sogata (*Tagosodes orizico-*

lus) han sido reportados en México, no obstante, el mayor daño detectado es el causado por la alimentación del insecto. Actualmente, el tizón bacteriano por *Burkholderia glumae* se ha extendido ampliamente alrededor del mundo, aunque no ha sido reportada en México, es muy probable que sea la próxima enfermedad importante del arroz en un futuro próximo. Se transmite por semilla y afecta gravemente a variedades susceptibles. El tratamiento para desinfección de semilla y las prácticas agronómicas como densidad de plantación y control de fertilizaciones nitrogenadas, pueden disminuir la incidencia y severidad de piricularia y manchado de grano. En el caso de virus, es indispensable el control eficiente del vector. En todos los casos, el método más eficiente para el manejo de estas enfermedades es el uso de variedades resistentes. En este simposio se presentarán las principales enfermedades del arroz en México y los avances de investigación realizados por el INIFAP en el tema.

**SIMPOSIO: NUEVOS PARADIGMAS
FITOPATOLÓGICOS: UNA
3. APROXIMACIÓN DESDE
LAS CIENCIAS ÓMICAS**

3.1. PERSPECTIVES AND APPLICATIONS OF OMICS SCIENCES IN PLANT PATHOLOGY

[Perspectivas y aplicaciones de las ciencias ómicas en la Fitopatología]

Hernan Garcia-Ruiz

Nebraska Center for Virology, Department of Plant Pathology, University of Nebraska-Lincoln,
NE, USA, 68583.

Abstract. Several other areas in biology end their names in the suffix “-omics”. These include genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, metagenomics, and interactomics. Omics refers to the collective characterization and quantification of pools of biological molecules (DNA, RNA, proteins or metabolites) that translate into the structure, function, and dynamics of an organism or a community of organisms. The suffix “-ome” is used to address the objects of study of such the genome, transcriptome, proteome, or metabolome. Here, we present current perspectives and application of omic sciences in plant pathology.

Introduction. The central dogma of molecular biology explains the flow of genetic information from DNA to RNA to make a functional protein. Studies of DNA at the genome scale is called genomics. Profiling RNA at the genome scale is called transcriptomics. Profiling proteins at the genome scale is called transcriptomics (Relman, 2011). Several other areas in biology end their names in the suffix “-omics”, metabolomics, metagenomics, and interactomics. Omics refers to the collective characterization and quantification of pools of biological molecules that translate into the structure, function, and dynamics of an organism or a community of organisms. The suffix “-ome” is used to address the objects of study of such fields, such as the genome,

transcriptome, proteome, or metabolome (Relman, 2011; Bruno *et al.*, 2021). Functional genomics uses genomic data to study gene and protein expression and function on a global scale, genome-wide or system-wide, focusing on gene transcription, translation and protein-protein interactions, and often involving high-throughput methods. It combines different -omics techniques such as transcriptomics and proteomics with saturated mutant collections (Bruno *et al.*, 2021). Metagenomic analysis refers to genomic analysis that is performed directly on a mixture of heterogeneous organisms, genomes, or genes (Wamaitha *et al.*, 2018; Dar *et al.*, 2020).

Methods. Omic sciences based their methods in complete genomes used as reference, in combination with sequencing of DNA, RNA, or proteins, or identification of metabolites. Storage, processing, and experimental analysis of large amounts of data requires implementation of computational biology methods commonly referred to as bioinformatics. The main tools include Linux, shell scripts, and coding languages like Perl and Python (Fahlgren *et al.*, 2009; Garcia-Ruiz *et al.*, 2010; Nigam *et al.*, 2019).

Results. Recently, all fields within plant pathology have implemented omic approaches. Notable breakthroughs have been documented in diagnos-

tics, assessment and characterization of pathogen diversity and population structure (Trivedi *et al.*, 2020); pathogen evolution (Coghlan *et al.*, 2019; LaTourrette *et al.*, 2021), molecular epidemiology; assessment and characterization of host plant diversity, particularly in genes coding for pathogen resistance of susceptibility ; molecular mechanisms of pathogenesis and symbiosis (Orozco-Mosqueda and Santoyo, 2021); and a wholistic view of plant-pathogen interactions, particularly identification of host proteins interacting with pathogen effectors. Outstanding recent contributions include the effect of crop rotations on soil microbial populations (Fadiji *et al.*, 2021; Meier *et al.*, 2021), microbial profiling of disease suppressive soils, identification of microbes that produce antimicrobial compounds (Dar *et al.*, 2020; Kelly and Wolfson, 2020), or plant nutrients (Akinola *et al.*, 2021), profiling genome-wide variation in viruses (Nigam *et al.*, 2019), identification of the viruses in diseased plants (Wamaita *et al.*, 2018), and mapping the source of virus-derived small interfering RNAs in virus-infected plants (Garcia-Ruiz *et al.*, 2010).

Future Directions. From a plant pathology point of view, future challenges include the use of multiple omics data combined with mutant collections to experimentally validate the roles of host genes and pathogen genes, or regulatory RNAs, in plant-pathogen interactions, provide the foundation for engineering disease resistance through gene editing {Garcia-Ruiz, 2021 #5689}, manipulation of microbial populations in soils and plants to improve plant health (Dundore-Arias *et al.*, 2020), metabolic engineering in fungi and bacteria; and to translate insights from omic approaches into practical application. Akinola, S.A., Ayangbenro, A.S., and Babalola, O.O. 2021. The diverse functional genes of maize rhizosphere microbiota assessed using shotgun metagenomics. *J Sci Food Agric* 101, 3193-3201. Bruno, M., Matzaraki, V.,

van de Veerdonk, F.L., Kumar, V., and Netea, M.G. 2021. Challenges and Opportunities in Understanding Genetics of Fungal Diseases: Towards a Functional Genomics Approach. *Infect Immun* 89, e0000521. Coghlan, A., Tyagi, R., Cotton, J.A., Holroyd, N., Rosa, B.A., Tsai, I.J., Laetsch, D.R., Beech, R.N., Day, T.A., Hallsworth-Pepin, K., Ke, H.-M., Kuo, T.-H., Lee, T.J., Martin, J., Maizels, R.M., Mutowo, P., Ozersky, P., Parkinson, J., Reid, A.J., Rawlings, N.D., Ribeiro, D.M., Swapna, L.S., Stanley, E., Taylor, D.W., Wheeler, N.J., Zamanian, M., Zhang, X., Allan, F., Allen, J.E., Asano, K., Babayan, S.A., Bah, G., Beasley, H., Bennett, H.M., Bisset, S.A., Castillo, E., Cook, J., Cooper, P.J., Cruz-Bustos, T., Cuéllar, C., Devaney, E., Doyle, S.R., Eberhard, M.L., Emery, A., Eom, K.S., Gilleard, J.S., Gordon, D., Harcus, Y., Harsha, B., Hawdon, J.M., Hill, D.E., Hodgkinson, J., Horák, P., Howe, K.L., Huckvale, T., Kalbe, M., Kaur, G., Kikuchi, T., Koutsovoulos, G., Kumar, S., Leach, A.R., Lomax, J., Makepeace, B., Matthews, J.B., Muro, A., O'Boyle, N.M., Olson, P.D., Osuna, A., Partono, F., Pfarr, K., Rinaldi, G., Foronda, P., Rollinson, D., Samblas, M.G., Sato, H., Schnyder, M., Scholz, T., Shafie, M., Tanya, V.N., Toledo, R., Tracey, A., Urban, J.F., Wang, L.-C., Zarlenga, D., Blaxter, M.L., Mitreva, M., Berriman, M., and International Helminth Genomes, C. 2019. Comparative genomics of the major parasitic worms. *Nat Genet* 51, 163-174. Dar, D., Thomashow, L.S., Weller, D.M., and Newman, D.K. 2020. Global landscape of phenazine biosynthesis and biodegradation reveals species-specific colonization patterns in agricultural soils and crop microbiomes. *eLife* 9, e59726. Dundore-Arias, J.P., Eloe-Fadros, E.A., Schriml, L.M., Beattie, G.A., Brennan, F.P., Busby, P.E., Calderon, R.B., Castle, S.C., Emerson, J.B., Everhart, S.E., Eversole, K., Frost, K.E., Herr, J.R., Huerta, A.I., Iyer-Pascuzzi, A.S., Kalil, A.K., Leach, J.E., Leonard, J., Maul, J.E., Prithiviraj, B.,

- Potrykus, M., Redekar, N.R., Rojas, J.A., Silvers-
tein, K.A.T., Tomso, D.J., Tringe, S.G., Vinatzer,
B.A., and Kinkel, L.L. 2020. Community-Driven
Metadata Standards for Agricultural Microbiome
Research. *Phytobiomes Journal* 4, 115-121. Fadiji,
A.E., Kanu, J.O., and Babalola, O.O. 2021. Impact
of cropping systems on the functional diversity
of rhizosphere microbial communities associated
with maize plant: a shotgun approach. *Arch Micro-
biol* 203, 3605-3613. Fahlgren, N., Sullivan, C.M.,
Kasschau, K.D., Chapman, E.J., Cumbie, J.S.,
Montgomery, T.A., Gilbert, S.D., Dasenko, M.,
Backman, T.W., Givan, S.A., and Carrington, J.C.
2009. Computational and analytical framework for
small RNA profiling by high-throughput sequen-
cing. *RNA* 15, 992-1002. Garcia-Ruiz, H., Takeda,
A., Chapman, E.J., Sullivan, C.M., Fahlgren, N.,
Brempele, K.J., and Carrington, J.C. 2010. Ara-
bidopsis RNA-dependent RNA polymerases and
dicer-like proteins in antiviral defense and small
interfering RNA biogenesis during Turnip Mosaic
Virus infection. *Plant Cell* 22, 481-496. Kelly, L.,
and Wolfson, S.J. 2020. Finding phenazine. *Elife* 9.
LaTourrette, K., Holste, N.M., Rodriguez-Pena, R.,
Leme, R.A., and Garcia-Ruiz, H. 2021. Genome-
Wide Variation in Betacoronaviruses. *J Virol* 95,
e0049621. Meier, M.A., Lopez-Guerrero, M.G.,
Guo, M., Schmer, M.R., Herr, J.R., Schnable, J.C.,
Alfano, J.R., Yang, J., and Liu, S.-J. 2021. Rhizos-
phere Microbiomes in a Historical Maize-Soybean
Rotation System Respond to Host Species and Ni-
trogen Fertilization at the Genus and Subgenus Le-
vels. *Applied and Environmental Microbiology* 87,
e03132-03120. Nigam, D., LaTourrette, K., Souza,
P.F.N., and Garcia-Ruiz, H. 2019. Genome-Wide
Variation in Potyviruses. *Frontiers in plant scien-
ce* 10, 1439. Orozco-Mosqueda, M.d.C., and San-
toyo, G. (2021). Plant-microbial endophytes inte-
ractions: Scrutinizing their beneficial mechanisms
from genomic explorations. *Current Plant Biolo-
gy* 25, 100189. Relman, D.A. (2011). Microbial
genomics and infectious diseases. *N Engl J Med*
365, 347-357. Trivedi, P., Leach, J.E., Tringe, S.G.,
Sa, T., and Singh, B.K. (2020). Plant-microbiome
interactions: from community assembly to plant
health. *Nature Reviews Microbiology* 18, 607-621.
Wamaitha, M.J., Nigam, D., Maina, S., Stomeo, F.,
Wangai, A., Njuguna, J.N., Holton, T.A., Wanjala,
B.W., Wamalwa, M., Lucas, T., Djikeng, A., and
Garcia-Ruiz, H. (2018). Metagenomic analysis of
viruses associated with maize lethal necrosis in
Kenya. *Virol J* 15, 90.

