

Revista Bioc Scientia Vol.1 Núm.1, ENERO 2025



La Revista Bioc Scientia se dedica a la publicación de investigaciones originales, revisiones, notas cortas y artículos de opinión en las áreas de agricultura, biomedicina, acuicultura, biotecnología, ciencias ambientales y salud humana. Su objetivo es difundir avances científicos y tecnológicos que contribuyan al desarrollo sostenible y al bienestar humano.

Áreas Temáticas:

Ciencia de plantas. El área temática de Ciencias de las Plantas aborda estudios en el entendimiento de la biología de plantas. La revista recibe investigaciones originales, revisiones y notas cortas en secciones específicas: horticultura, agronomía, cultivo de células vegetales, genética y genómica funcional, biología molecular y celular, fisiología y metabolismo, sistemática y evolución, interacciones simbióticas, interacciones patogénicas, interacciones planta-insecto, fitoquímica, bioinformática de plantas, ciencias ómicas, ecología, biotecnología, nutrición vegetal y tecnologías avanzadas de ciencias de las plantas.

Tópicos

- Biodiversidad y conservación
- Fitopatología
- Mejoramiento genético
- Manejo agrícola y nutrición
- Interacción planta-microorganismo
- Biotecnología vegetal
- Biotecnología agrícola
- Control biológico
- Etnobotánica

Ciencias Acuícolas y Pesqueras. El área temática de Acuicultura y Pesquerías aborda estudios multidisciplinarios en el entendimiento de los recursos acuícolas y pesqueros. La revista recibe investigaciones originales, revisiones, notas cortas en secciones específicas: reproducción y desarrollo, genética y genómica funcional, biología molecular y celular, fisiología y metabolismo, patología, bioinformática, Ciencias Ómicas, ecología, biotecnología, nutrición, sistemas de producción y manejo, conservación y sustentabilidad marina, biotecnología marina y bio-productos, inmunología, contaminación acuícola, ecología de población y comunidades marinas.

Tópicos

- Eco-fisiología
- Sistemas de producción
- Patología y manejo de enfermedades

- Biología y manejo de recursos pesqueros
- Nutrición

Ciencias Ambientales. El área temática de Ciencias Ambientales aborda publicaciones de investigación sobre los cambios que ocurren en nuestro ambiente natural debido a las actividades antropogénicas. La revista recibe investigaciones originales, revisiones y notas cortas en secciones específicas: Toxicología y salud ambiental, contaminación y manejo de residuos, conservación ambiental, riesgo ambiental, vida silvestre, restauración ecológica, procesamiento de suelos, biorremediación, biomarcadores y bio-monitores, química ambiental, análisis ambientales, nanomateriales, microbiología ambiental.

Tópicos

- Biodiversidad y servicios ecosistémicos
- Protección y prevención de la contaminación
- Impacto ambiental y análisis de riesgos
- Biorremediación
- Manejo de recursos.

Ciencias Biomédicas. Estudios en áreas que son fundamentales para entender mejor la biología humana, desarrollar tratamientos más efectivos y mejorar la prevención y manejo de enfermedades a nivel individual y poblacional como son la biología molecular y la genómica, salud pública y el desarrollo de pruebas de diagnóstico y terapias innovadoras, entre otras.

Tópicos:

- Biotecnología biomédica
- Epidemiología y Salud Pública
- Microbiología
- Farmacología
- Nutrición
- Actividad Física y Salud

Estas áreas temáticas permiten abarcar una amplia gama de investigaciones que contribuyan significativamente al avance del conocimiento en las áreas de Ciencias de las plantas, Ciencias Acuícolas y Pesqueras, Ciencias Ambientales y Ciencias Biomédicas.

Revista Bioc Scientia. Boulevard Macario Gaxiola y Carretera Internacional S/N Col. Las Malvinas, Los Mochis, Sinaloa, C.P. 81216. correo electrónico biocscientia@uadeo.mx . Teléfono: 668 8 16 10 50, extensión 6490.

Cintillo Legal: BIOC SCIENTIA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE OCCIDENTE, Vol. 1, ENERO-JULIO 2025, es una publicación semestral editada por la Universidad Autónoma de Occidente, Blvd. Macario Gaxiola y Carretera Internacional S/N, Col. Malvinas, C.P. 81216, Los Mochis, Sinaloa. Tel. 668 816-10-50. <https://editoriallince.uadeo.mx/index.php/BiocScientia/index>. Editor responsable: Dra. Guadalupe Arlene Mora Romero. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo: 04-2025-090510190200-102. e-ISSN en trámite. Ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. Fecha de la última modificación: 25/Enero/2025. Responsable de la última modificación: Guadalupe Arlene Mora Romero. BIOC SCIENTIA se encuentra bajo la licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0. (CC BY-NC 4.0).

EQUIPO EDITORIAL

Revista Bioc Scientia
Universidad Autónoma de Occidente

COMITÉ EDITORIAL PRINCIPAL

Dra. Guadalupe Arlene Mora Romero

Editora en Jefe

editor.biocscientia@uadeo.mx

Dra. Karla Yeriana Leyva Madrigal

Co-Editora

co-editor.biocscientia@uadeo.mx

Dra. Gisela Cota Yucupicio

Editora Consultora

editor.consultor.biocscientia@uadeo.mx

Dra. Norma Ávila Alistac

Editora Técnica

editor.tecnico.biocscientia@uadeo.mx

Dr. Luis Gerardo Sarmiento López

Editor Técnico

editor.tecnico2.biocscientia@uadeo.mx

Dr. Rubén Félix Gastélum

Editor Adjunto – Ciencias de Plantas

editor.plantas.biocscientia@uadeo.mx

Dra. María Aurora Armienta Hernández

Editora Adjunta – Ciencias Ambientales

editor.ambientales.biocscientia@uadeo.mx

Dra. Sylvia Paz Díaz Camacho

Editora Adjunta – Ciencias Biomédicas

editor.biomedicas.biocscientia@uadeo.mx

EDITORES ASOCIADOS – CIENCIAS DE PLANTAS

Revista Bioc Scientia. Boulevard Macario Gaxiola y Carretera Internacional S/N Col. Las Malvinas, Los Mochis, Sinaloa, C.P. 81216. correo electrónico biocscientia@uadeo.mx . Teléfono: 668 8 16 10 50, extensión 6490.

Dr. César del Ángel Hernández Galeno – INIFAP
Dr. Luis G. Sarmiento López – Universidad Autónoma de Occidente (UAdeO)
Dra. Melina López Meyer – CIIDIR-IPN
Dr. Sergio de los Santos – Instituto Tecnológico de Sonora (ITSON)
Dr. Domingo Martínez Soto – CICESE
Dr. Mario Rodríguez Monroy – CeProBi-IPN
Dr. Julián Mario Peña Castro – Universidad del Papaloapan (UNPA)
Dr. Ignacio E. Maldonado Mendoza – CIIDIR-IPN
Dr. Juan C. Martínez Álvarez – CIIDIR-IPN
Dr. Juan Manuel Tovar Pedraza – CIAD, Unidad Culiacán

EDITORES ASOCIADOS – CIENCIAS AMBIENTALES

Dr. Luis Brito Castillo – CIBNOR
Dr. Manuel Chinchillas Chinchillas – Universidad Autónoma de Occidente (UAdeO)
Dr. Fabián Fernández Luqueño – CINVESTAV-IPN

EDITORES ASOCIADOS – CIENCIAS BIOMÉDICAS

Dr. Juan Pedro Laclette San Román – Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)
Dra. Gabriela López Angulo – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. Abraham Landa Piedra – Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)
Dr. Francisco Delgado Vargas – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. José Ángel López Valenzuela – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dra. María Elena Báez Flores – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. José Guadalupe Rendón Maldonado – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dra. Rosa Victoria Pando Robles – Centro de Investigación Sobre Enfermedades Infecciosas (CISEI)
Dra. María de Lourdes Gutiérrez Xicoténcatl – CISEI
Dr. Carlos Eslava Campos – Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)
Dra. María Teresa Estrada García – CINVESTAV-IPN
Dr. Rodolfo Bernal Reynaga – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. Lorenzo Ulises Osuna Martínez – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. Javier Abednego Magaña Gómez – Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)
Dr. Luis Felipe Reynoso Sánchez – Universidad Autónoma de Occidente (UAdeO)

CONTENIDO

Vol. 1 Núm. 1 (enero–julio 2025)

ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

1. Predictores de estrés, recuperación y dolor asociado al running en corredores amateur

Luis F. Reynoso-Sánchez, Noel A. Sepúlveda-Soto, Pedro J. Flores-Moreno, José O. Lagunes-Carrasco

2. Percepción del cambio climático y nivel de riesgo declarado de los agricultores del noroeste de México

Miguel A. Orduño-Torres, Selene I. Ornelas-Herrera, Zein Kallas

3. Índice de masa muscular esquelética, actividad física, fragilidad y condición física en adultos mayores

Manuel O. López-Camacho, Claudia K. Aguilar-Torres, Juan J. Morales-Aguilar, Arturo A. Cuevas-López, Sylvia A. Estrada-Díaz

4. Especies de *Ramalina*, *Dirinaria* y *Lecanora* en la playa “El Maviri”: Un primer reporte

Omar Guerra-Meza, Lennin I. Garrido-Palazuelos, Guadalupe A. Mora-Romero, Rubén Félix-Gastélum, Karla Y. Leyva-Madrigal, Luis R. Sánchez-Parra

5. Historia evolutiva y la función de las hemoglobinas en las plantas

Janet Palacios-Martínez, Ana I. Chávez-Martínez, Thelma J. Parra-Aguilar, Luis Cárdenas

6. Efectividad del baile contra el estrés parental en madres de hijos con discapacidad intelectual en el municipio de Guasave

Lucía Leyva Camacho, Marina Medina Corrales, Brenda L. Valle Valdés, Blanca R. Rangel Colmenero, David A. Zazueta Valenzuela

ARTÍCULOS DE REVISIÓN

7. Calosas Sintasa: Enzimas clave en la respuesta y adaptación de las plantas

Mariana E. Cesario-Solís, Luis G. Sarmiento-López

8. Ciencias ómicas: Herramienta para la bioprospección de microorganismos benéficos para una agricultura sostenible

Amelia C. Montoya-Martínez, Ixchel Campos-Avelar, Valeria Valenzuela-Ruíz, Fannie I. Parra-Cota, Sergio de los Santos-Villalobos

9. Impacto de la disponibilidad de fosfato en la simbiosis entre leguminosas y bacterias fijadoras de nitrógeno

Ana B. Mendoza-Soto, Rocío Reyero-Saavedra, Oswaldo Valdés-López

10. Hongos causantes de enfermedades en cultivos de importancia económica en Sinaloa: Una lista actualizada

Juan M. Tovar-Pedraza, Elizabeth García-León

NOTAS CORTAS

11. Dominancia de alelos silvestres de mutaciones kdr del dominio II del VGSC de *Aedes aegypti* de Culiacán, Sinaloa, México

Praxedis Félix-Alcalá, Elisa A. Camacho-Ureta, Delia M. Becerril-Camacho, Sergio A. Durán-Pérez, Annete I. Apodaca-Medina

Predictores de estrés, recuperación y dolor asociado al running en corredores amateur

Luis F. Reynoso-Sánchez¹✦, Noel A. Sepúlveda-Soto², Pedro J. Flores-Moreno³, José O. Lagunes-Carrasco⁴

¹ Centro de Investigaciones en Ciencias de la Cultura Física y Salud, Universidad Autónoma de Occidente, Culiacán, México

² Departamento de Ciencias de la Salud, Maestría en Actividad Física para la Salud y Deporte, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, México

³ Facultad de Ciencias de la Educación, Universidad de Colima, Colima, México

⁴ Facultad de Organización Deportiva, Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza, México

✦ Correspondencia: felipe.reynoso@uadeo.mx

Área Temática:

Ciencias Biomédicas

Recibido: 30 de noviembre, 2024

Aceptado: 26 de diciembre, 2024

Publicado: 27 de enero de 2025

Cita: Reynoso-Sánchez LF, Sepúlveda-Soto NA, Flores-Moreno PJ y Lagunes-Carrasco JO. 2025. Predictores de estrés, recuperación y dolor asociado al running en corredores amateur. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2408>



Copyright: ©2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: El *running* se ha establecido como una actividad física de alta popularidad, caracterizada por su accesibilidad y su contribución significativa al bienestar físico y psicológico. Sin embargo, investigaciones han señalado que una práctica inadecuada puede generar consecuencias negativas, afectando tanto el rendimiento como el disfrute de quienes lo practican. Esta investigación analizó cómo la influencia de la calidad del sueño, la calidad total de recuperación y la disposición a la atención plena influyen en la percepción de estrés y recuperación en corredores de fondo, así como en la presencia de dolor asociado al *running*. Se realizó un estudio transversal con 84 participantes (34.5% mujeres, 65.5% hombres; 34.55 ± 12.52 años; 170.08 ± 9.15 cm de estatura; 72.84 ± 12.80 kg de peso). Se evaluaron variables como la Escala de Recuperación y Estrés Agudo, el Índice de Calidad de Sueño de Pittsburg, la Calidad Total de Recuperación (TQR), la disposición a la Atención Plena y la percepción de dolor asociado al *running*. Los datos se analizaron mediante regresión logística para determinar relaciones predictivas. Los resultados revelaron que el TQR y la atención plena predicen positivamente la percepción de recuperación física, mental y total, mientras que el sueño deficiente se asocia con mayores niveles de estrés emocional y general. La disposición al mindfulness también mostró efectos positivos en la regulación del estrés muscular, evidenciando su potencial para favorecer estados óptimos de relajación y autoconciencia corporal. Asimismo, la percepción de estrés muscular predijo el dolor asociado al *running*. No obstante, variables como la calidad de sueño no predijeron significativamente el dolor asociado al *running*. En conclusión, la calidad de recuperación, el sueño y la atención plena son factores clave en la preparación de corredores, destacando la necesidad de estrategias que optimicen estos aspectos para mejorar su rendimiento y bienestar psicológico.

Palabras clave: Calidad de sueño, dolor, lesiones, atención plena, entrenamiento.

Abstract: Running has established itself as a highly popular physical activity, characterized by its accessibility and significant contribution to physical and psychological well-being. However, research has pointed out that inappropriate practice can have negative consequences, affecting both performance and enjoyment. This study analyzed how sleep quality, total recovery quality, and mindfulness disposition influence the perception of stress and recovery in long-distance runners, as well as the presence of running-related pain. A cross-sectional study was conducted with 84 participants (34.5% women, 65.5% men; 34.55 ± 12.52 years old; 170.08 ± 9.15 cm in height; 72.84 ± 12.80 kg in weight). Variables such as the Acute Recovery and Stress Scale, the Pittsburgh Sleep Quality Index, Total Quality Recovery (TQR), mindfulness disposition, and the perception of running-related pain were evaluated. Data were analyzed using logistic regression to determine predictive relationships. Results revealed that TQR and mindfulness positively predicted the perception of physical, mental, and total recovery, while poor sleep was associated with higher levels of emotional and general stress. Mindfulness also demonstrated positive effects on regulating muscular stress, highlighting its potential to promote optimal states of relaxation and body awareness. Additionally, the perception of muscular stress predicted running-related pain. However, variables such as sleep quality did not significantly predict running-related pain. In conclusion, recovery quality, sleep, and mindfulness are key factors in runners' preparation, emphasizing the need for strategies to optimize these aspects to enhance their performance and psychological well-being.

Keywords: Sleep quality, pain, injuries, mindfulness, training.

INTRODUCCIÓN

El running es una actividad física altamente demandada en la última década, posiblemente debido a que por sus características resulta de fácil acceso para un gran porcentaje de la población mundial (Hulteen et al., 2017; Campos-Uscanga et al., 2022). Algunos autores como Chávez-Guillermo (2024), señalan que en los últimos años ha existido un aumento importante en la práctica del running, probablemente gracias a su efectividad en el desarrollo del bienestar físico y psicológico, así como a la asociación de esta práctica en la prevención y tratamiento de enfermedades cardio metabólicas. Adicionalmente, también se vincula con un riesgo reducido de mortalidad prematura y una mayor longevidad, con corredores que viven aproximadamente tres años más que los no corredores (Lee et al., 2017). Durante la pandemia por COVID-19 se observó una disminución en la tendencia a la práctica del ejercicio físico en lugares cerrados, sin embargo, como respuesta a la disminución de la actividad física resultante del confinamiento y ante la necesidad de mitigar los efectos del sedentarismo en la salud física y mental, hubo un aumento en la práctica de actividades físicas al aire libre como el running (Boullosa et al., 2020; DeJong et al., 2021).

Dentro de los principales beneficios del running, podemos señalar su importancia tanto a nivel físico como a nivel mental. Diversos estudios han demostrado una mejoraría en la salud cardiovascular, reduciendo los factores de riesgo tales como la hipertensión arterial, dislipidemia y obesidad (Arnett et al., 2019), además de propiciar la reducción de los niveles de estrés y una mejora en el estado de ánimo promoviendo el bienestar psicológico de las personas que practican el running (Valera-Sanz et al., 2024).

De acuerdo con la literatura, el aumento de la participación en esta práctica se ha hecho notorio mayormente en personas que lo hacen de forma amateur, enfrentándose constantemente a desafíos relacionados con la falta de experiencia para llevarlo a cabo de forma estructurada y planificada, por lo que se sugiere acercarse a personas capacitadas para planificar el entrenamiento del running (Hernández-Cruz et al., 2017; Matos et al., 2020). Sin embargo, esto no ocurre en la mayoría de los casos, lo que aumenta el riesgo de no lograr los objetivos de salud y rendimiento deseados.

Por otro lado, tanto en corredores amateur como expertos, existen diversos factores que pueden afectar su proceso durante la preparación para alguna carrera o durante su desarrollo en la práctica del running. Estudios previos señalan que algunas variables como el estrés y la recuperación percibidas por los corredores (Hernández-Cruz et al., 2017), así como sensaciones de dolor pueden estar presentes durante sus periodos de preparación para una competición (Kluitenberg et al., 2015; Kakouris et al., 2021). Respecto a esto Boullosa et al. (2020) señalan que el estrés y altas demandas psicológicas tienen un impacto significativo en el rendimiento físico y recuperación de los corredores. Así mismo, la planificación de entrenamiento y el apoyo social son esenciales para prevenir sensaciones altas de dolor durante la preparación pre-competencia. Las consecuencias de percibir dolor

y estrés se alejan de los objetivos principales que suelen llevar a las personas a la práctica del running. Estudios recientes han señalado que estas pueden estar asociadas con una mala calidad de sueño y la incapacidad de recuperarse debidamente después del ejercicio, lo que puede generar una disminución en el rendimiento deportivo y la salud general de los individuos, aumentando el riesgo de lesión a largo plazo (Mousavi et al., 2021; Joachim et al., 2024).