3.2. MICROBIOMAS DE PLANTAS: ESTUDIOS GENÓMICO-FUNCIONALES DE NUEVOS AGENTES DE BIOCONTROL

[Plant microbiomes: genomic and functional studies of new biocontrol agents]

Gustavo Santoyo

Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, México. gustavo.santoyo@umich.mx

Se ha propuesto que la asociación entre plantas y microorganismos tiene más de 400 millones de años, y desde entonces, ambos grupos de organismos comenzaron a establecer una relación estrecha. Así, los grupos de microorganismos asociados a plantas (microbiomas de plantas) comenzaron a establecer diferentes tipos de interacciones, incluyendo las de tipo patogénicas o benéficas (p. ej. mutualistas). Algunos ejemplos de esta microbiota benéfica incluyen a las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (o PGPB por sus siglas en inglés), las cuales, como su nombre lo indica, estimulan el crecimiento de la planta a través de mecanismos directos (p.ej. producción de fitohormonas) e indirectos (p. ej. el biocontrol de fitopatógenos). En

este trabajo se discutirán temas relacionados con la selección y el estudio de nuevos agentes bacterianos con diversas capacidades metabólicas, los cuales derivan de análisis genómicos y funcionales. En particular, se describe a la cepa SER3 de *Rouxiella badensis*, cuyas capacidades de biocontrol contra patógenos fúngicos postcosecha han sido demostradas en bioensayos *in vitro* e *in vivo*. Adicionalmente, estudios derivados del genoma completo muestran un amplio repertorio de compuestos antifúngicos como sideróforos, polienos y peptidos no ribosomales. En conclusión, los agentes microbianos son un excelente sustituto al uso de agroquímicos, ya que actúan como bioinoculantes, pero sin dañar los agroecosistemas y/o la salud humana.

3.3. METABOLÓMICA Y PROTEÓMICA DE PLANTAS: ESPECTROMETRÍA DE MASAS APLICADA AL ESTUDIO DE LAS RESPUESTAS MOLECULARES DE DEFENSA DE LAS PLANTAS

[Plant Metabolomics and Proteomics: Mass Spectrometry Applied to the Study of the Molecular Responses of Plant Defense]

Ramos HJO^{1,2}, Oliveira MGA¹, Fontes EPB¹, Coutinho FS¹, Rodrigues JM¹, Lima LL¹, Gómez JD¹, Gouveia AS¹, Pinheiro VM¹, Faustino VA, Vital CE¹, Barros E², Vieira NM², Vidigal PM², Pontes CSL², Costa, DP².

¹Department of Biochemistry and Molecular Biology, UFV, BIOAGRO/INCT-IPP, Brazil; ²Núcleo de Análise de Biomoléculas, NuBioMol, UFV, Brazil. humramos.ufv.br@gmail.com

Background. Soybean is one of the most important crops worldwide and Brazil stands out as the great producer. Climate changes are promoting variability in precipitation and more frequent pest outbreaks. Insight the molecular mechanisms for tolerance to biotic and abiotic stresses is critical for the development of improved genotypes, showing tolerance to multiple environmental stresses. Plant adaptive responses to specific abiotic stresses or biotic agents are fine-tuned by a network of hormonal signaling cascades. Currently, it has been observed that hormonal cross-talk modulates plant responses to abiotic stresses and defense against insect herbivores when they occur simultaneously. Furthermore, in soybean and *Arabidopsis thaliana* plants, the mechanism for BiP-mediated increase in drought tolerance has been linked to its capacity to modulate the stress-induced cell death pathway. In contrast, BiP can accelerate the hypersensitive response (HR) induced by an incompatible plant-bacterium interaction. Thus, regulatory molecular hub(s) integrating signals may be a target to the genetic engineering of plants with multiple tolerances to environmental stresses.

Mass spectrometry-based technologies have advanced in the last decades, specially applied

to protein and metabolites analyzes, providing high sensitivity to identify and quantify a large number of molecules. Highlighting, mass spectrometry (MS) coupled to liquid chromatograph (LC) applied for profiling proteins and secondary metabolites, and gas chromatography (GC) for primary metabolites. When used for large-scale approaches, GC/MS and LC/MS data analysis require bioinformatic platforms for processing, alignments, feature extracting and identification. as well as for pairwise or multi-group comparisons.

Strategy and Methodology. We had use integrative approaches of plant molecular physiology and gene expression analysis to elucidated the mechanisms of the drought tolerance and resistance to bacterial and insect attacks from soybean genotypes Embrapa 48, IAC17 and of a transgenic plant overexpressing the chaperone BiP. GC/MS and LC/MS metabolic profiling were used to characterize the metabolites and pathways responsive to biotic and abiotic stress, as well as those regulatory cascades triggered or shared between each stress specific signal. Protein profiles were generated by bidimensional electrophoresis and LC/MS (2DE-LC/MS) and, gene expression by qRT-PCR and RNAseq.

GC/MS and LC/MS data were analyzed using the Target-Search and XCMS algorithms, respectively. Statistical analyzes were performed using the MetaboAnalyst platform. Tutorials describing each step of these analyzes can be accessed from Protocols.io (Vital et al., 2018; Gomez et al., 2018; Gouveia et al. 2019; Vieira et al., 2019).

As models of plant defenses to environmental stresses, we had study the molecular responses of soybean plants to insect pest *A. gemmatalis* and the pathogenic bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*. Also, we are evaluating the effect of the endophytic fungus *Pochonia chlamydosporia* in the soybean tolerance to drought stress.

Results and Conclusion. Metabolic profiles in BiP-overexpressing plants under hypersensitive response (HR) were significantly distinct from the wild-type untransformed (Figure 1). Transgenic plants also displayed a lower abundance of HR-responsive metabolites as amino acids, sugars, carboxylic acids and signal molecules, including p-aminobenzoic acid (PABA) and dihydrosphingosine (DHS). In contrast, salicylic acid (SA) biosynthetic and signaling pathways were more stimulated in transgenic plants and both pathogenesis-related genes (PRs) and transcriptional factors controlling the SA pathway were more induced in the BiP-overexpressing lines (Figure 1). Thus, as a protective pathway against pathogens, HR regulation by sphingolipids and SA may account at least in part by the enhanced resistance of transgenic plants. Furthermore, the BiP-overexpressing plants showed an increase in flavonoids, mainly prenylated isoflavones, as precursors for phytoalexins. In fact, we observed increased expression of O-methyltransferases in transgenic plants, resulting from the increased expression of proteins related to the phenylpropanoid and isoflavonoids pathway (Figure 2). Elevated levels of phytoalexins such as

coumestrol, pterocarpan and glyceolins, were also observed in infected genotypes. Proteomic results indicated upregulation of antioxidative metabolism as a form of resistance to *P. syringae* (Figure 1). These results indicate that the BiP-mediated acceleration in the hypersensitive response may be a target for metabolic engineering of plant resistance against pathogens.

We have verified that the main defense mechanism of soybean IAC17 genotype that affect the digestibility of *A. gemmatalis* caterpillars involve the production of protease inhibitors (PIs), such as the Kunitz family (SBTI) and Bowman-Birk (BBI), combined with phenolic compounds. Some defense responses to herbivory showed to be constitutive while others were induced and JA-independent. Proteins commonly responsive to biotic and abiotic stresses and not yet characterized for plant-insect interactions, such as transmembrane receptors and transcriptional factors, were positively regulated in the resistant genotype IAC 17. Likewise, the biosynthesis of defense molecules acting by antibiosis can be modulated by RNA-binding proteins that control chloroplast metabolism. Although some genes involved in the flavonols biosynthesis such as coding for FLS1 and methyltransferases were highly up regulated in IAC 17, the levels of quercetin glycoconjugates were produced constitutively. Thus, this genetic characteristic could be justified by post translational regulations, as verified for some protein isoforms of transcription factors (TFs) and kinases receptors detect only in the IAC 17.

Interesting, IAC17 plants under drought were less susceptible to insect attack, promoting lower caterpillar survival. Furthermore, metabolites profiles, gene expression and enzymatic assays lead us to conclude that only the drought signal was not enough to explain the survival reductions. Protease inhibition activities and expressions of LOX and PI genes correlated with ABA levels, indicating that

JA-signalling was potentialized by ABA to enhance the production of deterrent metabolites. Thus, increased ABA levels during drought treatment may be acting synergistically to induce cascades responsive to JA.

Finally, we verified that infection of the soybean plants by the fungus *P. chlamydosporia* improved the drought tolerance, increasing the water potentials and contents (RWC) in the leaves. Furthermore, hydraulic conductivity was also increased by

the presence of the fungus, indicating that fungal infection may have promoted changes the roots vessels, maintaining a higher water content in the leaves. Otherwise, the fungal infection changed the metabolite profiles for phenylpropanoids pathway and, some phenolic compounds may be important as agents to reduce oxidative damage or as substrates for remodeling of the cell wall structure of the root vessels.