A menudo, los corredores amateurs no cuentan con los recursos y materiales necesarios para realizar de forma adecuada sus entrenamientos, el control de la carga del entrenamiento y su recuperación óptima, lo que los vuelve más propensos a sufrir mal adaptaciones físicas y psicológicas por sobrecarga. Hernández-Cruz et al. (2017) analizaron los cambios en las cargas del entrenamiento y su efecto en la percepción de estrés y recuperación en un grupo de corredores de fondo, encontrando que existe una influencia directa de la carga interna de entrenamiento (reflejo psicofisiológico individual del esfuerzo físico y cognitivo realizado durante los entrenamientos) con el balance de la recuperación y el estrés; enfatizando que la comprensión de cómo los atletas experimentan la recuperación puede desempeñar un papel crucial en la administración de las cargas del entrenamiento con el fin de mejorar su desempeño deportivo.

De acuerdo con lo mencionado previamente, la calidad del sueño es fundamental para la recuperación de los deportistas. En este sentido, Bird (2013) menciona que el sueño es un componente importante de la recuperación y el rendimiento deportivo. La calidad del sueño desempeña un papel crucial al influir directamente en la restauración de los niveles de energía, reducción de la fatiga y del estrés acumulado, entre otros. Lo anterior sugiere que la pérdida de sueño o el sueño de baja calidad tiene un efecto negativamente significativo en la recuperación, así como una relación con el aumento del nivel de dolor en corredores (Moseley et al., 2018), destacando que esta tendencia debe evitarse para optimizar la recuperación del atleta (Mousavi et al., 2021).

Además de la importancia que tiene el monitoreo de la recuperación y el cuidado de la calidad de sueño para el desempeño óptimo de los corredores, se ha reportado que la capacidad de estar centrados en el aquí y el ahora, manteniendo una postura no enjuiciadora de la situación y una alta conciencia de sí mismos, promueve un manejo más apropiado de las emociones negativas derivadas de la exigencia de los entrenamientos (Anderson et al., 2021) y facilita la recuperación de los deportistas (Coimbra et al., 2021). Las características señaladas se conocen como disposición a la atención plena (*mindfulness*), cuya capacidad para ayudar en la mejora del rendimiento deportivo ha sido ampliamente descrita en investigaciones previas (Birrer et al., 2012; Bühlmayer et al., 2017; Jekauc et al., 2017), principalmente por el apoyo en la gestión emocional (Gu et al., 2022) y el manejo del dolor ante la recuperación de lesiones (Mohamed et al., 2018).

De acuerdo con lo antes mencionado, la práctica del running tiene múltiples beneficios para la salud de las personas, sin embargo, es necesario realizarla de manera adecuada, con objetivos realistas e individualizados, así como el cuidado

de diversos factores como la recuperación, calidad de sueño y la capacidad de atención al presente para lograr una práctica más satisfactoria y conseguir las metas que se establezcan. Por tanto, el presente estudio busca analizar la influencia de la calidad de sueño, calidad de recuperación total y la disposición a la atención al presente sobre la percepción de recuperación y estrés, así como la percepción de dolor asociado al running en un grupo de corredores de fondo previo a su participación en una competición.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó un estudio transversal con alcance correlacional-explicativo en una muestra de corredores de fondo ($N = 84$, 34.5% mujeres, 65.5% hombres) con una edad media de 34.55 años (± 12.52 , rango = 18 – 72 años), estatura de 170.08 cm (± 9.15 , rango = 151 – 187 cm) y peso de 72.84 kg (± 12.80 , rango = 46 – 104 kg). La muestra se seleccionó mediante un método no probabilístico por conveniencia previo a la realización de una carrera local. Los criterios de inclusión para formar parte del estudio fueron: a) Participar en la carrera en una distancia de 5km, 10km y 21km; b) Ser mayor de 18 años al momento de participar en el estudio. Para determinar el tamaño de muestra necesario, se realizó un análisis de potencia utilizando el software G-Power 3.1.9.7, considerando un análisis de regresión lineal múltiple de modelo aleatorio con un $\alpha = 0.05$, potencia estadística deseada de 0.95 y una potencia estadística de $(H1 p2) = 0.2$, en línea con los estándares para detectar efectos sutiles en estudios similares. Los resultados del análisis indicaron que una muestra de 78 participantes sería suficiente para alcanzar la potencia estadística deseada de 0.95, asegurando una probabilidad adecuada de detectar un efecto verdadero en las condiciones de este estudio.

Instrumentos

Datos sociodemográficos

Para obtener información relevante de los participantes, se aplicó un cuestionario ad hoc con preguntas que facilitaron el acceso a datos sociodemográficos como el género, edad, experiencia competitiva, distancia en la que participan, tipo de entrenamiento realizado e historial de lesiones deportivas.

Escala de Recuperación-Estrés Aguda

La Escala de Recuperación y Estrés Agudo (*Acute Recovery Stress Scale*, ARSS) diseñada por Nässi et al. (2017), se compone de 32 adjetivos relacionados con la recuperación y el estrés, precedidos por la frase "en este momento me siento/estoy". Cada ítem describe un estado específico de recuperación o estrés (por ejemplo, "fuerte" o "agotado muscularmente"). Los ítems se agrupan en ocho

escalas que se promedian para obtener distintas dimensiones; cuatro de ellas corresponden a Recuperación: i) Capacidad de Rendimiento Físico, ii) Capacidad de Rendimiento Mental, iii) Equilibrio Emocional, y iv) Recuperación Global; mientras que las otras cuatro describen el Estrés: v) Estrés Muscular, vi) Falta de Activación, vii) Estado Emocional Negativo, y viii) Estrés Global. La respuesta a cada ítem se mide mediante una escala de Likert de 7 puntos, que va de 0 (no aplica en absoluto) a 6 (aplica completamente). Los coeficientes de fiabilidad de alfa de Cronbach para las sub-escalas y el global del ARSS en este estudio oscilaron entre $\alpha = 0.90$ y $\alpha = 0.97$.

Calidad de Total de Recuperación

La evaluación individual de la percepción de recuperación se llevó a cabo mediante una escala de 10 puntos (Laurent et al., 2011), adaptada de la escala de Calidad Total de Recuperación (Total *Quality Recovery*, TQR). Siguiendo el método propuesto por Kenttä y Hassmén (1998), los corredores debían señalar su nivel percibido de recuperación al momento de responder la encuesta, tomando en cuenta tanto indicadores físicos (como dolor muscular y fatiga) como mentales (como el estado de ánimo). De acuerdo con los autores, entre más alto el puntaje, mayor percepción de recuperación de los deportistas.

Índice de Calidad de Sueño de Pittsburgh

Para evaluar la calidad del sueño de los atletas, se utilizó la traducción al español (Hita-Contreras et al., 2014) de la escala de Índice de Calidad de Sueño de Pittsburgh (*Pittsburg Sleep Quality Index*, PSQI, Buysse et al., 1989). Este cuestionario consta de siete dimensiones que engloban un total de 19 preguntas: i) Calidad subjetiva del sueño, ii) latencia del sueño, iii) duración del sueño, iv) eficiencia habitual del sueño, v) alteraciones del sueño, vi) uso de medicación para dormir, y vii) disfunción diurna. Cada dimensión se puntúa en una escala de 0 a 3, y la suma total proporciona un índice general que varía de 0 a 21 puntos. Un puntaje global del PSQI superior a 5 indica una baja calidad de sueño. La validez y fiabilidad del PSQI en población de atletas ha sido reportada como aceptable (Claudino et al., 2019; Driller et al., 2022).

Cuestionario de Atención Plena en Deportistas

Para evaluar la disposición a la atención plena en los corredores participantes, se utilizó la versión mexicana del Cuestionario de Atención Plena para Deportistas (Tuda et al., 2018). Este instrumento, diseñado y validado originalmente por Zhang et al. (2017), contiene 16 ítems distribuidos en tres dimensiones: i) Atención al presente (5 ítems), ii) conciencia (6 ítems) y iii) aceptación (5 ítems). Las respuestas se recogen en una escala Likert de cinco puntos, donde 1 significa "nunca" y 5

"siempre". Los puntajes de cada dimensión se suman para obtener valores específicos, y un puntaje más alto indica una mayor disposición a la atención plena. En este estudio, el cuestionario mostró una fiabilidad adecuada con coeficientes alfa de Cronbach de $\alpha = 0.96$ para la atención plena global, $\alpha = 0.91$ para la dimensión de atención al presente, $\alpha = 0.88$ para la conciencia y $\alpha = 0.89$ para la aceptación. Para los análisis en esta investigación, se utilizó el global de atención plena como un único factor.

Dolor percibido asociado al running

Para determinar la experiencia de dolor durante el proceso del entrenamiento como parte de su preparación para la carrera, se solicitó a los participantes responder a la pregunta "¿En qué porcentaje de los días de entrenamiento experimentaste dolor inducido por el running?" cuyas opciones de respuesta se presentaron en un formato tipo Likert de cinco puntos que iban desde 0 % de días hasta > a 75% de días.

Procedimiento

El estudio se realizó respetando los principios éticos de la Declaración de Helsinki (World Medical Association, 2013) y los estándares para la investigación en medicina deportiva y ciencias del ejercicio (Guelmami et al., 2024). Primero, se estableció contacto con los organizadores de la carrera que fue realizada en la Ciudad de Los Mochis, Sinaloa, en noviembre de 2023. Tras obtener autorización, se acudió al lugar donde se realizó la entrega de los números y *kits* de competencia para establecer un espacio donde los corredores pasaban a que se les explicara sobre los objetivos del estudio y variables a evaluar. Los atletas que aceptaron participar ingresaron a un formulario electrónico mediante la plataforma de Google Forms, evitando la recopilación de cualquier información personal como nombre o correo electrónico. Previo a responder los cuestionarios, los participantes leyeron y firmaron el consentimiento informado de participación mediante la selección de una casilla de verificación. El tiempo promedio para responder a los cuestionarios fue de 15 minutos, teniendo un rango de respuesta del 41%.

Análisis estadístico

Los datos fueron analizados mediante estadísticas descriptivas e inferenciales en SPSS (v.25). La fiabilidad de los cuestionarios se evaluó usando el coeficiente alfa de Cronbach, considerando adecuados los valores superiores a 0.60 (Hair et al., 2014). La homogeneidad de los datos se verificó con la prueba de Kolmogorov-Smirnov, determinando que los datos no siguen una distribución normal. Para analizar la influencia de la calidad total de recuperación, calidad de sueño y la atención plena sobre la percepción de estrés-recuperación, se realizó un análisis de regresión logística binaria. Las variables dependientes se dicotomizaron mediante el uso de

terciles para poder llevar a cabo el análisis. Para las sub-escalas del ARSS se asignó valor de 1 a las puntuaciones ubicadas en el tercer tercil, mientras que al primer y segundo tercil se les asignó el valor de 0. De forma similar, en el caso de la percepción de dolor inducido por el running, se asignó el valor de 0 para las puntuaciones ubicadas en el primer tercil y valor de 1 para el segundo y tercer tercil.

RESULTADOS

El Cuadro 1 muestra los datos sociodemográficos de los participantes en frecuencia y porcentajes para cada parámetro. La media (\pm DE) del PSQI fue de 5.38 (\pm 3.11), mientras que la disposición la atención plena fue de 3.80 (\pm 0.88) y 6.74 (\pm 2.32) para el TQR. Con respecto a las escalas del ARSS, se observaron los siguientes valores descriptivos: i) Capacidad de recuperación física: 3.66 (\pm 1.92); ii) Capacidad de recuperación mental: 3.50 (\pm 1.93); iii) Equilibrio emocional: 3.45 (\pm 1.86); iv) Recuperación total: 3.19 (\pm 1.77); v) Estrés muscular: 1.30 (\pm 1.21); vi) Falta de activación: 0.94 (\pm 1.17); vii) Estado emocional negativo: 0.87 (\pm 1.08); viii) Estrés general: 1.10 (\pm 1.26).

Cuadro 1. Datos sociodemográficos de la muestra.

Variable	Parámetros			
	5 km	10 km	21 km	
Distancia de competencia	22 (26.2%)	26 (31.0%)	36 (42.9%)	
Experiencia en carreras	1ª vez	1 – 5 veces	> 5 veces	
	25 (29.8%)	36 (42.9%)	23 (27.4%)	
Nivel	Novato	Recreativo	Experimentado	
	15 (17.9%)	53 (63.1%)	16 (19.1%)	
Practica otro deporte	Sí		No	
	59 (70.2%)		25 (29.8%)	
Semanas entrenadas	< 4 semanas	4 – 8 semanas	9 – 12 semanas	> 12 semanas
	14 (16.7%)	34 (40.5%)	16 (19%)	20 (23.8%)
Km por semana entrenados	< 20 km / semana	20 – 40 km / semana	40 – 60 km / semana	> 60 km / semana
	37 (44%)	33 (39.3%)	8 (9.5%)	6 (7.1%)
Lesiones en el <i>running</i>	Nunca	Sí antes	Sí durante el proceso	
	40 (47.6%)	37 (44%)	7 (8.3%)	

En los Cuadros 2 y 3 se muestran los resultados de los análisis de regresión logística binomial múltiple en las que se puso a prueba la capacidad predictiva del TQR, la disposición a la atención plena y la calidad de sueño sobre las sub-escalas del ARSS (Cuadro 2). Asimismo, se determinó como todas estas variables predicen la aparición de dolor asociado al running durante la preparación de los corredores evaluados (Cuadro 3).

Cuadro 2. Coeficientes de regresión logística binomial múltiple sobre las dimensiones de la Escala de Recuperación-Estrés Agudo.

Variable Dependiente	Variables Independientes	R ² Negelkerke	B	Sig.	OR	95% IC Exp (B)	
						Bajo	Alto
Capacidad de Recuperación Física	Calidad total de recuperación	0.150	0.222	.045	1.249	1.005	1.553
	Atención plena		0.677	.044	1.967	1.017	3.806
	Calidad de sueño		0.017	.834	1.017	.868	1.193
Capacidad de recuperación mental	Calidad total de recuperación	0.195	-0.049	.658	.952	.767	1.182
	Atención plena		1.157	.003	3.179	1.500	6.739
	Calidad de sueño		0.021	.792	1.022	.872	1.197
Equilibrio Emocional	Calidad total de recuperación	0.070	.103	.321	1.109	.904	1.360
	Atención plena		.504	.097	1.656	.913	3.002
	Calidad de sueño		-.015	.845	.985	.845	1.148
Recuperación total	Calidad total de recuperación	0.257	.300	.012	1.350	1.068	1.707
	Atención plena		.852	.021	2.345	1.138	4.830
	Calidad de sueño		-.178	.067	.837	.691	1.012
Estrés muscular	Calidad total de recuperación	0.220	-.339	.009	.712	.552	.920
	Atención plena		.818	.033	2.265	1.070	4.795
	Calidad de sueño		.097	.243	1.102	.936	1.298
Falta de activación	Calidad total de recuperación	0.281	-.179	.135	.836	.661	1.058
	Atención plena		.574	.122	1.776	.858	3.675
	Calidad de sueño		.302	.001	1.353	1.127	1.625
Estado emocional negativo	Calidad total de recuperación	0.199	-.204	.079	.816	.649	1.024
	Atención plena		.330	.319	1.390	.727	2.660
	Calidad de sueño		.223	.009	1.249	1.057	1.476
Estrés general	Calidad total de recuperación	0.196	-.283	.024	.754	.590	.963
	Atención plena		.428	.219	1.534	.776	3.035
	Calidad de sueño		.176	.037	1.192	1.011	1.406

Nota. B = Coeficientes de regresión beta; Sig. = Significancia; OR = Odds ratio; IC = Intervalos de confianza.

Cuadro 3. Coeficientes de regresión logística binomial múltiple sobre la percepción de dolor durante los entrenamientos.

Variable Dependiente	Variables Independientes	R ² Negelkerke	B	Sig.	OR	95% IC Exp (B)	
						Bajo	Alto
Dolor durante los entrenamientos	Capacidad de recuperación Física	0.481	-0.603	.428	0.547	0.123	2.427
	Capacidad de recuperación mental		0.349	.682	1.417	0.267	7.517
	Equilibrio emocional		-0.868	.339	0.420	0.071	2.490
	Recuperación total		0.314	.673	1.369	0.319	5.882
	Estrés muscular		2.410	.010	11.129	1.772	69.876
	Falta de activación		0.542	.556	1.720	0.283	10.469
	Estado emocional negativo		-0.846	.357	0.429	0.071	2.594
	Estrés general		-1.130	.211	0.323	0.055	1.895
	Calidad de sueño		0.093	.316	1.097	0.915	1.316
	Atención plena		0.172	.566	1.187	0.660	2.136
Calidad total de recuperación	0.033	.766	1.034	0.830	1.289		

Nota. B = Coeficientes de regresión beta; Sig. = Significancia; OR = Odds ratio; IC = Intervalos de confianza.

DISCUSIÓN

El presente artículo tuvo como objetivo analizar cómo la calidad del sueño, la calidad total de recuperación y la disposición hacia la atención plena influyen en la percepción de recuperación y los niveles de estrés en corredores de larga distancia, así como en la percepción de dolor asociado al running. Los resultados muestran evidencia sobre la influencia que variables como la calidad de sueño, la disposición a la atención plena y la calidad total de recuperación percibida por un grupo de corredores amateur influye sobre sus niveles de estrés y recuperación percibidos, atribuyéndose a este un efecto sobre el dolor percibido de los participantes asociado al running durante el proceso de preparación para una carrera.

El running es una actividad deportiva cuya popularidad ha ido en aumento por la facilidad que presenta para realizarse, así como los beneficios físicos y mentales que esta genera. Sin embargo, diversos estudios han señalado que ese auge ha traído consigo un aumento de consecuencias negativas como malestares físicos y lesiones asociadas al running (Mousavi et al., 2021). Además de los factores relacionados con la planificación del entrenamiento, la calidad de sueño ha emergido como una variable de suma importancia en el proceso de preparación deportiva por su capacidad para ayudar a la recuperación de los atletas (Drew et al., 2018; Morán et al., 2024; Sim et al., 2024). De acuerdo con Buysse et al. (1989), los resultados encontrados en el grupo de corredores evaluados muestran una tendencia en la que la media de la calidad de sueño se encuentra por encima del límite considerado como deficiente calidad del sueño (puntuación PSQI > 5).

El sueño es un estado del ciclo circadiano del ser humano cuya función principal se enfoca en promover la restauración física del organismo, consolidar la memoria, regular las emociones y reducir el estrés, así como lograr una homeostasis cerebral eliminando toxinas y restableciendo un balance químico (Patel et al., 2024). En el presente estudio, la calidad de sueño de los participantes mostró un efecto predictivo positivo sobre las sub-escalas falta de activación, estado emocional negativo y estrés general que forman parte de la dimensión de estrés del ARSS. Considerando que la interpretación del PSQI indica que a mayor puntuación peor calidad de sueño, los resultados permiten inferir que, en los participantes observados en este estudio, la mala calidad de sueño repercute en el aumento de los niveles de estrés de los corredores. Estudios previos han reportado la influencia que la calidad de sueño tiene sobre los estados emocionales en deportistas, propiciando el aumento en los niveles de estrés (Brandt et al., 2017; Benjamin et al., 2020; Facer-Childs et al., 2021) y afectando a su capacidad de recuperación (Drew et al., 2018; Driller et al., 2022).

Con respecto a la disposición a la atención plena, esta puede ser vista como un rasgo de su personalidad, refiriéndose a la tendencia natural a estar consciente y plenamente presente en el momento actual, con una actitud abierta, receptiva y libre de juicios hacia sus pensamientos, emociones y experiencias. Este rasgo implica una capacidad innata para enfocarse en el presente y responder a las situacio-

nes de manera reflexiva, en lugar de reactiva, lo que contribuye al bienestar emocional, la regulación del estrés y una mejor adaptación a los desafíos diarios (Birrer et al., 2012; Rau y Williams, 2016). En el presente estudio, la disposición a la atención plena de los corredores analizados y su influencia sobre la percepción de recuperación y estrés muestra un efecto positivo sobre tres de las sub-escalas de la dimensión de recuperación (calidad de recuperación física, calidad de recuperación mental y recuperación total). Estos resultados se orientan bajo la misma línea que lo reportado en otras investigaciones similares, en las que se explica cómo la disposición a atender plenamente con apertura a la experiencia, sin una mirada enjuiciadora, centrado en el momento presente y con consciencia de lo que sucede dentro de nuestra mente y cuerpo, facilitan a los deportistas una mejor recuperación y menores niveles de estrés a consecuencia de un estado de relajación óptima (Josefsson et al., 2019; Coimbra et al., 2021; Sánchez-Sánchez et al., 2023).

De la misma manera, la disposición a la atención plena presentó un efecto positivo significativo sobre la percepción de estrés muscular en el grupo de corredores evaluados. Este hallazgo es relevante debido a que refuerza una de las principales características de la atención plena, que es la capacidad de ser consciente de sí mismo y del propio cuerpo (Anderson et al., 2021). Estudios previos han puesto en evidencia que la capacidad de un deportista para ser consciente de sí mismo y sus sensaciones como el dolor o la fatiga, le permiten regularse de manera más eficiente y prevenir posibles problemáticas derivadas de una inadecuada atención de estos factores (Coimbra et al., 2021; Cao et al., 2022; O'Connor et al., 2022).

Siguiendo con los síntomas de dolor asociados al running durante los entrenamientos, se observó en el grupo estudiado que la variable estrés muscular tiene un efecto positivo estadísticamente significativo sobre el dolor percibido, lo que indica que, ante el cambio en la percepción de estrés muscular de los corredores, se presenta un incremento en la tendencia a percibir dolor asociado al running. Las alteraciones en las sensaciones físicas son comunes en la práctica deportiva, sin embargo, esto no significa que se deban pasar por alto, ya que la incapacidad para monitorear estos cambios en los malestares físicos puede provocar lesiones deportivas moderadas o severas (Horgan et al., 2021). Por tanto, promover estrategias adecuadas de recuperación y reducción del impacto que tiene el entrenamiento a través de herramientas como la práctica de la atención plena será crucial para su prevención (Kathri et al., 2023; Wang et al., 2023).

De acuerdo con lo anterior, el monitoreo del balance entre el estrés y la recuperación de los deportistas es fundamental para lograr la consecución de los objetivos de rendimiento establecidos (Kellmann et al., 2018), siendo escalas como el ARSS una opción fiable, al igual que el TQR (Miranda-Mendoza et al., 2023). En el presente estudio, los resultados del TQR demostraron una tendencia a predecir positivamente la capacidad de recuperación física y la recuperación total en el grupo de corredores evaluados, mientras que de manera contraria se observa un

efecto negativo sobre la percepción de estrés muscular y estrés general. Este resultado continúa abonando evidencia al uso del TQR como un instrumento confiable y válido para evaluar la recuperación de los deportistas, siguiendo lo reportado por otros estudios (Sansone et al., 2020, 2021; Miranda-Mendoza et al., 2023) en los que se señala la sensibilidad del TQR para identificar los niveles de recuperación de los deportistas y la capacidad para predecir cambios en los niveles de estrés percibido por los deportistas durante periodos de preparación.

La presente investigación a pesar de mostrar resultados relevantes sobre variables que influyen en el balance de estrés-recuperación y percepción del dolor en los corredores amateur evaluados no está exenta de limitaciones. Es importante puntualizar que los hallazgos expuestos se deben tomar con cautela debido al diseño transversal del estudio que no permite realizar un análisis de los cambios en los comportamientos de estas variables a través del tiempo, sino que solo explora estas relaciones en un periodo específico del tiempo, específicamente, previo a una competición. Asimismo, el tamaño de la muestra se podría considerar como pequeño para este tipo de estudios, lo que a su vez limitó la posibilidad de realizar análisis que comparasen a los corredores según su experiencia, edad, género y distancia en la que participaron. Futuros estudios deberían considerar atender estas limitantes, obteniendo muestras más amplias y heterogéneas, así como realizar el seguimiento de una cohorte de corredores para poder ejecutar análisis con mayor profundidad y así responder a preguntas más complejas.

CONCLUSIONES

Los hallazgos del presente estudio sugieren que en el grupo de corredores observados la calidad de sueño y la disposición a la atención plena tienden a influir sobre el comportamiento de la recuperación y el estrés percibido por los participantes como parte de su proceso de preparación para la carrera. Al mismo tiempo, se observa que la percepción de estrés muscular de los corredores muestra una tendencia a la presencia de síntomas de dolor asociados al running. Además, es importante señalar la sensibilidad que el TQR ha mostrado para evaluar la percepción de recuperación.

Disponibilidad de datos

Los conjuntos de datos generados para el presente estudio están a disposición bajo resguardo del autor correspondiente y se pueden proporcionar previa solicitud razonable.

Contribución de los autores

Conceptualización del estudio: L.F.R-S., N.A.S-S., P.J.F-M.; diseño del experimento/muestreo: L.F.R-S., P.J.F-M.; ejecución del protocolo: L.F.R-S., N.A.S-S.; verificación del protocolo: P.J.F-M., J.O.L-C.; análisis e interpretación de datos: L.F.R-S., P.J.F-M., J.O.L-C.; análisis estadístico: L.F.R-S.; preparación del manuscrito: L.F.R-S.,

N.A.S-S.; edición y revisión: P.J.F-M., J.O.L-C.; aprobación de la versión final del manuscrito: L.F.R-S., N.A.S-S., P.J.F-M., J.O.L-C.

Financiamiento

No aplicable.

Conflicto de interés

Los autores declaran que la investigación se llevó a cabo sin ninguna relación comercial o financiera que pudiera interpretarse como un posible conflicto de intereses.

Declaración de ética

Para la realización del estudio se siguieron los lineamientos propuestos para la investigación en seres humanos del LGS-MIS de México, mismo que la clasifica como “investigación sin riesgo” de acuerdo con el capítulo I, artículo 17, fracción I. Todos los participantes otorgarán su consentimiento de participación mediante la selección de una casilla de verificación en la que confirmen haber sido informados del objetivo y procedimiento del estudio, así como los fines que la investigación tiene. El estudio se realizó respetando los principios éticos de la Declaración de Helsinki y los estándares para la investigación en medicina deportiva y ciencias del ejercicio establecidos por Guelmami et al. (2024).

REFERENCIAS

- Anderson SA, Haraldsdottir K, Watson D. 2021. Mindfulness in Athletes. *Current sports medicine reports*. <https://doi.org/10.1249/JSR.0000000000000919>
- Arnett DK, Blumenthal RS, Albert MA, et al. 2019. 2019 ACC/AHA Guideline on the Primary Prevention of Cardiovascular Disease: Executive Summary: A Report of the American College of Cardiology/American Heart Association Task Force on Clinical Practice Guidelines. *Journal of the American College of Cardiology*. <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2019.03.009>
- Benjamin CL, Curtis RM, Huggins RA, Sekiguchi Y, Jain RK, McFadden BA, Casa DJ. 2020. Sleep Dysfunction and Mood in Collegiate Soccer Athletes. *Sports health*. <https://doi.org/10.1177/1941738120916735>
- Bird SP. 2013. Sleep, Recovery, and Athletic Performance: A Brief Review and Recommendations. *Strength and Conditioning Journal*. <https://doi.org/10.1519/SSC.0b013e3182a62e2f>
- Birrer D, Röthlin P, Morgan G. 2012. Mindfulness to enhance athletic performance: Theoretical considerations and possible impact mechanisms. *Mindfulness*. <https://doi.org/10.1007/s12671-012-0109-2>
- Boullosa D, Esteve-Lanao J, Casado A, Peyré-Tartaruga LA, Gomes da Rosa R, Del Coso J. 2020. Factors Affecting Training and Physical Performance in Recreational Endurance Runners. *Sports*. <https://doi.org/10.3390/sports8030035>
- Brandt R, Bevilacqua GG, Andrade A. 2017. Perceived Sleep Quality, Mood States, and Their Relationship With Performance Among Brazilian Elite Athletes During a Competitive Period. *Journal of strength and conditioning research*. <https://doi.org/10.1519/JSC.0000000000001551>
- Bühlmayer L, Birrer D, Röthlin P, Faude O, Donath L. 2017. Effects of mindfulness practice on performance-relevant parameters and performance outcomes in sports: A meta-analytical review. *Sports Medicine*. <https://doi.org/10.1007/s40279-017-0752-9>
- Buysse DJ, Reynolds CF, Monk TH, Berman SR, Kupfer DJ. 1989. The Pittsburgh sleep quality index: A new instrument for psychiatric practice and research. *Psychiatry Research*. [https://doi.org/10.1016/0165-1781\(89\)90047-4](https://doi.org/10.1016/0165-1781(89)90047-4)
- Campos-Uscanga Y, Reyes-Rincón H, Pineda E, Gibert-Isern S, Ramirez-Colina S, Argüelles-Nava V. 2022. Running in Natural Spaces: Gender Analysis of Its Relationship with Emotional Intelligence, Psychological Well-Being, and Physical Activity. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. <https://doi.org/10.3390/ijerph19106019>
- Cao S, Geok SK, Roslan S, Qian S, Sun H, Lam SK, Liu J. 2022. Mindfulness-Based Interventions for the Recovery of Mental Fatigue: A Systematic Review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. <https://doi.org/10.3390/ijerph19137825>
- Chavez-Guillermo CM. 2024. Impacto de la Pandemia sobre la Actividad Física y la Salud. *Revista Docentes 2.0*. <https://doi.org/10.37843/rted.v17i1.445>
- Claudino JG, J Gabbett T, de Sá Souza H, et al. 2019. Which parameters to use for sleep quality monitoring in team sport athletes? A systematic review and meta-analysis. *BMJ Open Sport & Exercise Medicine*. <https://doi.org/10.1136/bmjsem-2018-000475>
- Coimbra DR, Bevilacqua GG, Pereira FS, Andrade A. 2021. Effect of Mindfulness Training on Fatigue and Recovery in Elite Volleyball Athletes: A Randomized Controlled Follow-Up Study. *Journal of Sports Science & Medicine*. <https://doi.org/10.52082/jssm.2021.1>
- DeJong AF, Fish PN, Hertel J. 2021. Running behaviors, motivations, and injury risk during the COVID-19 pandemic: A survey of 1147 runners. *PLoS One*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246300>

- Drew M, Vlahovich N, Hughes D, et al. 2018. Prevalence of illness, poor mental health and sleep quality and low energy availability prior to the 2016 Summer Olympic Games. *British Journal of Sports Medicine*. <https://doi.org/10.1136/bjsports-2017-098208>
- Driller MW, Suppiah H, Rogerson D, Ruddock A, James L, Virgile A. 2022. Investigating the sleep habits in individual and team-sport athletes using the Athlete Sleep Behavior Questionnaire and the Pittsburgh Sleep Quality Index. *Sleep Science*. <https://doi.org/10.5935/1984-0063.20210031>.
- Facer-Childs ER, Hoffman D, Tran JN, Drummond SPA, Rajaratnam SMW. 2021. Sleep and mental health in athletes during COVID-19 lockdown. *Sleep*. <https://doi.org/10.1093/sleep/zsaa261>.
- Gu S, Li, Y, Jiang Y, H Huang J, Wang F. 2022. Mindfulness training improves sport performance via inhibiting uncertainty induced emotional arousal and anger. *Journal of Orthopaedics and Sports Medicine*. <https://doi.org/10.26502/josm.511500066>
- Guelmami N, Ben Ezzeddine L, Hatem G, et al. 2024. The Ethical Compass: Establishing ethical guidelines for research practices in sports medicine and exercise science. *International Journal of Sport Studies for Health*. <https://doi.org/10.61838/kman.intjssh.7.2.4>
- Hair JF, Black WC, Babin BJ y Anderson RE. 2014. *Multivariate data analysis* (7th ed.). Pearson.
- Hernández-Cruz G, López-Walle JM, Quezada-Chacón JT, Jaenes Sánchez JC, Rangel-Colmenero BR, Reynoso-Sánchez LF. 2017. Impact of the internal training load over recovery-stress balance in endurance runners. *Revista de Psicología del Deporte*. https://archives.rpd-online.com/article/view/v26-n6-herandez-cruz-lopez-et-al/Hernandez_Cruz_Lopezetal.html
- Hita-Contreras F, Martínez-López E, Latorre-Román PA, Garrido F, Santos MA, Martínez-Amat A. 2014. Reliability and validity of the Spanish version of the Pittsburgh Sleep Quality Index (PSQI) in patients with fibromyalgia. *Rheumatology International*. <https://doi.org/10.1007/s00296-014-2960-z>
- Horgan BG, Drew MK, Halson SL, Piroimalli LE, Drinkwater EJ, Chapman DW, Haff GG. 2021. Impaired recovery is associated with increased injury and illness: A retrospective study of 536 female netball athletes. *Scandinavian Journal of Medicine & Science in Sports*. <https://doi.org/10.1111/sms.13866>
- Hulsteen R, Smith J, Morgan P, Barnett L, Hallal P, Colyvas K, Lubans D. 2017. Global participation in sport and leisure-time physical activities: A systematic review and meta-analysis. *Preventive Medicine*. <https://doi.org/10.1016/j.ypmed.2016.11.027>.
- Jekauc D, Kittler C, Schlagheck M. 2017. Effectiveness of a Mindfulness-Based Intervention for athletes. *Psychology*. <https://doi.org/10.4236/psych.2017.81001>
- Joachim MR, Kuik ML, Krabak BJ, Kraus EM, Rauh MJ, Heiderscheidt BC. 2024. Risk Factors for Running-Related Injury in High School and Collegiate Cross-country Runners: A Systematic Review. *The Journal of Orthopaedic and Sports Physical Therapy*. <https://doi.org/10.2519/jospt.2023.11550>
- Josefsson T, Ivarsson A, Gustafsson H, Stenling A, Lindwall M, Tornberg R, Böröy J. 2019. Effects of mindfulness-acceptance-commitment (MAC) on sport-specific dispositional mindfulness, emotion regulation, and self-rated athletic performance in a multiple-sport population: an RCT study. *Mindfulness*. <https://doi.org/10.1007/s12671-019-01098-7>
- Kakouris N, Yener N, Fong DTP. 2021. A systematic review of running-related musculoskeletal injuries in runners. *Journal of Sport and Health Science*. <https://doi.org/10.1016/j.jshs.2021.04.001>
- Kellmann M, Bertollo M, Bosquet L, et al. 2018. Recovery and Performance in Sport: Consensus Statement. *International Journal of Sports Physiology and Performance*. <https://doi.org/10.1123/ijsp.2017-0759>
- Kenttä G, Hassmén P. 1998. Overtraining and recovery. *Sports Medicine*. <https://doi.org/10.2165/00007256-199826010-00001>
- Khatri RA, Baumgartner NW, Noh K, Ullrich-French S, Schmitt S, Wang CH, Kao SC. 2024. Mindfulness induction and executive function after high-intensity interval training with and without mindful recovery intervals. *Scandinavian Journal of Medicine & Science in Sports*. <https://doi.org/10.1111/sms.14558>
- Kluitenberg B, van Middelkoop M, Dierckx R, van der Worp H. 2015. What are the Differences in Injury Proportions Between Different Populations of Runners? A Systematic Review and Meta-Analysis. *Sports Medicine*. <https://doi.org/10.1007/s40279-015-0331-x>
- Laurent CM, Green JM, Bishop PA, Sjökvist J, Schumacker RE, Richardson MT, Curtner-Smith M. 2011. A practical approach to monitoring recovery: development of a perceived recovery status scale. *Journal of Strength and Conditioning Research*. <https://doi.org/10.1519/JSC.0b013e3181c69ec6>
- Lee DC, Brellenthin AG, Thompson PD, Sui X, Lee IM, Lavie CJ. 2017. Running as a Key Lifestyle Medicine for Longevity. *Progress in Cardiovascular Diseases*. <https://doi.org/10.1016/j.pcad.2017.03.005>
- Matos S, Clemente FM, Silva R, Pereira J, Cancela Carral JM. 2020. Performance and Training Load Profiles in Recreational Male Trail Runners: Analyzing Their Interactions during Competitions. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. <https://doi.org/10.3390/ijerph17238902>
- Miranda-Mendoza J, Hernández-Cruz G, Reynoso-Sánchez LF, González-Fimbres RA, Cejas-Hernández BA. 2023. Control of recovery using the Total Quality Recovery (TQR) scale during four accumulation microcycles and its relationship to physiological factors. *Retos*. <https://doi.org/10.47197/retos.v50.100290>
- Mohammed WA, Pappous A, Sharma D. 2018. Effect of Mindfulness Based Stress Reduction (MBSR) in Increasing Pain Tolerance and Improving the Mental Health of Injured Athletes. *Frontiers in Psychology*. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2018.00722>
- Moran M, Ryan L, Doherty R, Biggins M, Keane KM. 2024. The Effect of Sleep on the Health and Dietary Behaviours of GAA Athletes. *Nutrients*. <https://doi.org/10.3390/nu16111660>
- Moseley GL, Baranoff J, Rio E, Stewart M, Derman W, Hainline B. Nonpharmacological Management of Persistent Pain in Elite Athletes: Rationale and Recommendations. *Clinical Journal of Sport Medicine*. <https://doi.org/10.1097/JSM.0000000000000601>
- Mousavi SH, Hijmans JM, Minoonejad H, Rajabi R, Zwerver J. 2021. Factors Associated with Lower Limb Injuries in Recreational Runners: A Cross-Sectional Survey Including Mental Aspects and Sleep Quality. *Journal of Sports Science & Medicine*. <https://doi.org/10.52082/jssm.2021.204>
- Nässi A, Ferrauti A, Meyer T, Pfeiffer M, Kellmann M. 2017. Development of two short measures for recovery and stress in sport. *European Journal of Sport Science*. <https://doi.org/10.1080/17461391.2017.1318180>
- O'Connor EJ, Crozier AJ, Murphy A, Immink MA. 2022. Dispositional mindfulness may have protected athletes from psychological distress during COVID-19 in Australia. *Perceptual and Motor Skills*. <https://doi.org/10.1177/00315125221087523>
- Patel H, Vanguri P, Kumar D, Levin D. 2024. The Impact of Inadequate Sleep on Overtraining Syndrome in 18-22-Year-Old Male and Female College Athletes: A Literature Review. *Cureus*. <https://doi.org/10.7759/cureus.56186>
- Rau HK, Williams PG. 2016. Dispositional mindfulness: A critical review of construct validation research. *Personality and Individual Differences*. <https://doi.org/10.1016/j.paid.2015.09.035>