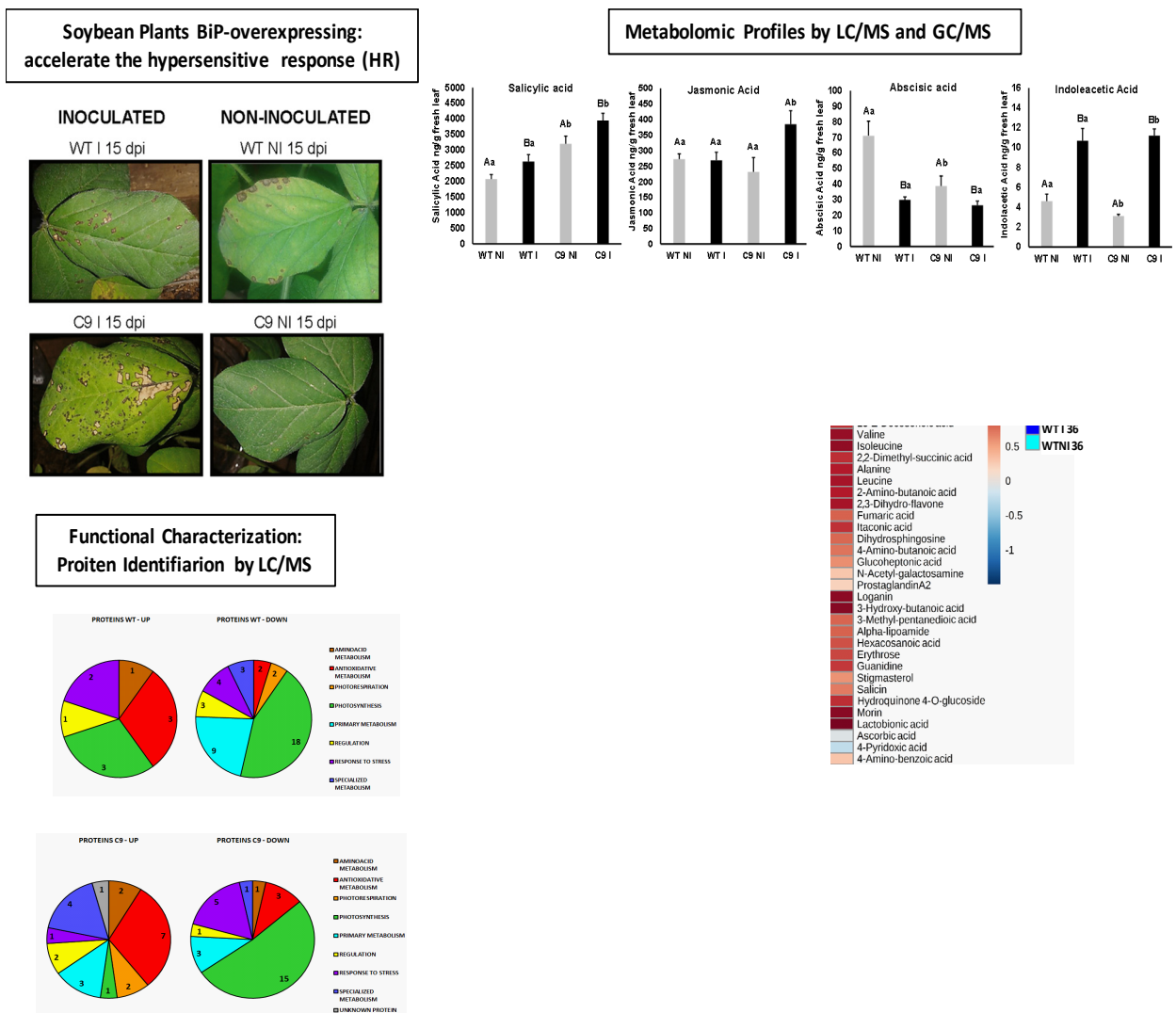


Figure 1. Metabolomic and proteomic analyzes of WT and C9 genotypes infected (I) or noninfected (NI) by *P. syringae* pv. *tomato*.

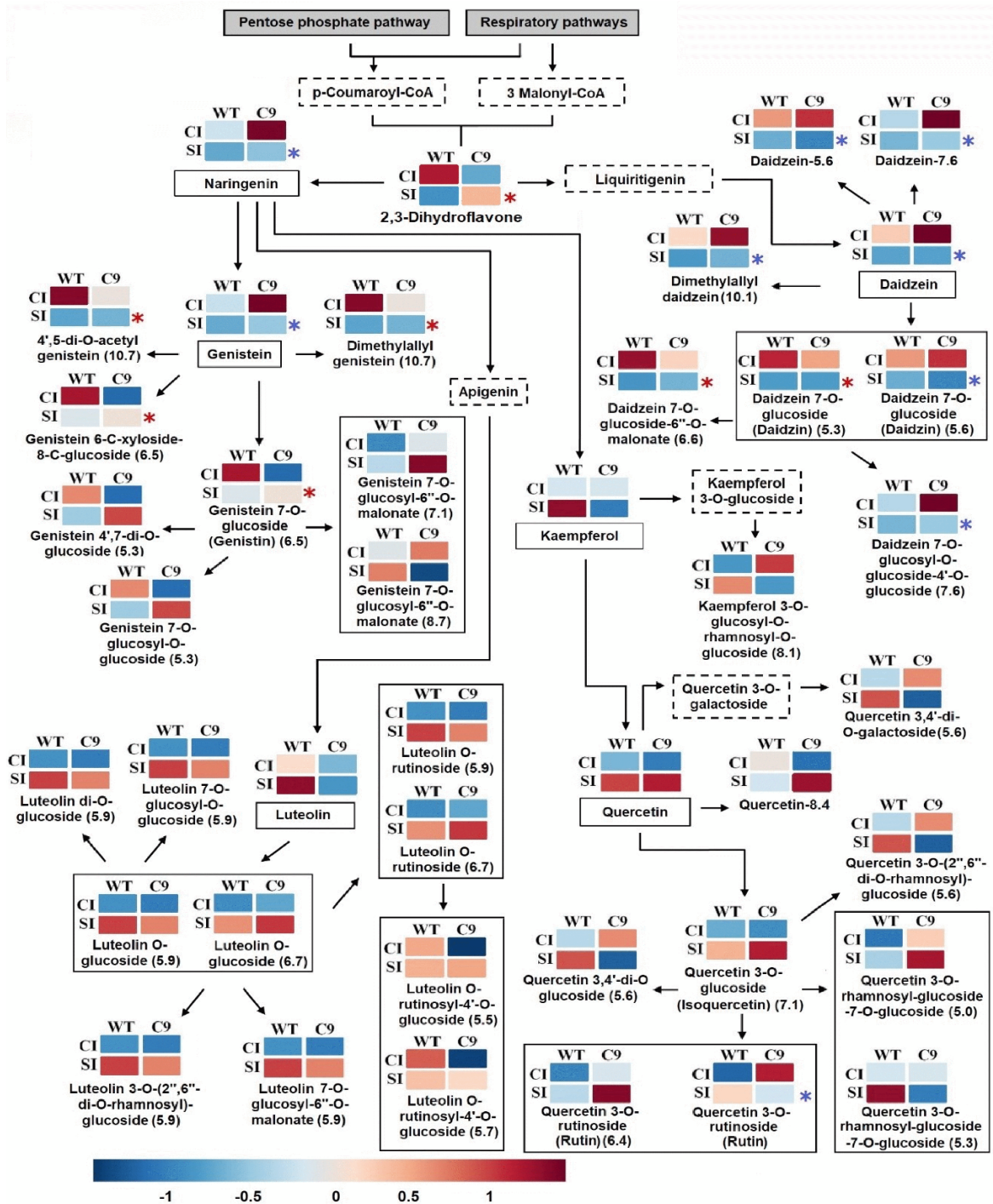


Figure 2. Schematic overview of flavonoid biosynthesis pathway reconstructed using the characterized compounds from soybean leaves. Each colored square box is indicative of the abundance levels of the metabolites involved in the flavonoid biosynthesis identified for each WT and C9 genotypes infected (I) or noninfected (NI) by *P. syringae* pv. *tomato*. Compounds marked by blue asterisk were more abundant in the inoculated C9 genotype while compounds marked by red asterisk were more abundant in the inoculated WT genotype.

3.4. VIRUS GENOMICS PROVIDES NOVEL INSIGHTS ON NUCLEIC ACID AND PROTEIN STRUCTURE

Katherine LaTourrette^{1,2,3} and Hernan Garcia-Ruiz^{1,2}

¹Nebraska Center for Virology, University of Nebraska-Lincoln, Lincoln, Nebraska, USA.

²Department of Plant Pathology, University of Nebraska-Lincoln, Lincoln, Nebraska, USA.

³Complex Biosystems Interdisciplinary Life Sciences Program, University of Nebraska-Lincoln, Lincoln, Nebraska, USA.

Background. In order to adapt to a wide variety of hosts and vectors, plant viruses must retain flexibility in their genomes (Garcia-Ruiz, 2018; Nigam et al., 2019). This flexibility is balanced by the need to retain essential functions in order to infect, replicate, and spread within a host. Viruses can generate variation through mutation, reassortment, or recombination. Variation produced by either of these three methods may have neutral, positive, or deleterious effects on virus fitness. Deleterious variants will be selected out of the population while variants with a competitive advantage will move towards fixation in the population (Garcia-Ruiz, 2018; Moury & Simon, 2011). Selection acting on variation creates a footprint in the virus genome, observable as mutations accumulating in particular segments of the genome. This means mutations, and at a bigger scale, variation, do not occur randomly within the genome. Instead, mutations accumulate in genome segments that are determinants of host adaptation, viral evolution, or vector transmission (Moury & Simon, 2011; Nigam et al., 2019). Eventually, this can lead to the emergence of new species, strains, or viruses with new biological properties. However, mutations at the nucleotide level do not necessarily translate to mutations at the protein level. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) can cause silent mutations where the amino acid remains unchanged. Therefore, variation must

be considered at both a nucleotide and a protein level.

Strategy and Methodology. Using a computational pipeline, we are able to characterize variation across viral genomes and establish genus-wide patterns of variation. Variation at the nucleotide level is measured using both SNPs and nucleotide diversity, and protein variation is measured by single amino acid polymorphism (SAPs). Additionally, disorder and order of viral proteins were measured using the Multilayered Fusion-based Disorder predictor (MFDp) and Protein DisOrder prediction System (PrDOS) (Ishida & Kinoshita, 2007; Mizianty et al., 2010). This allows for the identification of intrinsically disordered proteins or regions. These areas or proteins often interact with multiple partners and lack a tertiary structure.