- Sánchez-Sánchez LC, Franco C, Amutio A, García-Silva J, González-Hernández J. 2023. Influence of mindfulness on levels of impulsiveness, moods and pre-competition anxiety in athletes of different sports. *Healthcare*. <https://doi.org/10.3390/healthcare11060898>
- Sansone P, Gasperi L, Tessitore A, Gomez M. 2021. Training load, recovery and game performance in semiprofessional male basketball: Influence of individual characteristics and contextual factors. *Biology of Sport*. <https://doi.org/10.5114/biolsport.2020.98451>
- Sansone P, Tschan H, Foster C, Tessitore A. 2020. Monitoring training load and perceived recovery in female basketball: Implications for training design. *Journal of Strength and Conditioning Research*. <https://doi.org/10.1519/JSC.0000000000002971>
- Sim JE, Leota J, Mascaro L, Hoffman D, Facer-Childs ER. Sleep patterns before and after competition: A real-world examination of elite athletes. *Journal of Sports Sciences*. <https://doi.org/10.1080/02640414.2024.2308960>
- Tuda C, Ródenas L, Vanegas-Farfano M, Jiménez-López A. Octubre 3, 2018. Análisis preliminar de las propiedades psicométricas de la versión mexicana del Cuestionario de Atención Plena en Atletas. *VII Congreso Iberoamericano de Psicología Del Deporte*. Santiago, Chile.
- Varela-Sanz A, Mecías-Calvo M, Borrajo E, Muñoz-Pérez I. 2024. Relationship Between Training Frequency and Training Session Duration on Vitality in Recreational Runners: A Cross-Sectional Study. *Journal of Functional Morphology and Kinesiology*. <https://doi.org/10.3390/jfkm9040209>
- Wang Y, Lei SM, Fan, J. 2023. Effects of Mindfulness-Based Interventions on Promoting Athletic Performance and Related Factors among Athletes: A Systematic Review and Meta-Analysis of Randomized Controlled Trial. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. <https://doi.org/10.3390/ijerph20032038>
- World Medical Association. 2013. World Medical Association Declaration of Helsinki: ethical principles for medical research involving human subjects. *JAMA*. <https://doi.org/10.1001/jama.2013.281053>
- Zhang CQ, Chung PK, Si G. 2017. Assessing acceptance in mindfulness with direct-worded items: The development and initial validation of the Athlete Mindfulness Questionnaire. *Journal of Sport and Health Science*. <https://doi.org/10.1016/j.jshs.2015.09.010>

Percepción del cambio climático y nivel de riesgo declarado de los agricultores del noroeste de México

Miguel A. Orduño-Torres¹ ♦, Selene I. Ornelas-Herrera², Zein Kallas²

1 Instituto Universitario de Investigación en Ciencia y Tecnología de la Sostenibilidad. Barcelona, España

2 Centro de Investigación en Economía y Desarrollo Agroalimentario-Universidad Politécnica de Cataluña (CREDA-UPC). Castelldefels, Barcelona, España

♦ Correspondencia: mordunotorres@gmail.com

Área Temática:

Ciencias Ambientales

Recibido: 06 de diciembre, 2024

Aceptado: 15 de enero, 2025

Publicado: 27 de enero de 2025

Cita: Orduño-Torres MA, Ornelas-Herrera SI y Kallas Z. 2025. Percepción del cambio climático y nivel de riesgo declarado de los agricultores del noroeste de México. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2404>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: Se considera que las actitudes hacia el medio ambiente y las percepciones hacia el cambio climático determinan en gran medida las decisiones de los agricultores, que a su vez están relacionadas con su actitud de riesgo. Hay varios enfoques metodológicos utilizados para medir el nivel de riesgo declarado de un agente económico. En esta investigación se utilizó el método de Listas de Precios Múltiples (MPL) implementado mediante una encuesta presencial, aplicada a un grupo de 370 productores agrícolas del distrito de riego 075 ubicado en la región noroeste de México. Los resultados mostraron un riesgo promedio de alrededor de 0.317, ubicando a los productores agrícolas de la región en un grupo con leve aversión al riesgo, de acuerdo con la escala utilizada. El análisis de heterogeneidad mostró que los factores socioeconómicos y, en particular, las percepciones hacia el cambio climático están relacionados con el nivel de riesgo declarado por los agricultores. Las agricultoras jóvenes con preferencia a usar el apoyo público para invertir, demostraron tener mayor aceptación al riesgo. Los agricultores de la región han percibido el cambio climático en mayor medida en forma de inundaciones, granizadas, enfermedades y plagas, así como, cambio de vegetación.

Palabras clave: agricultura, actitudes ambientales, aversión al riesgo.

Abstract: It is considered that attitudes towards the environment and perceptions towards climate change largely determine the farmers' decisions that in turn are related to their risk attitude. There are several methodological approaches used to measure the level of stated risk of an economic agent. In this research we used the Multiple Price List (MPL) method implemented by means of a face-to-face survey carried out for a group of 370 agricultural producers of the irrigation district 075 located in the northwest region of Mexico. Results showed an average risk of about 0.317, locating the agricultural producers of the region in a group with risk aversion, according to the scale used. The heterogeneity analysis showed that the socioeconomic factors and, in particular, the perceptions towards climate change are related to farmers' stated risk level. Farmers who are young women with propensity to use public support to invest were shown to be more risk lovers. Farmers in the region have perceived climate change to a greater extent like a flood, hail, diseases and pests, as well as changing vegetation.

Keywords: agriculture, environmental attitudes, risk aversion.

INTRODUCCIÓN

El clima es un factor crucial en la producción agrícola, y el cambio climático perturba continuamente las actividades del sector, aumentando la incertidumbre sobre la producción (Rivera y Di Paola, 2013). Los agricultores perciben ciertos factores climáticos que se relacionan con el nivel de riesgo que enfrentan. Sus actitudes y percepciones hacia el cambio climático, así como las estrategias de mitigación y adaptación que adoptan, pueden influir significativamente en el desarrollo de políticas públicas y en las acciones individuales relacionadas con el consumo energético, permitiendo evitar, disminuir o aprovechar los impactos del cambio climático en la agricultura (Orduño, 2020).

El riesgo es un aspecto inherente al comportamiento humano, especialmente en la toma de decisiones. Generalmente, las personas buscan rentabilidad y son aversas al riesgo, aunque el nivel de aversión varía entre individuos, definiendo sus decisiones de inversión (Vejar et al., 2019). Para analizar el riesgo, se han desarrollado diversas herramientas y metodologías que miden la tolerancia o aversión al riesgo, especialmente en la agricultura. Estos métodos incluyen escalas de autoevaluación y enfoques empíricos basados en la teoría de la utilidad esperada, que analizan las decisiones bajo riesgo como opciones entre alternativas, considerando la preferencia a no arriesgar (Dyer y Sarin, 1982; Keller, 1985; Smidts, 1997).

El riesgo es esencial en todas las decisiones bajo incertidumbre, y cada individuo tiene una actitud diferente hacia él. Es necesario cuantificar el grado de aversión al riesgo para identificar diferencias y similitudes entre las personas. Existen numerosos métodos exitosos en economía y administración agrícola para medir la actitud de riesgo, que se dividen en: métodos basados en escalas actitudinales, métodos basados en la teoría de la utilidad esperada y combinaciones de ambos (Andersen et al., 2008). Los métodos de escala actitudinal asignan puntajes a múltiples afirmaciones, considerando la actitud de riesgo como un constructo latente. Los métodos empíricos estiman el indicador de aversión al riesgo en función de probabilidades, sin depender de la utilidad que rige el comportamiento de los agricultores (Allub, 2001; He, 2008; y Olbrich et al., 2009).

Para identificar el nivel de actitud de riesgo de los agricultores del distrito de riego 075 en el noroeste de México, se aplicó el método de Lista de Precios Múltiples (MPL por sus siglas en inglés: Multiple Price list) “Loterías”. Se diseñó un cuestionario semiestructurado para cuantificar la tolerancia o aversión al riesgo de cada agricultor, relacionándolo con sus características socioeconómicas y percepciones hacia el cambio climático.

MATERIALES Y MÉTODOS

A través de una encuesta se recopilaron un total de 370 observaciones, correspondientes a una muestra representativa de los productores agrícolas de la sección de riego 075, ubicada en la región noroeste de México. El tamaño de la muestra se determinó en base a la fórmula de poblaciones finitas, con un nivel de confianza del 95% y un nivel de error de 4.99 %. (Rojas, 2005). La recolección de dichos

datos se realizó con la finalidad de identificar las variables o atributos que mejor explican el nivel de riesgo.

A cada productor agrícola se le presentó una encuesta con preguntas divididas en bloques según el tipo de información que contienen, tales como: i) características del productor agrícola, del predio agrícola y sobre la siembra que realizan, siguiendo la clasificación presentada por Kallas et al. (2010), ii) actitudes y opiniones medio ambientales, iii) percepción del cambio climático, resultado de la revisión de diversa literatura y iv) actitudes hacia el riesgo usando el método de listas de precios múltiples.

Medición de la percepción hacia el cambio climático

La percepción del cambio climático ya sea de forma independiente o de forma conjunta conlleva al análisis, de acuerdo con cada individuo, de si ha observado variabilidad en determinados factores o eventos meteorológicos relacionados con el clima. Para abordar la problemática y tratar de conocer la percepción de los productores agrícolas de la zona de estudio, se incluyó dentro de la entrevista semiestructurada una serie de afirmaciones, a través de las cuales se plantea al entrevistado un conjunto de factores relacionados con el cambio climático, para que sean evaluados de acuerdo a la propia percepción del agricultor en una escala de Likert entre 1 a 9, en el Cuadro 1 se muestra el significado de cada uno de los valores de la escala y se enlistan las afirmaciones utilizadas.

Medición del nivel de aversión al riesgo

Se seleccionó el método MPL “loterías” propuesto por Holt y Laury (2002), en concreto la variante desarrollada por Brick, Visser y Burns (2012). El método MPL “loterías”, consiste en un formato de lista de precios múltiples, por medio del cual a cada entrevistado se le presenta un conjunto de distintos pares de loterías, dentro de los que se debe elegir una de las opciones de lotería para cada par (Andersen, 2006). Relaciona los niveles de aversión al riesgo con un premio o ganancia. En la definición del modelo se generó una lista de 8 escenarios con un par de loterías hipotéticas denominadas opción A y opción B, similar al modelo teórico utilizado por Brick et al. (2012). En dicho modelo se mantienen constantes las probabilidades de cada una de las opciones para mantener el experimento lo más simple posible. En la opción A la probabilidad de obtener la cantidad presentada se fijó a un 100% (opción segura) y dentro de la opción B (opción riesgosa) se fijó a un 50% la probabilidad de obtener la cantidad de (\$100) y la con misma probabilidad de 50% no obtener nada (\$0) (lanzamiento de una moneda a Cara o Cruz) en todos los escenarios; mientras que la cantidad segura presentada en la opción A, en cada una de los 8 escenarios se va modificando de forma decreciente de acuerdo con las siguientes cantidades (\$100, \$75, \$60, \$50, \$40, \$30, \$20 y \$10).

Cuadro 1. Diseño experimental para la ponderación de las afirmaciones sobre percepción del cambio climático.

Absolutamente en desacuerdo	Muy en desacuerdo	Moderadamente en desacuerdo	Poco en desacuerdo	Neutral	Poco de acuerdo	Moderadamente de acuerdo	Muy de acuerdo	Absolutamente de acuerdo
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. En los últimos 10 años ha notado que ha aumentado la temperatura : (Altieri. 2002; IPCC 2014) 2. En los últimos 10 años ha notado que ha variado el nivel de precipitación : (Altieri. 2002; Doering et al., 2002) 3. En los últimos 10 años ha notado que los periodos de lluvia han cambiado su temporalidad : (Altieri y Nicholls, 2009; Bates et al., 2008, Ocampo, 2011) 4. En los últimos 10 años ha notado que el suelo ha perdido fertilidad : (Rivera y Di Paola 2013, Altieri y Nicholls, 2009) 5. En los últimos 10 años ha notado que se han incrementado los periodos de sequía : (Altieri 2002, Doering et al., 2002) 6. En los últimos 10 años ha notado que ha disminuido la cosecha : (Araus et al., 2008) 7. En los últimos 10 años ha notado que ha habido más episodios de sequías : (Rivera y Di Paola, 2013; Altieri,2002) 8. En los últimos 10 años ha notado que ha habido más episodios de heladas : (Rivera y Di Paola, 2013) 9. En los últimos 10 años ha notado que ha habido más episodios de inundaciones : (Doering, et al., 2002) 10. En los últimos 10 años ha notado que ha habido más episodios de Granizadas : (Stocker et al., 2013) 11. En los últimos 10 años ha notado que ha habido más enfermedades y plagas : (Orduño, 2020; Vásquez, 2011) 12. En los últimos 10 años ha notado que ha observado cambios de la vegetación : (Galindo, 2013)								

Este método está diseñado para medir el nivel de aversión al riesgo en función del número de respuestas seguras (opción A) que realiza el entrevistado. Una vez establecida la estructura del experimento, se deben estimar los parámetros de la función de aversión relativa al riesgo constante (CRRA- por sus siglas en inglés: Constant Relative Risk Aversion), que permiten modelar el comportamiento o preferencias de riesgo de los participantes (Holt y Laury, 2002; Andersen, 2008). La Utilidad Esperada (EU) de cada lotería se calcula por medio de la función:

$$EU = \sum_i (p_i * U(X_i))$$

Siendo p_i la probabilidad de ocurrencia de la utilidad del premio X_i , y $U(X_i)$ la utilidad del premio X_i . La función CRRA está definida sobre un premio de lotería no negativo, de acuerdo con la siguiente ecuación:

$$U(x) = \frac{x^{1-r}}{1-r}$$

Donde: x corresponde al premio de la lotería, r es el coeficiente de aversión al riesgo latente, en la que $r=0$ indica neutralidad de riesgo, $r > 0$ indica aversión al riesgo y $r < 0$ indica aceptación del riesgo (Andersen et al., 2008).

El nivel de aversión al riesgo está determinado por el primer cambio de la opción A por la opción B. Por esto se puede eliminar cualquier inconsistencia posterior a la decisión de B. Los valores esperados de las opciones A y B de cada uno de los escenarios del diseño experimental se pueden observar en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Matriz de pagos en el experimento de aversión al riesgo.

Lotería Pregunta (escenario)	Opción A		Opción B				Valor Esperado			Intervalo de CRRA*
	A	PA*	B1	PB1*	B2	PB2*	E(A)	E(B)	DIFE- RENCIA	
1	100	1	100	0.5	0	0.5	100	50	50	-1.71, -0.95
2	75	1	100	0.5	0	0.5	75	50	25	-0.95, -0.49
3	60	1	100	0.5	0	0.5	60	50	10	-0.49, -0.15
4	50	1	100	0.5	0	0.5	50	50	0	-0.15, 0.14
5	40	1	100	0.5	0	0.5	40	50	-10	0.14, 0.41
6	30	1	100	0.5	0	0.5	30	50	-20	0.41, 0.68
7	20	1	100	0.5	0	0.5	20	50	-30	0.68, 0.97
8	10	1	100	0.5	0	0.5	10	50	-40	0.97, 1.37

PA* Probabilidad de la opción A

PB1* probabilidad de ganar la cantidad B1 de la opción B.

PB2* probabilidad de ganar la cantidad B2 de la opción B.

CRRA* Aversión relativa al riesgo constante

Una vez estimados los valores CRRA, se toman las elecciones hechas por cada individuo sobre cada par de opciones presentadas en los 8 escenarios y se estima su nivel de aversión al riesgo individual y luego para el total de las observaciones. El software utilizado para el procesamiento de los datos y la estimación de los resultados fue el IBM SPSS statistics, versión 23.0.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados estadísticos nos permiten observar que, el tipo de recolección de cultivo en esta región de estudio en su mayoría es mecánico. El 68% de los productores, recibe un subsidio que se destina principalmente para cubrir los gastos de operación, el 8% lo utilizan para invertir en el predio agrícola. El 63% no acostumbran a contratar seguro agrícola. Relacionan el calentamiento global con el aumento de temperatura y el calentamiento de la tierra. La mayoría han adquirido su formación agraria en base a la experiencia (88.9%), muy pocos tienen una

formación agraria profesional (6.7%). El 11% de los agricultores son mujeres. El 79% opera bajo el régimen de propietario y el principal producto cultivado por los productores agrícolas entrevistados es el trigo con 29%, seguido por la alfalfa con 24%.

El análisis de los datos recolectados nos da como resultado un nivel de aversión al riesgo de 0.3176, que define de forma global a la población de estudio dentro del rango de 0.14 y 0.41, correspondiente a una actitud ligeramente aversa al riesgo conforme a la escala de Holt y Laury (2002). El resultado obtenido es comparable con investigaciones aplicadas en actividades agrarias mediante el uso de herramientas similares, como la realizada por Trujillo et al. (2012) sobre pequeños productores de piña en Santander, Colombia, en la que se identificó a los productores como aversos al riesgo; la investigación de Brick et al. (2012), aplicada al sector productivo pesquero, en la que obtuvieron un coeficiente de aversión al riesgo de 0.393, muy similar al obtenido en este trabajo, o la investigación de Galarza (2009), aplicada a productores de algodón en el sur de Perú, en la que los resultados presentaron un coeficiente de aversión al riesgo de 0.45, lo que también los ubica en un rango averso al riesgo, otro ejemplo comparativo, es el estudio realizado por Pennings y García (2001), aplicado a 373 agricultores, en el cual, el nivel de riesgo promedio en al que se ubicaron fue de 0.371.

Los resultados presentados en la Figura 1, permiten ver cómo está conformada la distribución de los diferentes niveles de actitud de riesgo, en base a la ponderación obtenida para cada uno de los 370 productores agrícolas entrevistados.

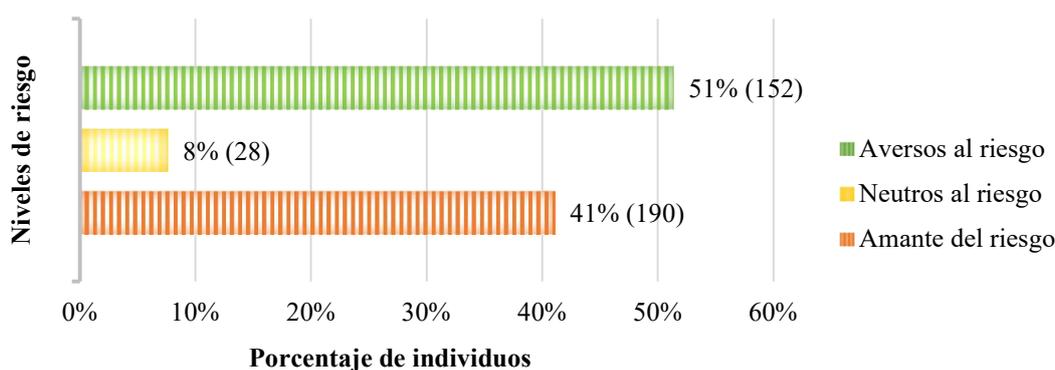


Figura 1. Distribución de los productores entrevistados de acuerdo con su actitud de riesgo.

Con un análisis basado en la escala de Holt y Laury (2002), podemos observar que el 34% de los productores agrícolas son extremadamente aversos al riesgo, su coeficiente de aversión al riesgo se encuentra dentro del rango de (0.97, 1.37), en contraste con el 22% de los agricultores que son amantes del riesgo, para los cuales su coeficiente de aversión al riesgo se encuentra dentro del rango de (-1.71, -0.95) de a la misma escala antes mencionada.

El análisis de heterogeneidad mediante las tablas de contingencia, indica que las variables relacionadas con el nivel de aversión al riesgo son: la finalidad de la ayuda recibida (p valor= 0.002), el género del productor agrícola (p valor=0.046) y el rango de edad (p valor= 0.000). A diferencia que en otros estudios encontramos que en promedio las mujeres son menos aversas al riesgo. Es importante destacar que del total de los productores agrícolas entrevistados un 11% de la muestra corresponde a mujeres (41), las cuales, en base a los resultados arrojados a través de este estudio, a pesar de que algunas presentan aversión al riesgo, en comparación con los resultados sobre el nivel de aversión de los hombres, se declaran un poco más arriesgadas que sus contrapartes (porcentaje de hombres amantes del riesgo =39%, porcentaje de mujeres amantes del riesgo= 61%). El promedio del nivel de riesgo estimado para las mujeres resultó en -0.035 y el nivel de aversión al riesgo de los hombres en 0.361. Esta situación es poco característica ya que en estudios donde se toma en cuenta el género, como el de Brick et al., (2012) relacionado con pescadores, indican que las mujeres son las que mayor aversión al riesgo presentan, con un nivel de aversión de 0.254.

La finalidad de la ayuda también está relacionada con el nivel de riesgo, dejando en claro que los productores agrícolas que reciben ayuda y la utilizan para invertir, es porque son más amantes del riesgo mientras que los que no reciben ninguna ayuda tienen un perfil más averso al riesgo.

Con respecto a la edad, vemos que está asociada al riesgo, al igual que en los resultados obtenidos por Brick et al., (2012) en su experimento sobre comunidades pesqueras de África, en nuestro caso de forma más específica encontramos que dentro de los rangos de edades de los agricultores “mayores de 60 años” se observa que la experiencia adquirida con los años les permite tener en promedio menor aversión al riesgo, siendo los agricultores dentro del rango de los 41 a 60 años (que es donde está la mayoría, 52%) los que son más conservadores con mayor nivel de aversión al riesgo.

En el Cuadro 3, se muestran las variables que corresponden en función del análisis de heterogeneidad mediante la prueba Anova, a aquellas que resultaron relacionadas con el nivel de riesgo, con base a un nivel de significancia menor al 0.05.

Cuadro 3. Variables relacionadas con el nivel de riesgo en base al ANOVA, clasificadas por tipo de información (bloque).

Tipo de información	Variables
Socioeconómicas	Cantidad de hectáreas de cultivo de temporal
	Volumen de agua regada (m ³ por hectárea)
	Porcentaje de ingresos provenientes de la agricultura
Actitudes y Opiniones hacia el medio ambiente	Considera exagerado una crisis ecológica global
	El equilibrio de la naturaleza soporta el impacto de los países industrializados
	Los seres humanos pueden ser capaces de controlar la naturaleza
	El ingenio humano asegura que no sea inhabitable la tierra
	La inferencia del ser humano en la naturaleza tiene consecuencias desastrosas
	El ser humano abusa gravemente del medio ambiente
	El equilibrio de la naturaleza es delicado y fácilmente alterable
	Nos estamos aproximando al número límite de personas que la tierra puede albergar
	La tierra tiene recursos limitados
	La tierra tiene recursos abundantes, solo tenemos que aprender a explotarlos
	El desarrollo sostenible necesita situación equilibrada que controle el crecimiento Industrial
Actitudes hacia el cambio climático	Nivel de disposición para realizar solo riego nocturno
	Nivel de disposición para usar maquinaria de bajas emisiones contaminantes
	Nivel de disposición para realizar producción agroecológica
	Nivel de disposición para el uso de fuentes de energía renovable
	Nivel de disposición para no quemar biomasa (rastrojo)
	Nivel de disposición para usar fertilizantes no nitrogenados
	Nivel de disposición para utilizar labranza cero
Percepción del cambio climático	Nivel de afectación del calentamiento global sobre sus cultivos
	Porcentaje de influencia del cambio climático sobre costos de producción
	Aumento de temperatura
	Más episodios de inundaciones
	Más episodios de granizadas
	Más enfermedades y plagas
	Cambios de vegetación

Los resultados del Análisis de Componentes Principales sobre las variables relacionadas con la percepción del cambio climático, permitieron identificar que con las dos primeras componentes se logra obtener una explicación de la variabilidad del 51%, las variables climáticas como: inundaciones, granizadas, enfermedades y plagas, así como, cambio de vegetación, están ampliamente ligadas a la primera componente (0.76, 0.71, 0.63, 0.67) respectivamente, mientras que la influencia del cambio climático sobre costos de producción esta mayormente correlacionada con la segunda componente (0.84), indicándonos que se puede suponer que la primera componente caracteriza a la percepción de los productores agrícolas sobre mayores eventos negativos (efectos del cambio climático), que afectan su productividad agraria; constituyendo la primera componente.

En la Figura 2 se observa la distribución de la nube de puntos que representa a los productores agrícolas sobre las dos componentes principales. Identificando que los productores agrícolas que han percibido mayores afectaciones a causa del cambio climático se ubican más cargados hacia la derecha sobre el plano factorial y hacia el lado izquierdo se ubican los que han percibido en menor medida tales efectos del cambio climático. Así mismo, entre más hacia arriba sobre la segunda dimensión estén ubicados los puntos, significará que ha percibido en mayor medida la influencia del cambio climático sobre costos de producción.

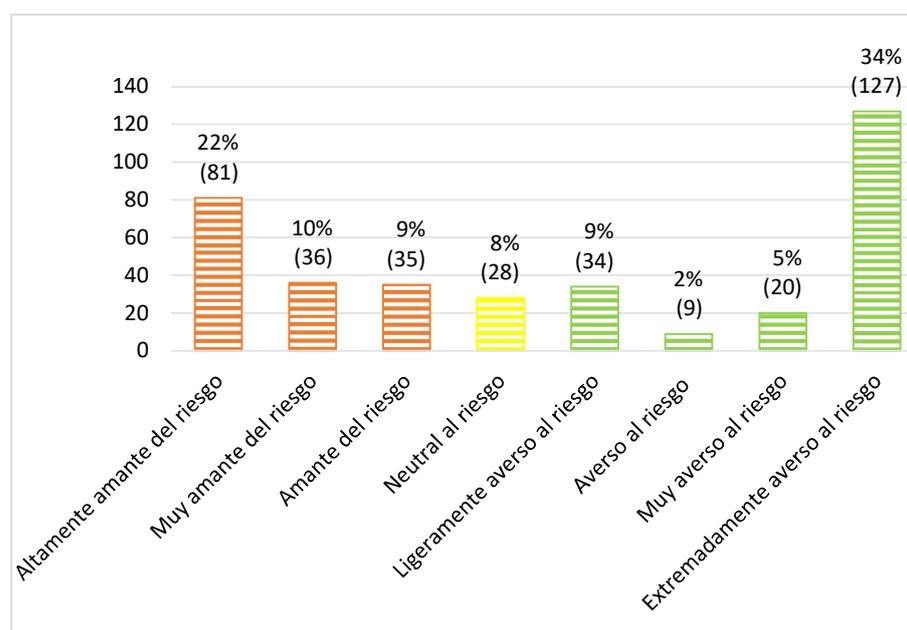


Figura 2. Distribución de los productores entrevistados en función de su nivel de riesgo.

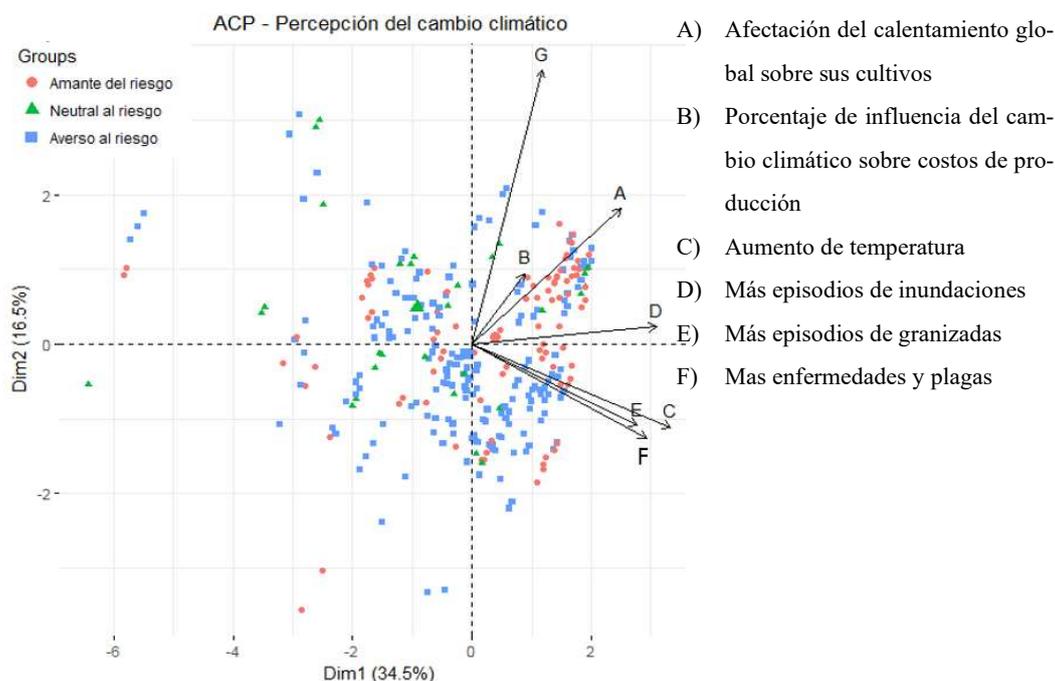


Figura 3. Distribución de los agricultores entrevistados dada su percepción del cambio climático.

De acuerdo a los resultados obtenidos, en la Figura 3 observamos que los agricultores de la región son en su mayoría aversos al riesgo, lo que puede generar algunas de las implicaciones relacionadas con su actividad productiva, tales como una menor adopción de nuevas tecnologías o prácticas agrícolas innovadoras debido a la incertidumbre de los resultados, menor interés para acceder a créditos u otros servicios financieros percibidos como arriesgados por este grupo de agricultores, o una menor participación en mercados más lucrativos debido a la incertidumbre y el miedo a las pérdidas. Otra implicación puede ser una menor inversión en insumos como fertilizantes, semillas mejoradas y equipo mecánico, lo que puede repercutir en la calidad y la cantidad de producción. Con todo lo anterior, la aversión al riesgo puede afectar la seguridad alimentaria al limitar la producción, disponibilidad de alimentos, así como disminuir el bienestar económico. En virtud de lo anterior, es necesario que se implementen políticas y programas que apoyen a los agricultores en la adopción de prácticas agrícolas más seguras y rentables, tales como programas de capacitación de gestión de riesgos y sobre finanzas agrícolas que les permitan tomar decisiones informadas, acceso a microcréditos y seguros agrícolas, generación de redes de apoyo y asociaciones que permitan aumentar su productividad.

Estos enfoques pueden ayudar a los agricultores, potenciando su actividad productiva además de mejorar la percepción del cambio climático y aumentar la resiliencia agrícola en la región. De esta manera, se genera confianza entre los

agricultores con mayor aversión al riesgo, para mejorar su capacidad adaptativa frente al cambio climático.

CONCLUSIONES

Aunque existen diversos métodos para medir la aversión al riesgo, el método de listas de precios múltiples (MPL) "loterías" es uno de los más utilizados debido a su fácil comprensión por parte de los agricultores, quienes generalmente no tienen una alta preparación académica. Los resultados indican que el MPL es una herramienta eficaz para comparar los niveles de riesgo entre diferentes individuos enfrentados a un mismo juego. Empíricamente, se observa que los productores agrícolas de la región de estudio son aversos al riesgo (nivel = 0.3176), similar a productores de otras regiones, y la mayoría muestra una alta aversión al riesgo.

El estudio destaca la importancia de variables como la comercialización de productos, el tipo de labranza y el control de plagas en el entorno agrícola. En cuanto a la percepción del cambio climático, los efectos adversos más percibidos por los agricultores son las enfermedades y plagas en los cultivos, cambios en la vegetación, aumento de la temperatura y alteración de los periodos de lluvia. El análisis de la heterogeneidad revela que tanto el sexo como la edad influyen en el nivel de aversión al riesgo, con las mujeres siendo más amantes del riesgo que los hombres, y los agricultores menores de 60 años mostrando mayor aversión al riesgo.

Los hallazgos sugieren que los agricultores amantes del riesgo son los más conscientes del cambio climático y los más sostenibles, lo que aumenta la resiliencia en la región. Se recomienda involucrarlos en la creación de políticas públicas orientadas a la producción agrícola. Además, es importante incluir a las mujeres en la toma de decisiones agrícolas y generar políticas que aumenten la confianza de los agricultores más aversos al riesgo, mejorando su percepción y capacidad adaptativa al cambio climático.

Una limitación del estudio es que la comparabilidad de los resultados sobre el nivel de riesgo depende del uso del método MPL bajo un mismo esquema de pagos, ya que las diferencias en los pagos pueden generar sesgos.

Financiamiento

Este estudio no recibió financiamiento de ninguna organización pública o privada.

Conflicto de interés

Los autores declaran que no hay conflictos de interés.

REFERENCIAS

- Allub L. 2001. Aversión al riesgo y adopción de innovaciones tecnológicas en pequeños productores rurales de zonas áridas: Un enfoque causal. *Estudios Sociológicos*. 19, 467–493.
- Altieri MA, Nicholls C. 2009. Cambio Climático y Agricultura Campesina: impactos y respuestas adaptativas. *LEISA revista de agroecología*, 14, 5-8.
- Altieri MA. 2002. Agroecology: the science of natural resource management for poor farmers in marginal environments *Agriculture, Ecosystems and Environment* 93: 1-24.
- Andersen S, Harrison GW, Lau MI, Rutström EE. 2006. Elicitation using multiple price list formats. *Experimental Economics*, 94, pp.383–405.
- Andersen S, Harrison GW, Lau MI, Rutström EE. 2008. Eliciting Risk and Time Preferences Published. *The Econometric Society*, 763, pp.583–618.
- Araus J, Slafer G, Royo C, Serret M. 2008. Breeding for yield potential and stress adaptation in cereals. *Critical Reviews in Plant Science*, 27: 377-412.
- Bates, Kundzewicz, Wu, Palutikof. 2008. “el cambio climático y el agua. Grupo Intergubernamental de Expertos Sobre El Cambio Climático.”
- Brick K, Visser M, Burns J. 2012. Risk Aversion: Experimental Evidence from South African Fishing Communities. *American Journal of Agricultural Economics*, 94, pp.133–152.
- Doering OC. 2002. Effects of climate change and variability on agricultural production systems. *Kluwer Academic Publishers*. Dordrecht, Netherlands.
- Dyer JS, Sarin RK. 1982. “Relative Risk Aversion.” *Manage. Sci.* 28:875–86.
- Galarza F. 2009. Choices under Risk in Rural Peru; University of Wisconsin: Madison, WI, USA.
- Galindo LM. 2013. “La Economía Del Cambio Climático En México.” *Shcp Semarnat* 53 9: 1689–99. doi:10.1017/CBO9781107415324.004.
- He P. 2018. Self-assessed risk attitudes predict behavior under risk? Evidence from a field study in China. *Econ. Lett.* 172, 107–109.
- Holt ChA, Laury SK. 2002. “Risk Aversion and Incentive Effects”, *American Economic Review*, 925, pp1644-1655.
- IPCC. 2014. Panel Intergubernamental de Cambio Climático. “Cambio climático 2014.”
- Kallas Z, Serra T, Gil J. 2010. Farmers’ objectives as determinants of organic farming adoption: the case of Catalanian vineyard production. *Agricultural Economics*, 415: 409–423.
- Keller LR. 1985. “An Empirical Investigation of Relative Risk Aversion.” *IEEE Trans. Systems Man Cybernetics* 15
- Ocampo O. 2011. El cambio climático y su impacto en el agro. *Revista de ingeniería*, 33, 115-123.
- Olbrich R, Quaas M, Baumgärtner S. 2009. Risk preferences under multiple risk conditions—Survey evidence from semi-arid rangelands I. Introduction. In Proceedings of the 8th International Conference of the European Society for Ecological Economics, Transformation, Innovation and Adaptation for Sustainability, Ljubljana, Slovenia, 29 June–2 July 2009; pp. 1–15.
- Orduño TMA. 2020. Análisis de preferencias hacia las acciones de adaptación y mitigación al cambio climático: perspectiva del agricultor en el noroeste de México. Tesis doctoral. Barcelona España. Universidad Politécnica de Cataluña, 2020. <http://hdl.handle.net/2117/334950>
- Pennings JME, Garcia P. 2001. Measuring producers’ risk preferences: A global risk-attitude construct. *American Journal of Agricultural Economics*, 834, pp.993–1009.
- Rivera I, Di Paola M. 2013. “Cambio Climático: Impacto E Incidencias de Las Políticas Públicas En El Sector Agropecuario Resumen Ejecutivo.” <http://www.farn.org.ar/wp-content/uploads/2014/07/informe2013-1.268-291.pdf>.

- Rojas R. 2005. Guía para Realizar Investigaciones Sociales. 40a ed. Plaza y Valdez S.A. México, D.F. 237 p.
- Smidts A. 1997. "The Relationship Between Risk Attitude and Strength of Preference: A Test of Intrinsic Risk Attitude." *Manage. Sci.* 43:357–70.
- Stocker, Thomas F, Dahe Q, Gian-Kasper P, Melinda MBT, Simon KA, Judith B, Alexander N, Yu X, Vincent B, Pauline MM. 2013. Cambio Climático 2013. Bases Físicas.
- Trujillo JC, Escobar JL, Iglesias WJ. 2012. Medición de las actitudes hacia el riesgo en los pequeños productores de piña de Santander, Colombia. *Cuadernos de desarrollo rural*, 9 69, 239-255.
- Vásquez L. 2011. Cambio climático, incidencia de plagas y prácticas agroecológicas resilientes. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas INCA. La Habana. 242 p.
- Vejar RLG, Balderrama JIL, Escobar SG. 2019. La tolerancia al riesgo financiero y las variables socioeconómicas de los inversionistas sonorenses para el financiamiento de empresas startup de tecnología. *Revista Vértice Universitario*.