Results. We have conducted variation analyses of several virus genera including *Potyvirus*, *Polerovirus*, and recently, *Betacoronavirus* (LaTourrette et al., 2021; Nigam et al., 2019). Our analysis allowed us to rank viruses from most to least variable. Highly variable viruses included Sugarcane mosaic virus (potyviruses), Turnip yellows virus (polerovirus), and Roussettus bat coronavirus HKU9 (betacoronavirus). Variation patterns across the genome were consistent within a genus, suggesting virus

variation can even be predicted based off of the variation of related viruses. Viruses also group phylogenetically by host rather than geographic origin, suggesting the host shapes viral variation through host-virus interactions.

For all the virus genera, hyper variable areas correlated with viral proteins related to host adaptation and vector transmission. These hyper variable areas are consistent across a genus. The coat protein or spike protein is hyper variable across all analyzed virus genera. Coat proteins are necessary for virion formation and movement within the host. Additionally, the coat protein within the plant virus genera was highly disordered. Specifically, it contained highly disordered regions that aligned with known vector transmission and virus systemic movement (Peter et al., 2008). Interestingly, in poleroviruses, the silencing suppressor protein, P0, was hyper variable but highly ordered. P0 may be under strong pressure to maintain functionality in genetically diverse hosts or interacts with host proteins with a conserved structure.

Our research shows that virus variation can be identified at the genomic level, and virus genera often have similar variation patterns at both the RNA and protein level. By examining variation at a genus level, we can establish patterns of evolution for viruses. These patterns can be used to predict which specific proteins are likely to mutate in the future and which are likely to remain stable. This knowledge can be utilized to create universal viral diagnostic tests and long-lasting resistant crops.

Garcia-Ruiz, H. (2018). Susceptibility Genes to Plant Viruses. *Viruses*, 10(9), 484. <https://doi.org/10.3390/v10090484>. Ishida, T., & Kinoshita, K. (2007). PrDOS: Prediction of disordered protein regions from amino acid sequence. *Nucleic Acids Research*, 35(Web Server), W460–W464. <https://doi.org/10.1093/nar/gkm363>. LaTourrette, K., Holste, N. M., Rodriguez-Peña, R., Leme, R. A., & Garcia-Ruiz, H. (2021). Genome-Wide Variation in Betacoronaviruses. *Journal of Virology*, 95(15), e00496-21. <https://doi.org/10.1128/JVI.00496-2>. Mizianty, M. J., Stach, W., Chen, K., Kedarisetti, K. D., Disfani, F. M., & Kurgan, L. (2010). Improved sequence-based prediction of disordered regions with multilayer fusion of multiple information sources. *Bioinformatics*, 26(18), i489–i496. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq373>. Moury, B., & Simon, V. (2011). DN/dS-Based Methods Detect Positive Selection Linked to Trade-Offs between Different Fitness Traits in the Coat Protein of Potato virus Y. *Molecular Biology and Evolution*, 28(9), 2707–2717. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr105>. Nigam, D., LaTourrette, K., Souza, P. F. N., & Garcia-Ruiz, H. (2019). Genome-Wide Variation in Potyviruses. *Frontiers in Plant Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01439>. Peter, K. A., Liang, D., Palukaitis, P., & Gray, S. M. (2008). Small deletions in the potato leafroll virus readthrough protein affect particle morphology, aphid transmission, virus movement and accumulation. *Journal of General Virology*, 89(8), 2037–2045. <https://doi.org/10.1099/vir.0.83625-0>.

4. SIMPOSIO: IMPACTO DE LA PANDEMIA COVID-19 EN LA FITOSANIDAD

4.1. A GENOMIC VISION OF COVID-19 FROM PLANT PATHOLOGY

[Una visión genómica de COVID-19 en la fitopatología]

Hernan Garcia-Ruiz^{1,2*}, Katherine LaTourrette^{1,2,3}

¹Nebraska Center for Virology, ²Department of Plant Pathology, and ³Complex Biosystems Interdisciplinary Life Sciences Program. University of Nebraska-Lincoln, NE, USA, 68583. hgarciaRuiz2@unl.edu

Abstract. The *Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (SARS-CoV-2) is the causal agent of the COVID-19 pandemic (Lu *et al.*, 2020; Zhu *et al.*, 2020). Several mRNA or adenoviral-based vaccines have been developed and deployed based on the spike glycoprotein S. However, the spike glycoprotein S is encoded by the most variable cistron in the SARS-CoV-2 genome (LaTourrette *et al.*, 2021b), explaining the emergence of variants that compromise the efficacy of these vaccines. Furthermore, SARS-CoV-2 continues to evolve (Kupferschmidt, 2021). For all viruses, genetic variation is a key contributor to the emergence of new species and variants with novel properties (Kupferschmidt, 2021; Martinez-Turino *et al.*, 2021). The ability to predict variations in human viruses and their emergent novel properties, would be of great value, particularly for viruses with pandemic potential. We can greatly enhance vaccine effectiveness and their impact if we know or can predict genetically stable, and variable areas within a virus before designing and deploying vaccines. Furthermore, fundamental measurement and characterization of genomic variation in viruses infecting animals, insects, and plants has the potential to inform universal rules of virus genome variation and host adaptation.

Introduction. Viral targets for vaccine and antiviral drugs are selected based on the biology of the virus, including the development of neutralizing

antibodies during natural infection (Bangaru *et al.*, 2020). The efficiency of vaccines and antiviral drugs is affected by the accumulation of mutations in the viral genome, particularly within the vaccine or drug targets (Kupferschmidt, 2021). This is critical for viruses of pandemic potential, as demonstrated by the emergence of COVID-19 variants that reduce the efficiency of current vaccines. One way to improve vaccine and antiviral drug efficacy is to measure, identify, and map accumulation of mutations in a virus genome; if it occurs within targets, vaccine and drug design must account for virus variation (Baum *et al.*, 2020).

Soon after the detection of a new virus species with pandemic potential, targets for vaccines and antiviral drugs must be selected based on only a small number of genome sequences (Zhou *et al.*, 2020; Zhu *et al.*, 2020). Two complementary approaches are taken to determine the variation profile of a virus: the experimental approach, and the evolutionary history approach. The experimental approach consists of measuring accumulation of mutations within a virus genome when replicating in alternate or genetically diverse hosts or vectors (Obenauer *et al.*, 2006; Ruark-Seward *et al.*, 2020; Whitfield *et al.*, 2020; Martinez-Turino *et al.*, 2021; Pontremoli *et al.*, 2021). For a virus of pandemic potential, this approach is unlikely to provide the information needed in a timely manner for multiple reasons, including a small number of complete ge-

nome sequences in alternate hosts and/or from genetically diverse hosts of the same species. Given the large number of virus species, their hosts, and their vectors, to experimentally determine genomic variation in all viruses with pandemic potential is a daunting task, non-economically feasible, an unlikely to provide a solution. Furthermore, viruses of pandemic potential are only a small fraction of viruses affecting society directly by infecting humans or indirectly by infecting animals, livestock, or crops. To overcome these limitations, we have implemented evolutionary history approach to profile genomic variation in viruses and to predict genetically stable and variable areas in a new species.

Taxonomic virus classification is based on a combination of genotype and phenotype. Common properties within a genus include virion morphology, genome size, organization and/or number of segments, replication strategy, sequence homology, and vector transmission (Walker *et al.*, 2021). The International Committee on Taxonomy of Viruses defines a species as a “monophyletic group of viruses whose properties can be distinguished from those of other species by multiple criteria”, including nucleotide sequence, genome arrangement, sequence homology, serological relationships, vector transmission, host range, pathogenicity, tissue tropism, and geographical distribution (Walker *et al.*, 2021). This demarcation of genus and species in viruses implies that there are common properties, including multiple molecular and ecological relationships between all members of a genus. There are also key differences among species of the same genus. Additionally, this demarcation suggests that changes that lead to speciation occur in key parts of the genome. Within the genus *Betacoronavirus*, both SARS-CoV and SARS-CoV-2 originated in bats and adapted to infect humans (Cui *et al.*, 2019; Andersen *et al.*, 2020). For SARS-CoV-2, the lowest similarity to the putative parental bat viru-

ses mapped to the S glycoprotein (Lu *et al.*, 2020), which is also the most variable part of the genome in all betacoronaviruses (LaTourrette *et al.*, 2021b).

Methods. We have implemented evolutionary history approach to profile genomic variation in viruses and to predict genetically stable and variable areas in a new species. The starting point are complete genome sequences in GenBank or obtained experimentally. These scripts were used to profile genomic variation in betacoronaviruses (LaTourrette *et al.*, 2021b), potyviruses (Nigam *et al.*, 2019), orthospoviruses (Nigam and Garcia-Ruiz, 2020), and poleroviruses (LaTourrette *et al.*, 2021a).