Índice de masa muscular esquelética, actividad física, fragilidad y condición física en adultos mayores

Manuel O. López-Camacho¹, Claudia K. Aguilar-Torres², Juan J. Morales-Aguilar², Arturo A. Cuevas-López¹, ♦Sylvia A. Estrada-Díaz³

¹ Departamento de Ciencias Sociales y Humanidades, Unidad Regional Guasave, Universidad Autónoma de Occidente

² Departamento de Ciencias de la Salud, Unidad Regional Guasave, Universidad Autónoma de Occidente

³ Centro de Investigaciones en Ciencias de la Cultura Física y Salud, Universidad Autónoma de Occidente

♦ Correspondencia: sylvia.estrada@gmail.com

Área Temática:

Ciencias Biomédicas

Recibido: 29 de noviembre, 2024

Aceptado: 18 de enero, 2025

Publicado: 27 de enero de 2025

Cita: López-Camacho MO, Aguilar-Torres CK, Morales-Aguilar JJ, Cuevas-López AA y Estrada-Díaz SA. 2025. Índice de masa muscular esquelética, actividad física, fragilidad y condición física en adultos mayores. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2410>



Copyright: ©2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: Este estudio examina la relación entre el índice de masa muscular esquelética (IMME) y diferentes aspectos de la condición física en adultos mayores (AM) de Guasave, Sinaloa, destacando su importancia para la funcionalidad y calidad de vida de esta población. Con el envejecimiento poblacional, es fundamental mantener la masa muscular para preservar la movilidad y autonomía, ya que su pérdida se asocia con debilidad muscular, fragilidad y reducción de la independencia. La muestra consistió en 36 adultos mayores (20 hombres, 16 mujeres), con una edad promedio de 71.06 años. El IMME se evaluó mediante bioimpedancia, y se emplearon herramientas como el Cuestionario Internacional de Actividad Física (IPAQ), la escala FRAIL para la fragilidad, y el Senior Fitness Test para medir la condición física. Además, la fuerza de prensión manual se evaluó con un dinamómetro JAMAR. Los resultados revelaron una correlación positiva significativa entre el IMME y la fuerza de prensión manual, así como con la fuerza en extremidades inferiores, medida a través de la prueba de sentarse y levantarse de la silla. Sin embargo, no se hallaron correlaciones significativas entre el IMME y la resistencia aeróbica ni la flexibilidad. Estos hallazgos destacan la relevancia del IMME como indicador de fuerza muscular en los AM, sugiriendo que mantener o aumentar la masa muscular es crucial para prevenir la fragilidad y mejorar la funcionalidad física. Este estudio aporta evidencia valiosa para el diseño de programas de ejercicio específicos para esta población.

Palabras clave: ejercicio, envejecimiento, movimiento, músculo, bienestar.

Abstract: This study investigates the relationship between skeletal muscle mass index (SMMI) and various physical fitness factors in older adults (OA) from Guasave, Sinaloa, highlighting its significance for functionality and quality of life in this population. As the population ages, maintaining muscle mass becomes crucial to preserving mobility and autonomy, as its loss is associated with muscle weakness, frailty, and reduced independence. The sample consisted of 36 OA (20 men, 16 women) with an average age of 71.06 years. SMMI was assessed using bioimpedance, and tools such as the International Physical Activity Questionnaire (IPAQ), the FRAIL scale for frailty, and the Senior Fitness Test were employed to assess physical condition. Additionally, handgrip strength was measured with a JAMAR dynamometer. The results showed a significant positive correlation between SMMI and handgrip strength, as well as with lower limb strength, assessed using the sit-to-stand test. However, no significant correlations were found between SMMI and aerobic capacity or flexibility. These findings emphasize the importance of SMMI as an indicator of muscular strength in OA, suggesting that maintaining or increasing muscle mass is crucial for preventing frailty and improving physical functionality. This study provides valuable evidence for the development of exercise programs tailored to this population.

Keywords: exercise, aging, movement, muscle, wellness

INTRODUCCIÓN

En el contexto del envejecimiento poblacional, el mantenimiento de una adecuada condición física en los adultos mayores (AM) es esencial para preservar su calidad de vida, reducir la dependencia y mejorar su bienestar general (Cruz-Jentoft et al., 2019; Morley et al., 2020). El envejecimiento produce cambios significativos en la composición corporal de los adultos mayores, entre los que destacan el aumento de la masa grasa, especialmente la visceral, y la pérdida de masa muscular, condición conocida como sarcopenia. Esta última incrementa el riesgo de caídas, fracturas y dependencia funcional (Gómez-Cabello et al., 2012).

La fragilidad y el bajo nivel de actividad física (AF) se asocian estrechamente con la pérdida de masa y función muscular, elementos críticos para la movilidad y la independencia en esta etapa de la vida (Cesari et al., 2015).

Estudios previos sugieren que el índice de masa muscular esquelética (IMME) puede ser un indicador relevante del estado funcional y el riesgo de fragilidad, ya que una menor masa muscular se vincula con disminuciones en la fuerza, resistencia aeróbica y equilibrio, factores esenciales para la funcionalidad física (Chen et al., 2020; Landi et al., 2018).

En el estado de Sinaloa, México según datos del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI, 2020), en 2020, la población de adultos mayores en Sinaloa representaba aproximadamente el 8.92% del total, lo que refleja una tendencia al envejecimiento poblacional. Este aumento en la población adulta mayor plantea un reto significativo, ya que la sarcopenia y la fragilidad son comunes en este grupo y están asociadas con un mayor riesgo de caídas, discapacidad y muerte (Ávila-Funes y Gutiérrez-Robledo, 2011). Además, la actividad física regular se ha identificado como una intervención efectiva para mitigar los efectos negativos de la pérdida de masa muscular (Cadore y Rodríguez-Mañas, 2014).

En este sentido, la realización de este estudio en Sinaloa es trascendental para conocer la situación generando datos locales que respalden el diseño de políticas públicas y programas de salud dirigidos a promover un envejecimiento activo y saludable en esta región. Estudios similares describen una correlación positiva entre un mejor IMME y una mayor fuerza muscular, una mejor prensión manual y un mejor equilibrio dinámico, subrayando la importancia del mantenimiento de la masa muscular para la funcionalidad y la calidad de vida en adultos mayores (Dent et al., 2019; Cruz-Jentoft et al., 2019).

Comprender la relación entre el índice de masa muscular esquelética (IMME), la actividad física y la fragilidad en esta población permitirá no solo identificar las características específicas que afectan la funcionalidad física de los adultos mayores en la región, sino también proporcionar datos que puedan guiar la creación de intervenciones y políticas públicas efectivas. Este conocimiento es crucial para el diseño de programas de salud que promuevan la actividad física, el fortalecimiento muscular y la prevención de la sarcopenia, con el objetivo de mejorar la calidad de vida y reducir la dependencia en los adultos mayores (Cesari et al., 2015; Cadore y Rodríguez-Mañas, 2014).

Además, los resultados del estudio contribuirán al campo científico al aportar evidencia empírica sobre la relación entre la masa muscular y la fragilidad en un contexto local, lo que podría tener implicaciones para futuras investigaciones y acciones en otras regiones con características similares (Gómez-Cabello et al., 2012; Chen et al., 2020). En última instancia, este estudio no solo tiene el potencial

de impactar la salud pública en Sinaloa, sino también de ser un referente para otras regiones en México y América Latina, donde el envejecimiento poblacional es un desafío creciente (INEGI, 2020; Ávila-Funes y Gutiérrez-Robledo, 2011). El propósito de este estudio fue identificar la relación del índice de masa muscular esquelética (IMME) con nivel de actividad física (AF), fragilidad, condición física y fuerza de prensión manual en una muestra preliminar de AM de Guasave, Sinaloa.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó un estudio no experimental, de diseño transversal, en 36 adultos mayores (AM) de Guasave, Sinaloa, durante agosto de 2023, para analizar relaciones entre las siguientes variables: índice músculo-masa esquelética (IMME), nivel de actividad física (AF), fragilidad, condición física y fuerza de prensión manual. Los criterios de inclusión exigían ser mayor de 60 años, residir en Guasave y no presentar discapacidades graves o enfermedades terminales. Los participantes firmaron un consentimiento informado, y el estudio se apegó a las directrices de la Declaración de Helsinki.

Se empleó un muestreo por conveniencia. El IMME fue evaluado con una báscula de bioimpedancia OMRON HBF-514C, en posición de pie y descalzo, asegurando la medición en la mañana antes de la ingesta de alimentos, también una hidratación adecuada y evitando ejercicio en las 24 horas previas. Este dispositivo está validado para medir la composición corporal (Kyle et al., 2004). La AF se determinó mediante el Cuestionario Internacional de Actividad Física (IPAQ, versión corta), un instrumento confiable con un intervalo de confianza del 95% de .73 a .77 (Tolosa y Gómez-Conesa, 2007), para la clasificación de los niveles de AF se tomó en cuenta a Hall et al. (2013), asignando los siguientes valores: caminata = 3.3 MET * minutos de caminata * número de días caminados, para la actividad física moderada = 4 MET * minutos de actividad física moderada * número de días practicados, para la actividad física vigorosa = 8 MET * minutos de actividad física vigorosa * número de días practicados para obtener la cantidad total de METs se suma la puntuación de caminata, actividad física moderada y actividad física vigorosa ya que se obtiene la suma, se clasifica el nivel de actividad física según los siguientes criterios: nivel de AF alta = por lo menos 3 días a la semana obteniendo mínimo un total de 1500 MET-minuto/semana, o bien siete días de cualquier combinación de caminata con actividad física vigorosa y/o moderada sumando un total de al menos 3000 MET-minutos/semana; nivel de actividad física moderada se clasificó usando los siguientes criterios, 3 o más días de actividad física vigorosa al menos 20 minutos por día, cinco o más días de actividad física moderada o caminata al menos 30 minutos al día, 5 o más días de cualquiera de las combinaciones de caminata, actividad física vigorosa o moderada con al menos 3000 MET-minutos/semana; Nivel de actividad física baja se clasificó a las personas que habían caminado o realizado actividad física de intensidad vigorosa o moderada con una duración diaria de al menos 10 minutos pero que no cumplieron con los criterios para ser catalogadas en nivel alto o moderado.

La fragilidad se evaluó con la escala FRAIL, que mide cinco dominios: fatigabilidad, deambulación, resistencia, pérdida de peso y comorbilidad. Los resultados clasifican a los individuos como robustos, prefrágiles o frágiles (Morley et al., 2013). La condición física se midió utilizando el Senior Fitness Test (SFT), una

batería de pruebas con alta confiabilidad test-retest (.80-.98) y validez contrastada frente a métodos estándar (Rikli y Jones, 2013).

Las pruebas incluyeron fuerza de extremidades superiores e inferiores, resistencia aeróbica, flexibilidad de extremidades superiores e inferiores y agilidad. La fuerza de prensión manual se midió con un dinamómetro JAMAR, considerado un estándar por su precisión, portabilidad y facilidad de uso (Roberts et al., 2011). Para garantizar resultados precisos, se realizó preparando al participante ya que debía estar sentado, con la muñeca alineada con el antebrazo y los pies apoyados en el suelo, la mano relajada antes de la presión y la medición se realiza en tres repeticiones con descansos de 30 a 60 segundos entre cada medición con la mano dominante.

Los datos recolectados fueron analizados con el software estadístico SPSS v25.0, empleando estadística descriptiva e inferencial. Las asociaciones entre el IMME y las variables dependientes se analizaron mediante la prueba de Spearman debido a la falta de normalidad en los datos, utilizando un nivel de significancia de $p < 0.05$. Finalmente, los resultados y recomendaciones personalizadas fueron entregados a los participantes.

RESULTADOS

El estudio incluyó a 36 adultos mayores (AM) de Guasave, Sinaloa, conformado por 20 hombres (55.6%) y 16 mujeres (44.4%). La edad promedio fue de 71.06 años (± 6.5), la talla media de 164.25 cm (± 11.84), y el peso promedio de 79.16 kg (± 11.96). Respecto al estado civil, el 18.8% de los participantes eran solteros, el 50% casados y el 31.3% viudos. En términos de dependencia económica, el 12.6% dependía de su pareja, el 31.2% de sus hijos/as, y el 56.2% no dependía económicamente de nadie. La media de años de escolaridad fue de 8.94 años (± 4.18).

El nivel de AF de los AM de acuerdo con los resultados del IPAQ es el siguiente: el 50% de los AM se clasifica con nivel de AF baja, 37.5% con nivel de AF moderada, solamente el 12.5% se encuentra con nivel de AF alta. La cantidad de adultos mayores en la clasificación de prefrágil fue del 56.3%, el 37.5% se encuentra en una clasificación normal y solamente el 6.3% se clasifica como frágil.

La prueba Shapiro-Wilk determinó la distribución de las variables: Distribución normal: sentarse y levantarse de la silla, flexión de brazo, dos minutos de marcha, y juntar manos tras la espalda. Distribución no normal: IMME, fuerza de prensión manual, flexión del tronco, y agilidad y equilibrio dinámico. Se aplicaron pruebas no paramétricas según la distribución identificada (Cuadro 1).

Cuadro 1. Análisis de normalidad de las variables

Variable	W	p
IMME	.849	.013
Fuerza de prensión manual	.886	.049
Agilidad y equilibrio dinámico	.719	<.001
Sentarse y levantarse de la silla	.935	.294*
Flexión de brazo	.954	.554*
Dos minutos de marcha	.953	.532*
Flexión del tronco	.870	.028
Juntar manos tras espalda	.948	.546*
Fragilidad	.756	.001
Actividad física	.901	.084*

Nota. W= Estadístico; p = Significancia; *= Distribución normal

Correlación entre IMME y otras variables

1. Fuerza de prensión manual: Se observó una correlación positiva significativa ($r = 0.503$, $p = 0.047$), lo que indica que un mayor IMME se asocia con una mayor fuerza de prensión manual (Cuadro 2).
2. Agilidad y equilibrio dinámico: No se encontró correlación significativa entre el IMME y la agilidad y equilibrio dinámico ($r = 0.249$, $p = 0.353$).
3. Fuerza en miembros inferiores: La prueba de sentarse y levantarse de la silla mostró una correlación positiva significativa con el IMME ($r = 0.499$, $p = 0.049$), indicando que los participantes con mayor IMME presentaron mejor fuerza en extremidades inferiores.
4. Fuerza en miembros superiores: La flexión de brazo presentó una correlación positiva significativa con el IMME ($r = 0.576$, $p = 0.019$), lo que sugiere que un mayor porcentaje de masa muscular está asociado con mayor fuerza en extremidades superiores (Cuadro 3).
5. Resistencia aeróbica: No se observó correlación significativa entre el IMME y los resultados de la prueba de dos minutos de marcha ($r = 0.317$, $p = 0.232$).
6. Flexibilidad: Las pruebas de flexión del tronco ($r = 0.010$, $p = 0.970$) y juntar manos tras la espalda ($r = 0.006$, $p = 0.983$) no mostraron correlación significativa con el IMME, indicando que esta variable no influye en la flexibilidad.

Cuadro 2. Correlación entre IMME y fuerza de prensión manual

		IMME	Fuerza de prensión manual
IMME	Coefficiente de correlación	1	.503
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)		.047
Fuerza de prensión manual	Coefficiente de correlación	.503	1
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)	.047	

Nota. IMME = Índice de masa muscular esquelética

Cuadro 3. Correlación entre IMME y sentarse y levantarse de la silla

		IMME	Sentarse y levantarse de la silla
IMME	Coefficiente de correlación	1	.499
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)		.049
Sentarse y levantarse de la silla	Coefficiente de correlación	.499	1
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)	.049	

Nota. IMME = Índice de masa muscular esquelética

Estos resultados destacan la asociación entre el IMME y la fuerza muscular, tanto en extremidades superiores como inferiores, mientras que no se evidenció relación con la resistencia aeróbica ni la flexibilidad. No se presentó correlación entre la AF y el IMME (Cuadro 4).

Cuadro 4. Correlación entre IMME y actividad física

		IMME	AF
IMME	Coefficiente de correlación	1	-.170
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)		.528
AF	Coefficiente de correlación	-.170	1
	Rho de Spearman		
	Sig. (bilateral)	.528	

Nota. IMME = Índice de masa muscular esquelética; AF = Actividad física

DISCUSIÓN

Se obtuvieron resultados significativos sobre la relación entre el índice de masa muscular esquelética (IMME) y la función física en esta población. Estos hallazgos coinciden con lo que han reportado varios autores sobre la importancia de la masa muscular para el mantenimiento de la movilidad y la independencia en la vejez. Por ejemplo, Cadore y Rodríguez-Mañas (2014) subrayan que la masa muscular esquelética es un predictor clave de la capacidad funcional en los adultos mayores, ya que los músculos son esenciales para realizar las actividades cotidianas, como caminar, levantarse de una silla o subir escaleras. De acuerdo con estos autores, la preservación de la masa muscular es uno de los factores más importantes para prevenir la discapacidad física y la dependencia en este grupo de población. Por otro lado, Ávila-Funes y Gutiérrez-Robledo (2011) enfatizan que la sarcopenia, que implica la pérdida progresiva de masa muscular, está estrechamente relacionada con el deterioro de la función física y la fragilidad, un estado de vulnerabilidad que aumenta el riesgo de caídas y discapacidad. Estos efectos son más pronunciados cuando la masa muscular es baja, lo que contribuye a una función física reducida y a un aumento en la dependencia de los adultos mayores. La literatura también respalda la idea de que la actividad física, especialmente el entrenamiento de fuerza puede mejorar la masa muscular y, en consecuencia, la función física. Según Gómez-Cabello et al. (2012), el ejercicio regular tiene un impacto positivo en la preservación de la masa muscular en los adultos mayores, y programas de entrenamiento de fuerza específicos pueden mitigar la sarcopenia y mejorar significativamente la capacidad funcional.

La muestra de AM, con una edad promedio de 71.06 años, una talla media de 164.25 cm y un peso promedio de 79.16 kg, refleja las características sociodemográficas típicas de los AM en la región. Este estudio contribuye a este cuerpo de conocimiento, identificando asociaciones entre el IMME y la fuerza muscular, especialmente en los miembros superiores e inferiores.

Uno de los hallazgos más destacados fue la correlación positiva significativa entre el IMME y la fuerza de prensión manual ($r = 0.503$, $p = 0.047$), lo cual concuerda con estudios previos que sugieren que la masa muscular esquelética es crucial para mantener la fuerza funcional en los miembros superiores, un aspecto esencial para las actividades cotidianas de los AM (Harada et al., 2020; Sultana et al., 2019). La fuerza de prensión manual se asocia con la independencia funcional, ya que se requiere para actividades como abrir frascos, agarrar objetos o incluso moverse con mayor autonomía (Beaudart et al., 2014). La pérdida de fuerza en los adultos mayores está directamente relacionada con la sarcopenia, un proceso de pérdida muscular que afecta la calidad de vida y puede aumentar la dependencia (González et al., 2020).

Otro hallazgo relevante fue la correlación positiva significativa entre el IMME y la fuerza en los miembros inferiores, medida a través de la prueba de sentarse y levantarse de la silla. Este resultado subraya la importancia de la masa muscular en la preservación de la movilidad funcional y la prevención de caídas, factores clave en el envejecimiento saludable (Cruz-Jentoft et al., 2019). De hecho, investigaciones realizadas en población sinaloense han reportado que la pérdida de fuerza en los miembros inferiores es un factor determinante para la fragilidad y las caídas en los AM, lo que resalta la importancia de estos resultados en el contexto local (Méndez et al., 2021).

En cuanto a la relación entre IMME y flexión de brazo ($r = 0.576$, $p = 0.019$), nuestros resultados están en línea con investigaciones que indican que el mantenimiento de la masa muscular en los miembros superiores está asociado con una mayor capacidad para realizar actividades de la vida diaria, como vestirse o levantarse de una silla (Kim et al., 2020). Esto resulta particularmente importante en los AM, ya que la pérdida de masa muscular en estas áreas puede generar una dependencia funcional significativa (Rodríguez-Rodríguez et al., 2022).