Results. Collectively, results show that variation in viral genomes does not accumulate randomly. Instead, mutations accumulate in areas of the genome that provide a competitive advantage, including host adaptation (Obenauer *et al.*, 2006; Nigam *et al.*, 2019; Nigam and Garcia-Ruiz, 2020; LaTourrette *et al.*, 2021b). Both SARS-CoV and SARS-CoV-2 originated in bats and adapted to infect humans (Cui *et al.*, 2019; Andersen *et al.*, 2020). Mutation is fundamental to virus evolution, and in response to selection pressure, is manifested as the emergence of new variants and species adapted to different hosts, with novel pathogenicity, or with a competitive advantage. The combination of mutation and selection forms a genetic footprint on the genome, consisting of the preferential accumulation of mutations in areas that provide a selective advantage (Ruark-Seward *et al.*, 2020; Zhai *et al.*, 2020). Properties of betacoronaviruses contributing to variation and the emergence of new variants and species are beginning to be elucidated (Kupferschmidt, 2021; LaTourrette *et al.*, 2021b). At the time SARS-CoV-2 was described, twenty species in the genus *Betacoronavirus* were already known. Re-

cently, we profiled the accumulation of mutations in all species in the genus *Betacoronavirus*, including SARS-CoV-2 and two other species that infect humans: SARS-CoV, and the *Middle East respiratory syndrome coronavirus* (MERS-CoV). Profiles identified both genetically stable and variable areas at homologous locations across species within the genus *Betacoronavirus* (LaTourrette *et al.*, 2021b). Results showed that variation and structural disorder in the S glycoprotein is a general feature of all members of the genus *Betacoronavirus*, including SARS-CoV-2. Other variable parts include proteins 3, 7, and ORF8, which participate in replication and suppression of antiviral defense. In contrast, replication proteins in ORF 1b are the least variable (LaTourrette *et al.*, 2021b). These findings highlight the potential for the continual emergence of new species and variants with novel biological properties and indicate that the S glycoprotein has a critical role in host adaptation and is a key determinant of the efficacy of vaccines (Kupferschmidt, 2021; LaTourrette *et al.*, 2021b). Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC and Garry RF. 2020. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med* 26: 450-452. Bangaru S, Ozorowski G, Turner HL, Antanasijevic A, Huang D, Wang X, Torres JL, Diedrich JK, Tian JH, Portnoff AD, Patel N, Massare MJ, Yates JR 3rd, Nemazee D, Paulson JC, Glenn G, Smith G and Ward AB. 2020. Structural analysis of full-length SARS-CoV-2 spike protein from an advanced vaccine candidate. *Science* 370: 1089-1094. Baum, A., Fulton, B.O., Wloga, E., Copin, R., Pascal, K.E., Russo, V., Giordano, S., Lanza, K., Negron, N., Ni, M., Wei, Y., Atwal, G.S., Murphy, A.J., Stahl N, Yancopoulos GD and Kyratsous CA. 2020. Antibody cocktail to SARS-CoV-2 spike protein prevents rapid mutational escape seen with individual antibodies. *Science* 369: 1014-1018. Cui, J., Li, F., and Shi, Z.L. (2019). Origin and evolution of pathogenic coronaviruses.

Nat Rev Microbiol 17, 181-192. Kupferschmidt, K. (2021). Evolving threat. *Science* 373, 844-849. LaTourrette, K., Holste, N.M., and Garcia-Ruiz, H. (2021a). Poliovirus genomic variation. *Virus Evolution Under Review*. LaTourrette, K., Holste, N.M., Rodriguez-Pena, R., Leme, R.A., and Garcia-Ruiz, H. (2021b). Genome-Wide Variation in Betacoronaviruses. *J Virol* 95, e0049621. Lu, R., Zhao, X., Li, J., Niu, P., Yang, B., Wu, H., Wang, W., Song, H., Huang, B., Zhu, N., Bi, Y., Ma, X., Zhan, F., Wang, L., Hu, T., Zhou, H., Hu, Z., Zhou, W., Zhao, L., Chen, J., Meng, Y., Wang, J., Lin, Y., Yuan, J., Xie, Z., Ma, J., Liu, W.J., Wang, D., Xu, W., Holmes, E.C., Gao, G.F., Wu, G., Chen, W., Shi, W., and Tan, W. (2020). Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet* 395, 565-574. Martinez-Turino, S., Calvo, M., Bedoya, L.C., Zhao, M., and Garcia, J.A. (2021). Virus Host Jumping Can Be Boosted by Adaptation to a Bridge Plant Species. *Microorganisms* 9. Nigam, D., and Garcia-Ruiz, H. (2020). Variation Profile of the Orthotospovirus Genome. *Pathogens* 9, 521. Nigam, D., LaTourrette, K., Souza, P.F.N., and Garcia-Ruiz, H. (2019). Genome-Wide Variation in Potyviruses. *Front Plant Sci* 10, 1439. Obenauer, J.C., Denson, J., Mehta, P.K., Su, X., Mukatira, S., Finkelstein, D.B., Xu, X., Wang, J., Ma, J., Fan, Y., Rakestraw, K.M., Webster, R.G., Hoffmann, E., Krauss, S., Zheng, J., Zhang, Z., and Naeve, C.W. (2006). Large-scale sequence analysis of avian influenza isolates. *Science* 311, 1576-1580. Pontremoli, C., Forni, D., Clerici, M., Cagliani, R., and Sironi, M. (2021). Alternation between taxonomically divergent hosts is not the major determinant of flavivirus evolution. *Virus Evol* 7, veab040. Ruark-Seward, C.L., Bonville, B., Kennedy, G., and Rasmussen, D.A. (2020). Evolutionary dynamics of Tomato spotted wilt virus within and between alternate plant hosts and thrips. *Sci Rep* 10,

15797. Walker, P.J., Siddell, S.G., Lefkowitz, E.J., Mushegian, A.R., Adriaenssens, E.M., Alfenas-Zerbini, P., Davison, A.J., Dempsey, D.M., Dutilh, B.E., Garcia, M.L., Harrach, B., Harrison, R.L., Hendrickson, R.C., Junglen, S., Knowles, N.J., Krupovic, M., Kuhn, J.H., Lambert, A.J., Lobocka, M., Nibert, M.L., Oksanen, H.M., Orton, R.J., Robertson, D.L., Rubino, L., Sabanadzovic, S., Simmonds, P., Smith, D.B., Suzuki, N., Van Dooverslaer, K., Vandamme, A.M., Varsani, A., and Zerbini, F.M. (2021). Changes to virus taxonomy and to the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2021). *Arch Virol* 166, 2633-2648. Whitfield, Z.J., Prasad, A.N., Ronk, A.J., Kuzmin, I.V., Ilinykh, P.A., Andino, R., and Bukreyev, A. (2020). Species-Specific Evolution of Ebola Virus during Replication in Human and Bat Cells. *Cell Rep* 32, 108028. Zhai, X., Sun, J., Yan, Z., Zhang, J., Zhao, J., Zhao, Z., Gao, Q., He, W.T., Veit, M., and Su, S. (2020). Comparison of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Spike Protein Binding to ACE2 Receptors from Human, Pets, Farm Animals, and Putative Intermediate Hosts. *J Virol* 94, e00831-00820. Zhou, P., Yang, X.L., Wang, X.G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Si, H.R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C.L., Chen, H.D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R.D., Liu, M.Q., Chen, Y., Shen, X.R., Wang, X., Zheng, X.S., Zhao, K., Chen, Q.J., Deng, F., Liu, L.L., Yan, B., Zhan, F.X., Wang, Y.Y., Xiao, G.F., and Shi, Z.L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature* 579, 270-273. Zhu, N., Zhang, D., Wang, W., Li, X., Yang, B., Song, J., Zhao, X., Huang, B., Shi, W., Lu, R., Niu, P., Zhan, F., Ma, X., Wang, D., Xu, W., Wu, G., Gao, G.F., Tan, W., China Novel Coronavirus, I., and Research, T. (2020). A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 382, 727-733.

4.2. IMPACTO DE COVID-19 EN LA PRODUCCIÓN Y CALIDAD AGROALIMENTARIA

Patricia Rivas Valencia

Campo Experimental Valle de México-INIFAP. Km. 13.5 Carr. México-Texcoco, Coatlinchán, Texcoco, Edo. de México, CP. 56230, México. rivas.patricia@inifap.gob.mx

COVID-19, enfermedad pandémica causada por SARS-CoV-2, cambió los esquemas de producción y cadenas de suministro en todos los ámbitos de la economía mundial. El sector agrícola en México no fue la excepción. Sin embargo, su esencialidad ante la pandemia representó un crecimiento positivo por encima de los otros sectores de la economía mexicana, destacándose como un gran proveedor de alimentos al mundo en 2020. La vocación de productores y la integración de cadenas productivas permitió un superávit de 12 347 millones de dólares con un incremento anual del 39.92 %. La pandemia representa un reto y oportunidad para el

agro mexicano en materia de innovación digital y tecnológica derivadas de investigación de frontera. Sin embargo, es necesario establecer políticas públicas y de planeación agrícola que permitan optimizar esta área de oportunidad enfocándose en nuevos modelos productivos y de comercio nacional e internacional, respondiendo de manera eficaz a visiones nacionales de beneficio a productores-consumidores y garantizando la seguridad alimentaria en el marco de políticas internacionales de desarrollo sostenible de la ONU, reducción del impacto climático de la IPCC y la procuración de la salud humana de la OMS.

4.3. IMPACTO DEL COVID-19 EN LA SANIDAD DE LOS CULTIVOS: CASO DE AGUACATE Y GUAYABO

Catarino Perales-Segovia¹, Cecilio Castañeda-Cabrera¹, Ernesto González Gaona²

¹Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico El Llano Aguascalientes; ²INIFAP, Pabellón de Arteaga, Aguascalientes. cperales55@hotmail.com

El aguacate y el guayabo, están entre los 12 frutales más importantes cultivados en México; el aguacate entre los 10 más importantes en el mundo. De aguacate se siembran en México alrededor de 231 mil ha, con un rendimiento de 2.3 millones de toneladas por año, principalmente en el estado de Michoacán, aunque su cultivo está creciendo en varios municipios de Jalisco; mientras que de guayabo se siembran alrededor de 23 mil ha con un rendimiento de 300 mil toneladas por año, principalmente en los estados de Michoacán (12 mil), Aguascalientes (6,200) y Zacatecas (2,500). El Aguacate en Cd. Guzmán, Jalisco, México, es afectado por plagas y enfermedades que se han agudizado con la pandemia del COVID-19 (SARS-CoV-2). Los daños en frutos por plagas y enfermedades han aumentado principalmente por la

reducción a más de la mitad de la fuerza laboral, limitando el muestreo y el control oportuno de las plagas. Además del cierre de comercializadoras agrícolas y la consecuente falta de agro insumos, lo cual ha limitado el manejo y rentabilidad del cultivo. El cierre del acceso a los mercados como Monterrey, Cd de México y Guadalajara ha afectado también la comercialización del aguacate. En el cultivo de guayabo la situación es muy parecida, en la región productora de Calvillo, Aguascalientes, los principales problemas ocasionados por la pandemia son: retraso en los programas de manejo de plagas y enfermedades del cultivo, por problemas de ausencia y salud de los trabajadores del campo, falta y altos costos de los insumos, y reducción en la comercialización de la guayaba por problemas de cosecha oportuna, transporte almacenamiento y distribución de la fruta.