Por otro lado, los resultados de este estudio no encontraron una correlación significativa entre el IMME y la agilidad y equilibrio dinámico ($r = 0.249$, $p = 0.353$), lo que sugiere que la masa muscular por sí sola no es suficiente para influir directamente en la capacidad de equilibrio en los AM. La agilidad y el equilibrio son factores multifactoriales que incluyen aspectos neurológicos y sensoriales, como la propiocepción y la coordinación motora (Beaudart et al., 2014). Estos hallazgos coinciden con estudios previos que han indicado que el entrenamiento de fuerza, por sí solo, no mejora necesariamente el equilibrio a menos que se complemente con ejercicios específicos de equilibrio (González et al., 2020).

Asimismo, la falta de correlación entre IMME y la resistencia aeróbica ($r = 0.317$, $p = 0.232$), medida mediante la prueba de dos minutos de marcha, respalda la idea de que la masa muscular no influye significativamente en la capacidad aeróbica. La resistencia aeróbica está más vinculada a la función cardiovascular y pulmonar, donde factores como la capacidad cardiorrespiratoria pueden ser más determinantes para esta capacidad física (Sultana et al., 2019). De igual manera, la flexibilidad, que no mostró correlaciones significativas con el IMME (flexión del tronco, $r = 0.010$, $p = 0.970$; juntar manos tras la espalda, $r = 0.006$, $p = 0.983$), parece estar influenciada más por la elasticidad de los tejidos y la movilidad articular, que por la masa muscular esquelética (Buchbinder et al., 2017).

Estos hallazgos revelan la necesidad de un enfoque multifacético para mejorar la funcionalidad en la vejez, que incluya no solo el mantenimiento de la masa muscular, sino también ejercicios de equilibrio, flexibilidad y resistencia aeróbica. Estos hallazgos ofrecen información valiosa para futuras intervenciones de salud pública y programas de ejercicio para adultos mayores, especialmente en contextos regionales como Sinaloa, donde la prevalencia de la fragilidad y la sarcopenia es alta (Méndez et al., 2021).

Algunas limitaciones del estudio, por ser un diseño no experimental y transversal, solo es posible observar las relaciones entre las variables en un único punto en el tiempo, lo que impide establecer causalidad. Además, considerando la importancia de la dieta, el no evaluar la alimentación en los participantes, no fue posible observar la relación del IMME con factores nutricionales.

Para superar estas limitaciones, se recomienda realizar un estudio longitudinal para identificar relaciones causales entre las variables y observar su evolución a lo largo del tiempo. Sería importante considerar patrones dietéticos y factores contextuales, como el entorno social y económico, que pueden influir en las conductas relacionadas con la actividad física y la fragilidad, lo que ayudaría a desarrollar intervenciones más efectivas y personalizadas en futuras investigaciones.

CONCLUSIONES

Este estudio refuerza la relevancia de la masa muscular esquelética (IMME) en la función física de los adultos mayores, especialmente en lo que respecta a la fuerza en los miembros superiores e inferiores, lo cual es esencial para la autonomía y la prevención de caídas. Los resultados muestran que el IMME está estrechamente relacionado con la fuerza muscular, particularmente en las extremidades, lo que subraya la importancia de mantener una adecuada masa muscular para preservar la funcionalidad y la independencia en esta población. Sin embargo, se observó que otros factores, como la agilidad, el equilibrio y la resistencia aeróbica, no se vieron significativamente influenciados por el IMME. Estos hallazgos proporcionan información valiosa para entender la relación entre la masa muscular y diversas capacidades físicas, aunque indican que el IMME no es un indicador único para evaluar todos los aspectos del funcionamiento físico.

El IMME se presenta como un marcador clave para evaluar la fuerza muscular en adultos mayores, destacando su relevancia en las extremidades superiores e inferiores. La relación entre el IMME y las pruebas de fuerza (como la prensión manual, sentarse y levantarse de la silla, y la flexión de brazo) subraya la importancia de conservar y, si es posible, aumentar la masa muscular para optimizar la función física. Sin embargo, es necesario realizar un análisis más detallado de factores como la agilidad, el equilibrio y la flexibilidad, con el fin de comprender mejor cómo se interrelacionan con el IMME y su impacto en la salud funcional de los adultos mayores.

Este estudio tiene implicaciones significativas para el diseño de intervenciones y programas de salud pública, especialmente en regiones como Sinaloa, donde el envejecimiento poblacional está en aumento. Los datos obtenidos podrían ser utilizados para desarrollar políticas públicas que fomenten la actividad física y el mantenimiento de la masa muscular en los adultos mayores, con el fin de prevenir la fragilidad, la discapacidad y las caídas. Además, estos hallazgos pueden contribuir al desarrollo de pautas y recomendaciones específicas para la evaluación de la composición corporal en esta población, promoviendo un envejecimiento saludable y activo.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Ávila-Funes JA y Gutiérrez-Robledo LM. 2011. Fragilidad y sarcopenia. Medicina Interna de México. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0026-17422011000500003&script=sci_arttext
- Beaudart C, McCloskey E, Bruyere O, Cesari M, Rolland Y, Rizzoli R, de Carvalho I, Thiagarajan JA, Bautmans I, Bertiè MC, Brandi ML, Al-Daghri N, Burlet N, Cavalier E, Carreta F, Cherubini A, Fielding R, Gielen E, Landi F, ... Cooper C. 2016. Sarcopenia in daily practice: Assessment and management. BMC Geriatrics. <https://doi.org/10.1186/s12877-016-0349-4>
- Buchbinder R, van Tulder M, Öberg B, Costa L M, Woolf A, Schoene M, Croft P and Lancet Low Back Pain Series Working Group. 2018. Low back pain: A call for action. The Lancet. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)30488-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)30488-4)
- Cadore EL y Rodríguez-Mañas L. 2014. El ejercicio físico en el anciano frágil: una actualización. Revista Española de Geriatria y Gerontología. <https://doi.org/10.1016/j.regg.2013.09.006>
- Cesari M, Gambassi G, Abellan van Kan G and Vellas B. 2015. Physical frailty: Ageing, Sarcopenia and Disability. European Geriatric Medicine. <https://doi.org/10.1016/j.eurger.2014.07.004>

- Chen LK, Woo J, Assantachai P, Auyeung TW, Chou MY, Iijima K and Morley JE. 2020. Asian Working Group for Sarcopenia: 2019 Consensus update on sarcopenia diagnosis and treatment. *Journal of the American Medical Directors Association*. <https://doi.org/10.1016/j.jamda.2019.12.012>
- Cruz-Jentoft AJ, Bahat G, Bauer JM, Boirie Y, Cederholm T, Landi F and Zamboni M. 2019. Sarcopenia: Revised European Consensus on definition and diagnosis. *Age and Ageing*. <https://doi.org/10.1093/ageing/afy169>
- Dent, E., Morley JE, Cruz-Jentoft AJ, Woodhouse L, Rodríguez-Mañas L, Fried LP and Vellas, B. (2019). Physical frailty: ICF SR international clinical practice guidelines for identification and management. *The Journal of Nutrition, Health y Aging*. <https://doi.org/10.1007/s12603-019-1273-z>
- Gómez-Cabello A, Ara I, González-Agüero A, Casajús JA y Vicente-Rodríguez G. 2012. Envejecimiento y composición corporal: la obesidad sarcopénica en España. *Nutrición Hospitalaria*, 27(1): 22–30.
- González J, López M y Ramos V. 2020. Sarcopenia y fragilidad en adultos mayores: Revisando la evidencia científica en México. *Revista Mexicana de Geriatria*. <https://doi.org/10.1016/j.rmg.2020.07.003>
- Hall JA, Ochoa PY y Muñoz JJ. 2014. Nivel de actividad física en estudiantes de la Universidad de Colima. *e-Motion: revista de educación, motricidad e investigación*. <https://doi.org/10.33776/remo.v0i2.2372>
- Harada K, Kikuchi H and Yamaguchi T. 2020. Effects of strength training on physical function and muscle mass in elderly individuals: A systematic review. *Journal of Geriatric Physical Therapy*. <https://doi.org/10.1519/JPT.000000000000195>
- INEGI. 2020. Estadísticas a propósito del día mundial de la población. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. Recuperado de <https://www.inegi.org.mx>
- Kim SY, Kim DH and Kim KH. 2020. Association between muscle mass and physical performance in older adults: A systematic review and meta-analysis. *Journal of the American Geriatrics Society*. <https://doi.org/10.1111/jgs.16702>
- Kyle UG, Bosaeus I, De Lorenzo AD, Deurenberg P, Elia M, Gómez JM and Melchior JC. 2004. Bioelectrical impedance analysis—part II: utilization in clinical practice. *Clinical Nutrition*. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2004.09.012>
- Landi F, Calvani R, Tosato M, Martone AM, Ortolani E, Saveria G and Bernabei R. 2018. Age-related variations of muscle mass, strength, and physical performance in community-dwellers: Results from the longevity check-up 7+ project. *Journal of the American Medical Directors Association*. <https://doi.org/10.1016/j.jamda.2017.10.003>
- Maher C, Underwood M and Buchbinder R. 2017. Non-specific low back pain. *The Lancet*. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(16\)30970-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(16)30970-9)
- Méndez P, Hernández F y Ruiz E. 2021. Prevalencia de la fragilidad y su relación con la masa muscular en adultos mayores de Sinaloa. *Revista Latinoamericana de Salud Pública*. <https://doi.org/10.22239/rlsp.v38i2.2345>
- Morley JE, Malmstrom TK and Miller DK. 2013. A simple frailty questionnaire (FRAIL) predicts outcomes in middle-aged African Americans. *The Journal of Nutrition, Health y Aging*. <https://doi.org/10.1007/s12603-012-0084-2>
- Roberts HC, Denison HJ, Martin HJ, Patel HP, Syddall H, Cooper C and Aihie Sayer A. 2011. A review of the measurement of grip strength in clinical and epidemiological studies: towards a standardised approach. *Age and Ageing*. <https://doi.org/10.1093/ageing/afr051>
- Rikli RE and Jones CJ. 2013. *Senior Fitness Test Manual* (2nd ed.). Human Kinetics.
- Rodríguez-Rodríguez CA, Sánchez-Muñoz E y Hernández-Vásquez A. 2022. Sarcopenia y su impacto en la calidad de vida de los adultos mayores en México: Revisión sistemática. *Salud Pública de México*. <https://doi.org/10.21149/spm.v64i3.12045>
- Sultana M, Sarker AR, Sheikh N, Akram R, Ali N, Mahumud RA and Alam NH. 2019. Prevalence, determinants and health care-seeking behavior of childhood acute respiratory tract infections in Bangladesh. *PLOS ONE*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0210433>
- Tolosa MC y Gómez-Conesa A. 2007. Validez del Cuestionario Internacional de Actividad Física (IPAQ) en adultos jóvenes en España. *Revista Internacional de Medicina y Ciencias de la Actividad Física y del Deporte*, 7(28): 119-128.

Especies de *Ramalina*, *Dirinaria* y *Lecanora* en la playa “El Maviri”: Un primer reporte

Omar Guerra-Meza¹, Lennin I. Garrido-Palazuelos², Guadalupe A. Mora-Romero³✦, Rubén Félix-Gastélum¹, Karla Y. Leyva-Madrigal³, Luis R. Sánchez-Parra³

¹ Universidad Autónoma de Occidente (UAdeO), Unidad Regional Los Mochis. Departamento Académico de Ciencias Naturales y Exactas. Blvd. Macario Gaxiola y Carretera Internacional, México 15, C.P. 81223, Los Mochis, Sinaloa, México. ² UAdeO, Unidad Regional Los Mochis. Departamento Académico de Ciencias de la Salud. ³ UAdeO, Unidad de Investigación en Ambiente y Salud.

✦ **Correspondencia:** arlene.mora@uadeo.mx

Área Temática:

Ciencias Ambientales

Recibido: 24 de noviembre, 2024

Aceptado: 15 de enero, 2025

Publicado: 28 de enero de 2025

Cita: Guerra-Meza O, Garrido-Palazuelos LI, Mora-Romero GA, et al. 2025. Especies de *Ramalina*, *Dirinaria* y *Lecanora* en la playa “El Maviri”: Un primer reporte. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2401>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: Los líquenes son asociaciones simbióticas mutualistas entre hongos y microalgas o cianobacterias que pueden prosperar en un amplio margen de ecosistemas, incluyendo aquellos con condiciones desérticas o altitudes elevadas. Debido a su sensibilidad a contaminantes atmosféricos y a su capacidad para absorber y retener elementos metálicos, éstos han sido utilizados como bioindicadores de la salud ecosistémica. A pesar de su relevancia ecológica, existe poca información respecto a la diversidad de líquenes en ciertas regiones de México, como el estado de Sinaloa. En este estudio se realizó un muestreo dirigido en la playa “El Maviri”, ubicado en el municipio de Ahome, Sinaloa, en el que se obtuvieron cinco morfotipos de líquenes. Para su identificación, se extrajo su ADN mediante el método CTAB, se amplificó la región ITS y se realizó un análisis filogenético mediante el método de Máxima Verosimilitud. En el análisis, tres muestras se identificaron como *Ramalina* sp., dos de ellas formaron un clado hermano a *R. complanata* y una a *R. stenospora*. Por otra parte, una muestra se identificó como *Dirinaria consimilis*, mientras que la última muestra se identificó como *Lecanora* sp., misma que formó un clado cercano a *L. argopholis*. Estos resultados enfatizan la importancia de la playa “El Maviri” como un hábitat para la diversidad de líquenes, sin embargo, se necesitan más estudios para explorar los roles ecológicos de estas especies, así como evaluar su potencial para fines médicos o biotecnológicos.

Palabras clave: Líquen, identificación molecular, *Ramalina*, *Dirinaria*, *Lecanora*

Abstract: Lichenized fungi are a part of lichen symbiotic associations, in which a fungus and a microalgae or cyanobacteria form a mutually beneficial relationship. This relationship allows lichenized fungi to thrive in a wide range of environments, including extreme conditions such as deserts and high altitudes. Due to their sensibility to atmospheric pollutants and their ability to absorb and retain metallic elements, they have been used as bioindicators of the ecosystem health. Despite their ecological significance, little is known about the species diversity of lichenized fungi in certain regions of México, such as the state of Sinaloa. In this study, a directed sampling was performed in “El Maviri” beach, located in the municipality of Ahome, Sinaloa, in which five lichen morphotypes were obtained. For their identification, their DNA was extracted through the CTAB method, the ITS region was amplified and a phylogenetic analysis was performed using the Maximum Likelihood method. In the analysis, three samples were identified as *Ramalina* sp., where two of them formed a sister clade with *R. complanata* and one with *R. stenospora*. On the other hand, one sample was identified as *Dirinaria consimilis*, while the last sample was identified as *Lecanora* sp., which formed a sister clade with *L. argopholis*. These findings emphasize the importance of “El Maviri” beach as a habitat for lichen diversity. Further studies should be conducted to explore the potential ecological roles of these lichen species and to assess their potential for medicinal or other practical uses.

Keywords: Lichenized fungi, molecular identification, *Ramalina*, *Dirinaria*, *Lecanora*.

INTRODUCCIÓN

Los líquenes se definen como sistemas simbióticos autosustentables derivados de la interacción mutualista entre hongos y algas, conocidos como micobiontes y fotobiontes, respectivamente (Muggia y Grube, 2018). También, se describen como ecosistemas complejos que son hospederos de múltiples microorganismos, tales como bacterias, algas verdes, diatomeas, cianobacterias y otros hongos liquenizados asociados como parásitos, saprófitos o comensales (Cardinale *et al.*, 2008; Lawrey y Diederich, 2003; Moya *et al.*, 2017; Zachariah y Varghese, 2018).

Esta diversidad microbiana influye en la condición y la función de las comunidades de líquenes. Por ejemplo, las microalgas y cianobacterias contribuyen a la actividad fotosintética de líquenes, que les provee de energía a través de la producción de carbohidratos (Grimm *et al.*, 2021). Por otra parte, las diatomeas contribuyen a su integridad estructural de los líquenes a través de la formación de corazas silíceas que protegen al organismo del estrés ambiental (Brochhardt *et al.*, 2017). Por otra parte, algunos hongos liquenizados pueden actuar como parásitos, alimentándose de los nutrientes y los recursos de los líquenes, ocasionando su debilitamiento y su muerte potencial. Sin embargo, otros hongos presentan una relación simbiótica mutualista. Esta interacción es fundamental para la supervivencia de muchos líquenes, ya que les permite adaptarse a diferentes condiciones ambientales y aumentar su capacidad de colonización (Lawrey y Diederich, 2003). El hongo aporta nutrientes adicionales, ayudándolo a crecer y reproducirse de manera más eficiente. Además, puede proteger al líquen de posibles depredadores o patógenos, lo que aumenta su longevidad y su capacidad de dispersión (Grube, 2010; Magyar *et al.*, 2016). La relación simbiótica entre ciertos hongos y los líquenes es esencial para mantener el equilibrio ecológico en los ecosistemas donde habitan.

Estos organismos son un grupo cosmopolita que pueden encontrarse en diferentes microhábitats y microclimas dependiendo del taxón o grupo de taxones a los que pertenecen (Galloway, 1992). Los líquenes son considerados extremistas debido a su habilidad para crecer en ambientes extremos, así como desiertos secos, cálidos y fríos (Herrera-Campos *et al.*, 2014; Knudsen *et al.*, 2017). Algunos hongos liquenizados prefieren habitar líquenes de regiones árticas, en donde lo protegen de las temperaturas frías extremas (Etayo *et al.*, 2023). Otros se desarrollan en bosques tropicales, donde contribuyen a la retención de la humedad y previenen la desecación del líquen (Lücking, 1999). Además, pueden crecer en diferentes sustratos como rocas, costras del suelo, detritus, corteza de árboles o arbustos e, incluso, cemento, plástico y vidrio; también, presentan distintos tipos de crecimiento, como incrustante, el folioso y el fruticoso, las cuales son las formas más prevalentes (Shukla *et al.*, 2013). Por consiguiente, los hábitats en los que los líquenes se encuentran influyen su morfología, permitiendo la formación de diferentes estructuras, tamaños y colores (Hawksworth, 1988).

Adicionalmente a su adaptabilidad y sus beneficios ecológicos, se ha observado que los líquenes presentan una relación con la calidad del aire. Debido a su sensibilidad a contaminantes industriales y atmosféricos, así como a su habilidad para acumular metales y otros contaminantes en su talo, los líquenes han sido utilizados como bioindicadores para evaluar la salud ecosistémica y el impacto de las actividades antropogénicas en el ambiente (Bergamini *et al.*, 2005; McCune *et al.*, 2018; Benítez *et al.*, 2019). Sin embargo, distintas especies de líquenes han mostrado capacidades diferentes para absorber o tolerar contaminantes (Asplund y

Wardle, 2016). Esto resalta la importancia de su identificación, convirtiéndose en un paso esencial previo al uso de estos organismos para monitorear un área.