4.4. LA PRIMERA OLA COVID-19 Y LA ACTIVIDAD AGRÍCOLA DE CDMX

[The first COVID-19 wave and agricultural activity of CDMX]

Norma Ávila-Alistac¹, Jessica Cuevas-Castilleja², Armando Martínez-Luz², Marcelo Adán López-Arzate², Itzel Arlette Ramírez-García²

¹Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo Edo. México; ²Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco, Xochimilco. alixtac@gmail.com.

La agricultura nacional enfrenta un reto de disponibilidad de alimentos inocuos, principalmente la agricultura urbana y periurbana que busca producir de forma sustentable aprovechando los recursos locales de la ciudad. La CDMX cuenta con áreas que aún se destina a la producción de diferentes hortalizas, entre ellas destacan las delegaciones de Tlalpan, Milpa Alta, Tláhuac, Coyoacán y Xochimilco. Para realizar el manejo de los cultivos en dichas zonas, los productores implementan diferentes estrategias. No obstante, ante la emergencia sanitaria causada por COVID-19 alteró los sistemas alimentarios y agrícolas en la ciudad y el país, causando diversos problemas dentro de los cultivos generando pérdidas a los productores, principalmente por falta de recursos humanos. En el 2020, se implementó dos encuestas a productores y técnicos en la CDMX con el fin de conocer la situación del manejo integrado que implementan los productores en las zonas. Los productores manifestaron conocer las principales plagas insectiles y enfermedades que se presentan en las áreas como mosca blanca, trips, Damping off, entre otras. Ante la pandemia, si bien en los primeros meses se tenía mayor desconocimiento del comportamiento del

virus, los productores siguieron atendiendo sus parcelas, donde el 72 % establecieron cultivo de maíz y el resto diversas hortalizas. El principal problema que enfrentaron los productores ante la pandemia fue la falta de mano de obra. Más del 50% de los jornaleros agrícolas dejaron de acudir al trabajo por miedo al contagio por COVID-19, situación que fue justificable, por desconocimiento y restricciones implementadas por el gobierno en ese tiempo (2020). A pesar de las limitantes que enfrentaron los productores, solo reportaron alrededor de 20% de pérdidas de su producción. Por otro lado, durante la crisis sanitaria, los técnicos dieron seguimiento a las capacitaciones y asesoramientos a los productores, utilizando herramientas tecnológicas, principalmente uso de celular para las videollamadas o llamadas telefónicas. La ventaja que tuvieron los técnicos de implementar estas alternativas, se debió al previo conocimiento de las parcelas visitadas antes de la pandemia. La agricultura urbana y periurbana es una excelente alternativa para explotar su producción, para generar alimentos de mayor acceso a los consumidores. La crisis que enfrentaron los productores al inicio de la pandemia, fue un reto que lograron enfrentar ante las limitantes y desconocimiento que se tenía sobre COVID-19.

4.5. CAMBIOS EN LA CONDUCCIÓN DE INVESTIGACIONES EN AGRO-BIO-TECNOLOGÍA DEBIDO A LA ENFERMEDAD DE COVID-19: EL CASO DEL NODO DE INVESTIGACIÓN LBRM-COLMENA

Marisol Ayala Zepeda¹, Alondra María Díaz Rodríguez¹, Sergio Ahumada Flores¹, Fannie Isela Parra Cota², Sergio de los Santos Villalobos*¹.

¹Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Instituto Tecnológico de Sonora;

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Cd. Obregón, Sonora.
sergio.delossantos@itson.edu.mx.

La enfermedad de COVID-19 generó impactos a la salud y la estabilidad económica, ocasionó un aumento de la pobreza, de la desigualdad y puso en riesgo toda la cadena de suministro de alimentos y, con ello, la seguridad alimentaria global. Estos nuevos retos generaron la rápida movilización de las políticas públicas; sin embargo, el cambio global es un reto aun mayor con el que lidiábamos desde el siglo pasado y es necesario contrarrestar estas problemáticas desde un enfoque multidisciplinario, que integre la comprensión de las ciencias de la salud humana, animal y ambiental. Además, es necesaria la creación de acciones y estrategias que contribuyan al combate de la pandemia de COVID-19 y la mitigación de sus efectos negativos sobre la seguridad alimentaria y la soberanía nacional. Para ello, diversas instituciones y laboratorios a nivel mundial están enfocados en el estudio de alternativas agro-biotecnológicas sostenibles para contribuir a la seguridad alimentaria actual y futura

y en mitigar estos impactos. Así, con base en las experiencias vividas en nuestro laboratorio y equipo de trabajo, el Nodo de Investigación Laboratorio de Biotecnología del Recurso Microbiano y Colección de Microorganismos Edáficos y Endófitos Nativos (LBRM-COLMENA), se indican las estrategias implementadas para continuar con los proyectos de investigación, y su importancia en la generación del conocimiento en las diferentes disciplinas científicas. Para esto, es importante que los gobiernos inviertan en todas las áreas del conocimiento con enfoques colaborativos, dinámicos y transdisciplinarios entre los diferentes sectores de la sociedad para tomar decisiones informadas; para que la sociedad y el sector académico-científico pueda ser resiliente a la presente pandemia y a sus impactos. Por otro lado, debe priorizarse la conservación de los ecosistemas, incluidos los agro-ecosistemas, estructuras fundamentales para la vida, la salud y el bienestar de la biósfera.

4.6. COVID-19, ¿DESFIGURA O TRANSFIGURA LA EDUCACIÓN?

[Does Covid-19 misfigure or transfigure education?]

Milagro Granados-Montero^{1,2}

¹Estación Experimental Agrícola Fabio Baudrit Moreno. Escuela de Agronomía. Universidad de Costa Rica. ²Centro de Investigación en Estructuras Microscópicas. Vicerrectoría de Investigación. Universidad de Costa Rica. maria.granadosmontero@ucr.ac.cr

El 6 de marzo de 2020 representó para Costa Rica el inicio de una fuerte reflexión sobre la fragilidad de su sistema educativo, ya fuera público o privado, de educación básica o superior. A partir de ese día se inició un nuevo camino. Debíamos seguir una ruta sin brújula, la incertidumbre se apoderó de todos los sistemas. La Universidad de Costa Rica recién había iniciado su primer semestre hacía una semana atrás, cuando las autoridades decretaron estado de emergencia nacional y ordenaron confinamiento obligatorio. ¿Se puede enseñar bajo confinamiento? ¿Se puede aprender bajo confinamiento? La respuesta para ambas interrogantes es afirmativa, debemos adaptarnos y continuar. Bajo esa premisa las cinco universidades públicas del país asumieron el reto de enseñar y aprender; ¿o más bien de aprender y enseñar? porque debíamos aprender a enseñar en la virtualidad. Pero, ¿Se puede enseñar fitosanidad en la virtualidad? ¿Cómo hace un Fitosatólogo para impartir una clase práctica? ¿Cómo se puede ejecutar una clase de laboratorio? ¿Cómo

vamos de gira? ¿Será que la pandemia no permitirá que el proceso educativo en fitosanidad continúe? Las respuestas a estas preguntas eran más complejas de contestar e indudablemente habría una deformación de la educación en este ámbito. Para aminorar este efecto, la Cátedra de Fitopatología de la Escuela de Agronomía, trató de acercar al alumnado a las situaciones reales, por medio de la implementación de “laboratorios en casa” se les enviaron materiales que debían utilizar en prácticas guiadas con muestras de su patio. La gran sorpresa fue que más que una deformación se observó una transformación, el estudiantado aprendió diferente, sí; pero se apropió de su conocimiento como nunca antes y ahora lo atesora más que siempre. COVID-19 nos enseñó lo que no queríamos ver antes, debemos modernizar los procesos pedagógicos, no solo como respuesta a una emergencia, sino para darle oportunidad a estrategias innovadoras de enseñanza.

4.7. ABRAZAR LA ENSEÑANZA-APRENDIZAJE EN TIEMPOS DE COVID-19

Guillermo Márquez-Licona

Instituto Politécnico Nacional, Centro de Desarrollo de Productos Bióticos. gmarquezl@ipn.mx

La continuidad de la enseñanza e investigación en el escenario actual de pandemia representó un reto importante. Dada la imposibilidad de tener acceso a las instalaciones institucionales fue necesario buscar alternativas que permitieran dar continuidad a la enseñanza e investigación en fitosanidad. La integración de la Tecnologías de la Información y la Comunicación fue fundamental para continuar la enseñanza teórica, así como a las reuniones administrativas y organizacionales. Una estrategia implementada con mis alumnos fue el establecimiento de Huertos Agroecológicos en casa, donde los alumnos aplicaron de forma práctica los conocimientos teóricos, registrando las actividades en video reportes. Sin embargo, el aprendizaje práctico en fitopatología representó otro reto sustancial, principalmente debido a la imposibilidad de tener acceso un microscopio compuesto. En este caso, la integración del Foldscope fue pieza clave

para que los alumnos realizaran sus prácticas de laboratorio en casa. El Foldscope es un microscopio de papel, económico (\$150–\$200 MXN), portable, duradero, que funciona con luz natural, con un desempeño semejante a un microscopio convencional de investigación. Este sencillo, pero valioso instrumento permite observar directamente los especímenes o incluso puede acoplarse a la lente de un celular convencional para capturar imágenes de los ejemplares. Gracias a este novedoso instrumento y a un conjunto de materiales y reactivos enviados, los estudiantes fueron capaces de realizar la identificación de patógenos de plantas en la seguridad de sus hogares. La integración del Foldscope con las Tecnologías de la Información y la Comunicación, representó un caso de éxito que rediseña la investigación y el proceso de enseñanza aprendizaje de las Ciencias Biológicas, aplicable a todos los niveles educativos y sus modalidades permitiendo despertar las vocaciones científicas tempranas.

4.8. EXPERIENCIAS DE UN POSGRADUADO, ¿CÓMO HACER CIENCIA EN MEDIO DE LA PANDEMIA?

Sarahi Rubio-Tinajero

Facultad de Ingeniería y Ciencias, Centro Universitario Adolfo López Mateos, Ciudad Victoria,
Tamaulipas, México. C.P. 87140. daysa252018@gmail.com

Con la aparición de COVID-19 se han presentado problemas académicos y de investigación que han afectado a los estudiantes posgrado en diversas instituciones. Sin embargo, han tenido que adaptarse para poder cumplir con su responsabilidad y compromiso. La contingencia sanitaria ha obligado a restringir las actividades presenciales en las instituciones, por lo que los posgraduados han sido obligados a desarrollar capacidades autodidactas, buscar soluciones a problemas de investigación y actualizarse constantemente en el uso de tecnologías digitales por lo que las problemáticas antes mencionadas han dado lugar a la adquisición de nuevos conocimientos y herramientas con las que no contaba, que se han transformado en ventajas que les servirán como profesionistas. Además, a

pesar de la prohibición de estancias en universidades y centros de investigación, se ha logrado la adaptación de metodologías con bajo presupuesto, utilizando los materiales con los que se cuentan, así como las estancias internacionales en línea y se ha extendido la vinculación de equipos de trabajos con la finalidad de avanzar en los trabajos de investigación. Con el paso del tiempo se vislumbra un panorama más alentador, muchas universidades han logrado adaptarse, a nuestra nueva realidad en la era postcovid. Por otra parte, las universidades y el CONACYT han mantenido los requisitos de egreso del posgrado en tiempo y forma. Sin embargo, se debería modificar requisitos en concordancia con las limitaciones que impuso el trabajo virtual y los retrasos de los trabajos de investigación.

**5. SIMPOSIO: APLICACIÓN DE LA
NORMATIVA INTERNACIONAL: EL
CASO DE ALGUNAS PLAGAS
REGLAMENTADAS EN MÉXICO**

5.1. CIPF, NORMAS INTERNACIONALES Y CATEGORIZACIÓN DE PLAGAS

Delia Bastida Álvarez, Daniela Alejandra Bocanegra Flores, Carlos Lázaro Castellanos.
Análisis de Riesgo de Plagas, Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México. delia.bastida.i@senasica.gob.mx

México, al ser Miembro de la Organización Mundial de Comercio (OMC), tiene la obligación de dar cumplimiento a la Normativa Internacional respaldada por dicha Organización, como lo es el Acuerdo sobre la Aplicación de Medidas Sanitarias y Fitosanitarias (AMSF), el cual establece una serie de principios, como lo son, el principio Armonización, el de No discriminación y el de Equivalencia, asimismo, establece que la Convención Internacional de Medidas Fitosanitarias (CIPF), es la entidad responsable de dictar la Normativa Internacional en materia fitosanitaria, esto a través de las llamadas Normas Internacionales de Medidas Fitosanitarias, en las cuales se establecen definiciones

y directrices en materia fitosanitaria, entre las que se encuentran los pasos a seguir para determinar la Condición fitosanitaria de una plaga en un área, así como para realizar la Categorización de plagas y la elaboración de las Análisis de Riesgo de Plagas, los cuales son elementos fundamentales en la toma de decisiones en materia fitosanitaria y en el establecimiento de requisitos de importación de productos vegetales, y los cuales deben ser basados en evidencia científica sólida. Todo esto, dentro de un marco cuyo objetivo es disminuir al máximo los riesgos fitosanitarios asociados al intercambio comercial internacional de productos vegetales, pero a la vez evitando emitir medidas injustificadas que puedan representar una barrera encubierta al comercio.

5.2. ANÁLISIS DE RIESGO DE PLAGAS

Rubén Hernández Rivero, Daniela Alejandra Bocanegra Flores.

Análisis de Riesgo de Plagas, Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). Tecámac, Estado de México, México. ruben.hernandez.i@senasica.gob.mx

De acuerdo con lineamientos internacionales, el Análisis de Riesgo de Plagas (ARP) es el proceso de evaluación de evidencias biológicas, científicas y económicas para determinar si un organismo es una plaga, si debería reglamentarse, así como, la intensidad de las medidas fitosanitarias que han de adoptarse contra ella. México, como país miembro de la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF), para evaluar y manejar el riesgo de introducción y dispersión de plagas de interés cuarentenario, asociadas a plantas y productos vegetales, basa su ARP acorde a lo establecido en la Norma Internacional de Medidas Fitosanitarias (NIMF) No.11 Análisis de Riesgo de Plagas para Plagas Cuarentenarias. En ella se describe el proceso que ha de aplicarse tanto para la evaluación del riesgo como para la selección de opciones con respecto al manejo del riesgo, el cual consta de tres etapas: 1 Inicio del proceso, consiste en la identificación de la plaga o plagas y de las vías que son de

interés cuarentenario, las cuales deberán de considerarse para el análisis de riesgo; 2 Evaluación del riesgo, esta etapa inicia con la categorización de las plagas individuales para determinar si se cumplen los criterios para incluirlas entre las plagas cuarentenarias y continúa con la evaluación de las probabilidades de introducción y dispersión de la plaga y de sus consecuencias económicas potenciales (incluidos los impactos ambientales); 3 Manejo del riesgo, consiste en determinar opciones con respecto al manejo para reducir los riesgos identificados en la etapa 2. Esas opciones se evalúan en función de su eficacia, viabilidad y repercusiones con el fin de seleccionar las que son apropiadas. La implementación de este procedimiento internacional conocido como ARP, ha brindado la oportunidad de disminuir el riesgo de introducción y posterior establecimiento y dispersión de plagas en México, a través de la aprobación de medidas fitosanitarias adecuadas.

5.3. ePhyto EN MÉXICO: IMPLEMENTACIÓN, AVANCES Y PERSPECTIVAS

Edgar Reyes-Oregón¹, Francisca de la Cruz-Martínez¹, Delfino Hernández-Garrido²

¹Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). ²Dirección General de Inspección Fitozoosanitaria. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). edgar.reyes@senasica.gob.mx

El Certificado Fitosanitario Electrónico (ePhyto), es una representación estructurada en XML de la información que contiene el Certificado Fitosanitario Internacional para la exportación de productos vegetales (CFI) y esta es la solución de la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF) para eliminar el papel en la importación y exportación entre las Organizaciones Nacionales de Protección Fitosanitaria (ONPF), dicha modalidad se encuentra establecida en la Norma Internacional de Medidas Fitosanitarias No. 12 Certificados Fitosanitarios. En este sentido, México a través del Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA), integró en el sistema electrónico nacional (Ventanilla Digital Mexicana de Comercio Exterior) la funcionalidad para transmitir y recibir ePhyto al HUB de la CIPF. Durante 2020 y durante los primeros

meses de 2021 se han realizado pruebas de envío-recepción de ePhyto en ambiente de producción con Estados Unidos, Argentina, Chile, Colombia, Perú, Costa Rica, Guatemala y Unión Europea con resultados satisfactorios. Por lo que, a partir del 1 de abril del 2021, México y Estados Unidos de América iniciaron formalmente con el intercambio de ePhytos acordado mediante oficios de mutuo acuerdo. Con estas acciones México busca avanzar en los procesos de comercio internacional de mercancías agrícolas a través del uso de los medios electrónicos y fortalecer la seguridad en la transmisión de datos para transitar hacia un intercambio sin papel y ahorro en tiempos de recepción y revisión documental. Así mismo, se suma a los países que han utilizado esta herramienta implementada por la CIPF, demostrando con esto que se está preparado para iniciar con el intercambio electrónico con otras ONPF contratantes.

5.4. SITUACIÓN ACTUAL EN MÉXICO DE *Fusarium oxysporum* f. sp. *ubense* RAZA 4 TROPICAL, *Globodera rostochiensis*, *Xylella fastidiosa* Y VIRUS RUGOSO DEL TOMATE (ToBRFV)

Vicente Rosas Medina, Daniela Alejandra Bocanegra Flores

Análisis de Riesgo de Plagas, Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México. vicente.rosas@senasica.gob.mx

A efecto de tener claridad en la determinación de la condición fitosanitaria de una plaga, es necesario conocer algunos términos que se manejan a nivel internacional conforme a la NIMF 5 Glosario de términos fitosanitarios, tales como: plaga cuarentenaria, plaga no cuarentenaria reglamentada, control oficial, condición de una plaga y categorización de plagas. Así como la NIMF 8 Determinación del status de una plaga en un área, en la cual se establecen los parámetros para determinar si una plaga está presente o ausente de una zona o área. Con base a lo establecido en estas dos NIMF's, se procedió a determinar la condición fitosanitaria en México de *Fusarium Oxysporum* f. sp. *ubense* Raza 4 Tropical, *Globodera rostochiensis*, *Xylella fastidiosa* y el Virus rugoso del tomate (ToBRFV), considerando la existencia de registros o reportes con calidad de registros de presencia de la plaga, su

importancia económica desde el punto de vista del daño que ocasionan en los cultivos que afectan, asimismo, se identificó cuáles de éstas se encuentran bajo control oficial en México. Estos elementos permiten determinar que la situación actual de estas plagas en nuestro país es: *Fusarium Oxysporum* f. sp. *ubense* Raza 4 Tropical: Ausente, la plaga no se ha registrado, es una Plaga Cuarentenaria para México; Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV): Presente, no está ampliamente distribuida y se encuentra bajo control oficial, es una Plaga No Cuarentenaria Reglamentada para México; *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa*: Presente, no está ampliamente distribuida y se encuentra bajo control oficial, es una Plaga Cuarentenaria para México; y *Globodera rostochiensis*: Presente, no está ampliamente distribuida y se encuentra bajo control oficial, es una Plaga Cuarentenaria para México.

5.5. DETECCIÓN Y PROTOCOLO DE DIAGNÓSTICO DE *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* RAZA 4 TROPICAL (FOC R4T)

Lervin Hernández Ramos, Magnolia Moreno Velazquez, Nayeli Carrillo Ortiz, Adrián González Saucedo, Ángel Ramírez Suárez
Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México. lervin.hernandez@senasica.gob.mx

La fusariosis o marchites del plátano, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 tropical (Foc R4T) es una de las enfermedades de las plantas más destructivas a nivel mundial. Por más de 20 años el hongo estuvo confinado al sur y sureste de Asia y el norte de Oceanía, pero reportes recientes durante 2019 y 2021 han confirmado su presencia en Colombia y Perú. Mientras, en México, es una plaga cuarentenaria ausente y su ingreso y dispersión representa un peligro inminente para 80 mil ha cultivadas de plátano y banano. Ante ello, el Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF) ha implementado el protocolo de diagnóstico versión 2.0 incorporando las últimas técnicas moleculares de diagnóstico que ha generado la comunidad científica internacional para este patógeno, entre ellas se incluyen la PCR punto final de la región IGS del ADN ribosómico, PCR tiempo real con sonda TaqMan de una proteína putativa asociada a virulencia, PCR-RFLP del gen efector SIX1a asociado a virulencia, amplificación isotérmica LAMP de un marcador tipo DArTseq, y finalmente, se incluye secuenciación tipo Sanger y filogenia

molecular de los genes IGS y TEF-1a, al mismo tiempo que se trabaja en implementar secuenciación masiva. Cada una de las herramientas moleculares está siendo validada internamente con aislados de Foc R1 y Foc R2 provenientes de las zonas bananeras de México, para evaluar el límite de detección, sensibilidad, especificidad (exclusividad), repetibilidad y reproducibilidad bajo el estándar PM7/98 de la EPPO. Se han evaluado diferentes métodos de extracción de ácidos nucleicos para Foc R1 a partir de cultivos monospóricos y de haces vasculares de plátano (*Musa* spp.) con el propósito de determinar cuáles son los mejores métodos en cuanto a cantidad, calidad e integridad del ADN. Por otra parte, se está integrando una red de laboratorios coadyuvantes como respuesta ante eventuales detecciones en México, para ello, el CNRF gestiona, planifica, enfoca e intensifica acciones para mitigar el riesgo de introducción del patógeno y en caso de detectar plantaciones con síntomas de la enfermedad, realizar acciones de confirmación, diagnóstico y confinamiento oportuno y supresión del hongo.

5.6. DETECCIÓN Y PROTOCOLO DE DIAGNÓSTICO DE *Globodera rostochiensis*

Leonel Rosas-Hernández, Ángel Ramírez-Suárez, Salomé Alcasio-Rangel

Laboratorio de Nematología “Dr. Carlos Sosa-Moss”. Centro Nacional de Referencia, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México. leonel.rosas.i@senasica.gob.mx

El nematodo dorado de la papa (*Globodera rostochiensis*) es una de las principales especies plaga en el cultivo de esta solanácea y se encuentra regulada por diversas organizaciones de protección fitosanitaria en el mundo. Esta especie forma parte del grupo de nematodos enquistados, considerados endoparásitos obligados y se alimenta de las raíces de sus hospedantes. Al infestar raíces de plantas provoca síntomas como achaparramiento y amarillamiento. Una vez establecido en un área de cultivo, su erradicación resulta complicada debido a su capacidad de formar quistes, los cuales funcionan como estructuras de resistencia y en su interior contienen huevos con larvas en dormancia. Al presentarse hospedantes susceptibles, las larvas eclosionan como juveniles de segundo estadio (J2) y continúan nuevamente con su ciclo biológico. Se estima que las pérdidas ocasionadas son del 9% de la producción total mundial de papa.

La apertura mundial del intercambio comercial aunado a esquemas de detección e identificación deficientes ha propiciado la diseminación del nematodo dorado de la papa a países libres de esta plaga a través de la movilización de materiales ve-

getales contaminados (tubérculos, microtubérculos) o en su caso, suelo contaminado con quistes.

En México, para el diagnóstico de *G. rostochiensis* se cuentan con protocolos de diagnóstico que incluyen la detección e identificación taxonómica y la verificación o corroboración mediante la aplicación de técnicas moleculares. Estos protocolos de diagnóstico se encuentran armonizados a las directrices establecidas por la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF).

Con base en la normatividad internacional, el diagnóstico de *G. rostochiensis* comprende la extracción y detección de ejemplares (larvas, quistes) de materiales vegetales aplicando metodologías de extracción como: aparato de Fenwick, cepillado de tubérculos de papa y macerado-tamizado-centrifugado. En segunda instancia, la identificación taxonómica se realiza mediante estudios de morfología y morfometría de quistes y fenestra, así como la obtención y análisis de J2. La corroboración de la identidad taxonómica se realiza mediante el uso de tecnologías moleculares como la PCR punto final con iniciadores generales y específicos, PCR-RFLP, secuenciación Sanger y análisis filogenético.

5.7. DETECCIÓN Y PROTOCOLO DE DIAGNÓSTICO DE *Xylella fastidiosa*

Sandra Lourdes Moya Hernández, Bárbara Hernández Macías, Andrés Aguilar Granados
Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México. sandra.moya.i@senasica.gob.mx

La detección y diagnóstico confiable de *Xylella fastidiosa* es muy importante, no solo por su estatus de bacteria cuarentenaria a nivel global, sino también porque las diferentes subespecies son marcadamente diferentes en su rango de hospedantes. El diagnóstico de *X. fastidiosa* se basa en una serie de factores como la observación de síntomas en campo en combinación con pruebas de laboratorio. Estas últimas, son ampliamente utilizadas para el diagnóstico definitivo de la bacteria, incluso ante la falta de síntomas en campo, debido a que *X. fastidiosa* puede no provocar ningún síntoma en su hospedante. Desde la década de los noventa y con el auge de las técnicas moleculares, específicamente la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), se han desarrollado, en su mayoría, protocolos de PCR en las variantes punto final y tiempo real que recomiendan el empleo de diversos iniciadores específicos para detectar a *X. fastidiosa* en plantas e insectos. El uso de diferentes genes, solos o en combinación, también ha sido abordado

y explotado para aumentar el nivel de sensibilidad y especificidad de las pruebas. La gran variabilidad genética que presenta *X. fastidiosa* ha hecho que se clasifique en varias subespecies y la identificación a este nivel actualmente solo se realiza a través de un análisis multilocus de secuencias (Multi Locus Sequence Typing) basado en la amplificación y secuenciación de siete genes de mantenimiento. Este análisis es el más utilizado y recomendado para caracterizar nuevas detecciones.

El Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF) ha elaborado y estandarizado el Protocolo para la Detección de *Xylella fastidiosa* y sus subespecies, el cual, está basado en el protocolo publicado por la IPPC (International Plant Protection Convention). Dicho protocolo incluye técnicas de detección molecular como PCR punto final y tiempo real, así como el análisis MLST de manera detallada para el diagnóstico de *X. fastidiosa*, en él se describen las metodologías ampliamente y se ofrece información relevante acerca de *X. fastidiosa*.

5.8. DETECCIÓN Y PROTOCOLO DE DIAGNÓSTICO DEL *Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV)*

Jessica Berenice Valencia-Luna, José Manuel Cambrón-Crisantos, Johan Rodríguez-Mendoza,
Salomé Alcasio-Rangel, Karina Araujo-Ruiz
Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal. Servicio Nacional de
Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (Senasica). Tecámac, Estado de México, México.
jessica.valencia.i@senasica.gob.mx

Los Tobamovirus representan la amenaza más grave para los cultivos agrícolas en todo el mundo. La ruta de transmisión mecánica es de planta a planta, a través de herramientas, máquinas y ropa de trabajo contaminada, o a través del agua circulante en cultivos hidropónicos. Se transmiten a largas distancias a través de materiales propagativos infectados como semillas y plántulas. Como medida de manejo se recomienda el uso de semilla libre de la plaga, por lo que actualmente, la detección de ToBRFV se lleva a cabo siguiendo el protocolo de diagnóstico elaborado por el Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria. En este protocolo, la detección del patógeno se realiza mediante técnicas moleculares que contemplan la extracción de ácidos nucleicos (con ayuda del kit comercial SV Total RNA Isolation System, Promega®). Seguinda de la prueba de calidad del gen endógeno *18S*

con los *primers* propuestos por Zamboni, 2008, que amplifican un fragmento (300 pb) del gen *18S* ribosomal de la planta hospedante, permitiendo descartar falsos negativos debido a inhibidores en la muestra de RNA. Posteriormente, la amplificación del genoma viral mediante la técnica de RT-PCR punto final. Esta última técnica se realiza con ayuda del par de *primers* ToBRFV-F 5'-AACCA-GAGTCTTCCTATACTCGGAA-3'/ ToBRFV-R 5'-CTCWCCATCTCTTAATAATCTCCT-3', los cuales se diseñaron para amplificar una región de 475 pb, de la subunidad pequeña de la replicasa (RpRd). Como prueba molecular de corroboración, se debe de secuenciar el fragmento obtenido en el ensayo de PCR punto final. Para más detalles consultar el protocolo en <http://sinavef.senasica.gob.mx/CNRF/AreaDiagnostico/DocumentosReferencia/ProtocoloFichas>.

**SIMPOSIO: PANORAMA DE LA
FITOSANIDAD DE LA PAPA EN
6. MÉXICO COMO PIEZA CLAVE
PARA LA AUTOSUFICIENCIA
ALIMENTARIA**

6.1. RIESGO DE INTRODUCCIÓN Y/O DISEMINACIÓN DE CEPAS DE PVY REGLAMENTADAS EN MÉXICO

[Risk of Introduction and/or Dissemination of Regulated PVY Strains in Mexico]

Gustavo Alberto Frías Treviño¹, Luis Alberto Aguirre Uribe¹ y Héctor Lozoya Saldaña²

¹Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Saltillo, Coahuila, México.

²Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo, México.

servesa_gfriast@hotmail.com

El Virus Y de la papa (PVY) causa severos daños en cultivos de solanáceas. Este virus está entre las enfermedades económicamente más importantes. De los ocho grupos de variantes del PVY identificados, en México se ha reportado la presencia de tres: PVY^O, PVY^N, PVY^{NTN}, y una cepa recombinante similar al PVY-L26=PVY^Z. Esto es, existen cepas que no se han detectado en México. Las tres características de una plaga cuarentenaria (importancia económica, distribución restringida o ausente y bajo control oficial) se cumplen para las cepas del PVY que no se han reportado en México o que están en erradicación, por lo que el virus es una plaga reglamentada. La frecuente detección de PVY^N y/o PVY^{NTN} en importaciones de papa de EUA obliga a México a reforzar e incrementar las medidas fitosanitarias para evitar la introducción y

diseminación de cepas de PVY cuarentenadas. Para esta presentación utilizamos la información científica publicada hasta 2020 para analizar la importancia de las cepas de PVY y el riesgo de introducirlas y/o diseminarlas vía importación y/o movilización de tubérculos de papa en México. Consideramos como referencia el Análisis de Riesgo de Plagas que el Servicio Nacional de Sanidad Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA) integró con el apoyo del Consejo Nacional Consultivo Fitosanitario (CONACOFI) y publicó en la página del SENASICA en noviembre del 2012 conforme a las especificaciones de las normas internacionales. Se propone una estrategia de manejo fitosanitario para reducir al mínimo el riesgo de introducción y/o diseminación de cepas de PVY.