A nivel mundial, se estima que se han descrito más de 20,000 especies de líquenes (Hawksworth y Lücking, 2017). En México, la investigación sobre la diversidad de líquenes se encuentra en crecimiento y se estima que existen alrededor de 2,833 *taxa*, que incluyen 2,722 especies y 111 categorías infraespecíficas, siendo el grupo de los ascomicetes más diverso en comparación con el de los basidiomicetes (Herrera-Campos *et al.*, 2014). Actualmente, existe poca información respecto a las especies de líquenes presentes en Sinaloa y no existen estudios extensos en donde se estime su diversidad y distribución (Ponce de León, 1908; Culberson, 2002). Esta falta de conocimiento representa una barrera para el entendimiento de la biodiversidad de líquenes en la región. Debido a que estos organismos son importantes indicadores de la salud ambiental, se considera esencial llevar a cabo más estudios. Por lo tanto, el objetivo del presente estudio fue identificar molecularmente especies de líquenes en la playa “El Maviri”, Sinaloa, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

La zona turística “La playa El Maviri” (25°34′47.1 N - 109°6′57.24 O) está localizada en el municipio de Ahome al norte de Sinaloa, entre la Bahía de Topolobampo y el Mar de Cortés, y presenta aproximadamente 2 km de costa. El terreno es plano con la presencia de montañas con elevaciones ligeras. La vegetación del área se compone mayoritariamente de herbáceas, arbustos, chaparrales y vegetación tropical, por ejemplo, mangles y palmas. El tipo de clima es cálido-seco y su temperatura promedio es de 33°C la mayor parte del año (INFAED, 1988).

Toma de muestras

Se llevó a cabo un muestro dirigido durante marzo del 2021 en el que se obtuvieron cinco morfotipos de líquenes. Las muestras se recolectaron de arbustos utilizando un cuchillo para cortar las ramas y fueron transportadas en bolsas de papel al Laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular de la Universidad Autónoma de Occidente en Los Mochis, Sinaloa, México. Las muestras se secaron al aire y se almacenaron a 25°C previo a la extracción de ADN. El mapa del área de estudio se muestra en la Figura 1, y las coordenadas de los sitios de muestreo se encuentran en la Cuadro 1.

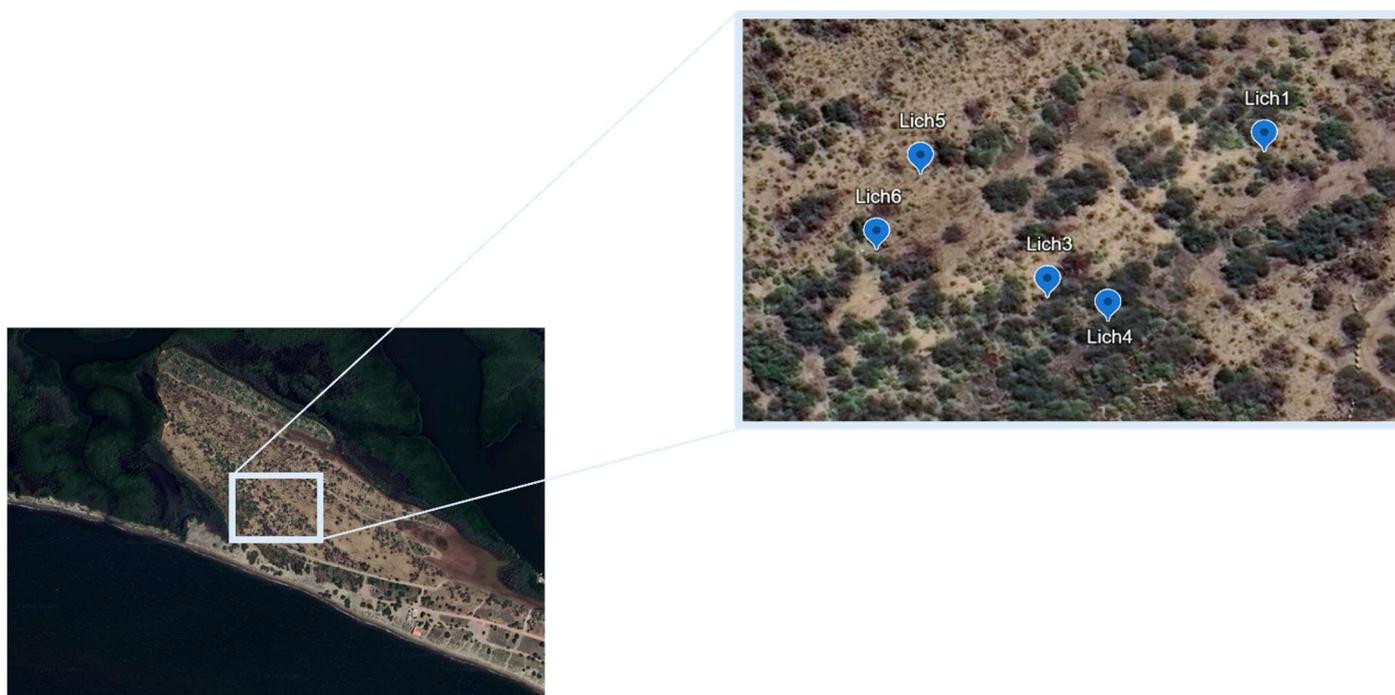


Figura 1. Mapa del área de estudio. En la imagen se presentan los sitios de muestreo y los nombres correspondientes a cada aislado.

Cuadro 1. Número de muestras y coordenadas de los sitios de muestreo. Se muestran las cinco muestras que fueron analizadas con su correspondiente coordenada.

Muestra	Coordenadas
Lich1	25°35'05.30 N - 109°07'33.90 O
Lich3	25°32'07.19 N - 109°07'34.58 O
Lich4	25°32'07.19 N - 109°07'34.58 O
Lich5	25°35'08.41 N - 109°07'33.66 O
Lich6	25°35'9.89 N - 109°07'35.92 O

Métodos de extracción de ADN y PCR

El ADN genómico se extrajo mediante el método CTAB (Doyle, 1991), en el que se utilizaron 100 mg de cada muestra. Para visualizar la calidad del ADN se realizó una electroforesis en un gel de agarosa al 1% elaborado con Buffer TAE 1X (Tris-actetate-EDTA 0.5 M pH 8.0) y teñido con bromuro de etidio ($C_{21}H_{20}BrN_3$). Las muestras se corrieron a 85V, 25 m/A por 35 min, y se visualizaron en un fotodocumentador Gel DocTM XR (BIORAD). Para la identificación molecular, las regiones ITS fueron amplificadas utilizando el par de cebadores ITS1 (5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3') e ITS4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC-

3') (Martin y Rygiewicz, 2005). El PCR se llevó a cabo en un termociclador Apollo ATC-201 (Nyx Technik, San Diego, California, EUA). La reacción de PCR constó de un volumen de 25 μL , el cual contenía 1 μL de templado de ADN (1:10), 2.5 μL de solución Buffer 10X, 1 μL de MgCl_2 1.5 mM, 0.5 μL de dNTPS 10 mM, 0.5 μL de cada cebador 10 mM, 0.2 μL de Taq ADN Polimerasa (Invitrogen) y 18.8 μL H_2O Ultra Pura. Las condiciones para las amplificaciones consistieron de una desnaturalización inicial de 5 min a 95°C, seguido de 35 ciclos de 40 s a 95°C, un alineamiento de 45 s a 57°C, una extensión de 45 s a 72°C, y una extensión final de 5 min a 72°C. Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis y se visualizaron de acuerdo a la metodología descrita previamente.

Análisis filogenético

Los productos de PCR se secuenciaron unidireccionalmente en MacroGen Inc, en Seúl, Corea del Sur. Las secuencias de ADN fueron editadas en el programa BioEdit 7.2.5 (Hall, 1999) y los alineamientos se llevaron a cabo con el algoritmo MUSCLE (Edgar, 2004) implementado en el programa Mega 11, utilizando secuencias de referencia de todas las especies reportadas para cada uno de los géneros identificados, así como secuencias de grupos externos para enraizar los filogramas. Las secuencias de referencia fueron recuperadas de Pérez-Ortega *et al.* (2010), Hayward *et al.* (2014), Lee y Hur (2020), Rangsiruji *et al.* (2020), Arup *et al.* (2023), Li *et al.* (2023) y Park *et al.* (2023) (Cuadro 2 en anexo). El árbol filogenético se construyó por el método de Máxima Verosimilitud, utilizando el modelo General Time Reversible con distribución gama (cuatro categorías) y sitios invariantes (GTR + G + I). La topología del árbol se evaluó con 1000 réplicas bootstrap y se editó en FigTree 1.4.0.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este estudio, cinco hongos liquenizados fueron identificados mediante la amplificación del marcador ITS. El tamaño de los amplicones osciló entre 500 y 600 pb. Las secuencias de los organismos identificados fueron depositadas en la base de datos GenBank (Cuadro 2 en Anexo). Las morfologías observadas durante el muestreo se muestran en la Figura 2. En cuanto a los aislados de *Ramalina*, la comparación de secuencias en la base de datos GenBank reveló un 96.4% de identidad de los aislados Lich1 y Lich3 con *Ramalina complanata* y un 95.7% de identidad entre el aislado Lich6 y *R. peruviana*. Sin embargo, en el análisis filogenético, los aislados Lich1 y Lich3 se agruparon en un cluster independiente con un alto valor de soporte *bootstrap* (100%), formando un clado hermano con *R. complanata*, mientras que la cepa Lich6 se agrupó con *R. stenospora* (MN954853.1) con un alto valor de soporte *bootstrap* (85%), indicando una cercana relación genética entre las especies (Figura 3).

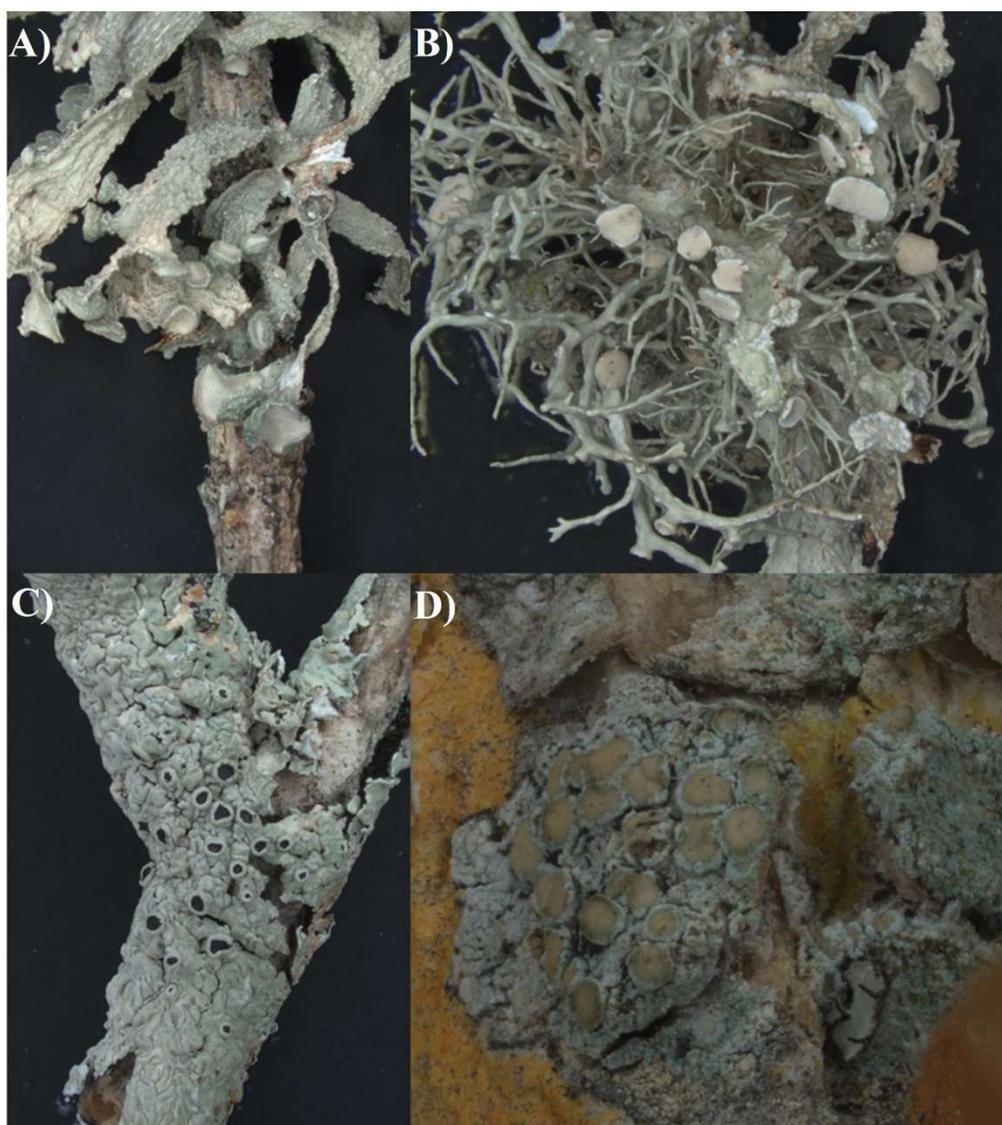


Figura 2. Líquenes identificados en el presente estudio. **A.** *Ramalina* sp. (Lich1 y Lich3) **B.** *Ramalina* sp. (Lich6) **C.** *Dirinaria consimilis* (Lich4) **D.** *Lecanora* sp. (Lich5).

Por otra parte, el aislado Lich4 mostró un 97.1% de identidad con *Dirinaria consimilis*. Esto se confirmó a través del análisis filogenético, en el que formó un clado con las secuencias de referencia de dicha especie (*bootstrap* 100%) (Figura 4). En cuanto a Lich5, la comparación de secuencias en la base de datos GenBank reveló un 86.1% de identidad con el orden Lecanorales. En el árbol filogenético, la cepa formó un clado independiente cercano a *Lecanora argopholis* (*bootstrap* 100%) (Figura 5). De acuerdo al análisis, Lich1, Lich3 y Lich6 fueron identificados como *Ramalina* sp., Lich4 como *D. consimilis* y Lich5 como *Lecanora* sp.

Los líquenes son conocidos por sus complejas interacciones mutualistas con hongos, algas y cianobacterias (Morillas *et al.*, 2022). Estos organismos se encuentran en diversos hábitats, incluyendo ambientes terrestres, dulceacuícolas y marinos, además, poseen funciones ecológicas importantes, así como contribuir

en la formación de suelos y en la fijación de nitrógeno. Adicionalmente, proveen hábitat y nutrición para numerosas especies (Asplund y Wardle, 2016; Grimm *et al.*, 2021; Ellis *et al.*, 2021). Además, los líquenes han sido utilizado para diversos propósitos, incluyendo la producción de tintes, fármacos y sustancias comestibles (Elkhateeb *et al.*, 2021; Shah *et al.*, 2024; Räisänen, 2023).



Figura 3. Árbol filogenético de especies de *Ramalina* generado a través del Método de Máxima Verosimilitud. La escala representa el número promedio de sustitución por sitio. Se muestran los valores *bootstrap* $\geq 50\%$. Los aislados evaluados se encuentran resaltados y en negritas.

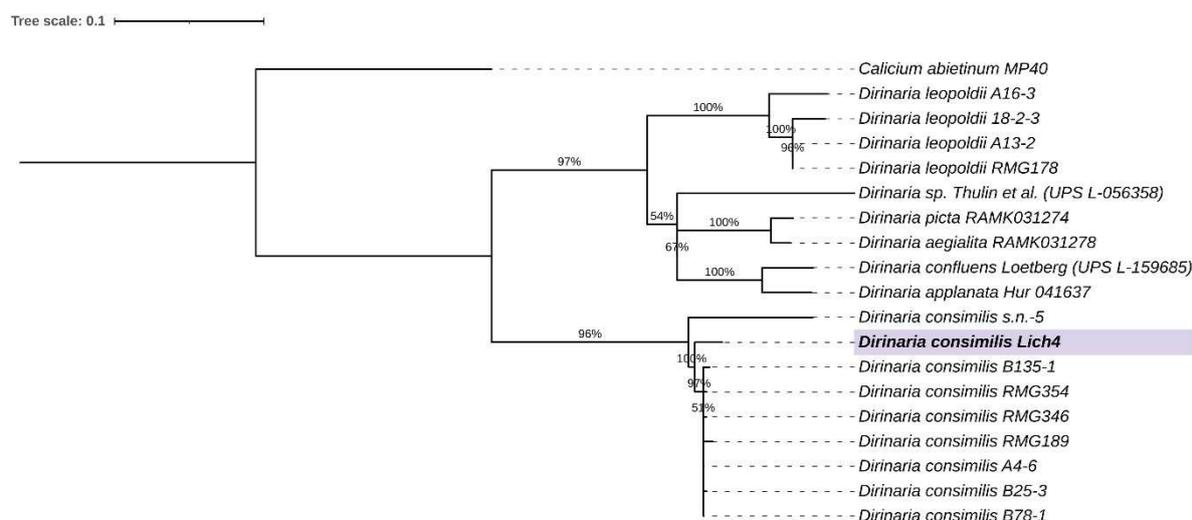


Figura 4. Árbol filogenético de especies de *Dirinaria* generado a través del Método de Máxima Verosimilitud. La escala representa el número promedio de sustituciones por sitio. Se muestran los valores *bootstrap* $\geq 50\%$. Los aislados evaluados se encuentran resaltados y en negritas.

A pesar del interés creciente en la identificación de líquenes en México, aún existe escasa información sobre el uso de técnicas moleculares, como secuenciación de ADN, para alcanzar una comprensión integral de la diversidad de líquenes en el país. Esta falta de información no sólo impide el progreso del área, sino que afecta el potencial para nuevos descubrimientos. En este estudio, la identificación de cinco hongos liquenizados se logró mediante la amplificación de la región ITS, un acercamiento ampliamente aceptado para la identificación de hongos (Schoch *et al.*, 2012). Este método permite discernir especies genéticamente cercanas y provee valiosas perspectivas sobre sus relaciones evolutivas en comparación con la identificación morfológica y química (Raja *et al.*, 2017; Tekpinar y Kalmer, 2019).

En el presente estudio, tres especímenes de hongos liquenizados recolectados de la playa “El Maviri” fueron identificados como *Ramalina* sp., dos de ellos, filogenéticamente cercanos a *R. complanata* (Lich1 y Lich3), y uno cercano a *R. stenospora* (Lich6). Las especies de *Ramalina* son reconocidas por su distribución cosmopolita, que incluye costas rocosas, acantilados y zonas de litoral. Este género también se reconoce por incluir especies endémicas o geográficamente específicas (LaGreca *et al.*, 2020; Spjut *et al.*, 2020; Poncet *et al.*, 2021). En México, las especies de *Ramalina* han sido descritas en distintos estados, así como Baja California (Bowler y Rundel, 1973), Guanajuato (Puy-Alquiza *et al.*, 2018), Morelos (Sánchez-Girón *et al.*, 2023), Puebla (Pérez-Pérez *et al.*, 2024) Sonora (Kashiwadani y Nash, 2002), y Veracruz (Córdova-Chávez, 2016), entre otros. Sin embargo, en el estado de Sinaloa los estudios sobre líquenes son escasos. Entre los pocos reportes disponibles, destaca el conducido por Bowler y Rundel (1972) donde la especie *Ramalina sinaloensis* fue descrita en el municipio de Elota.

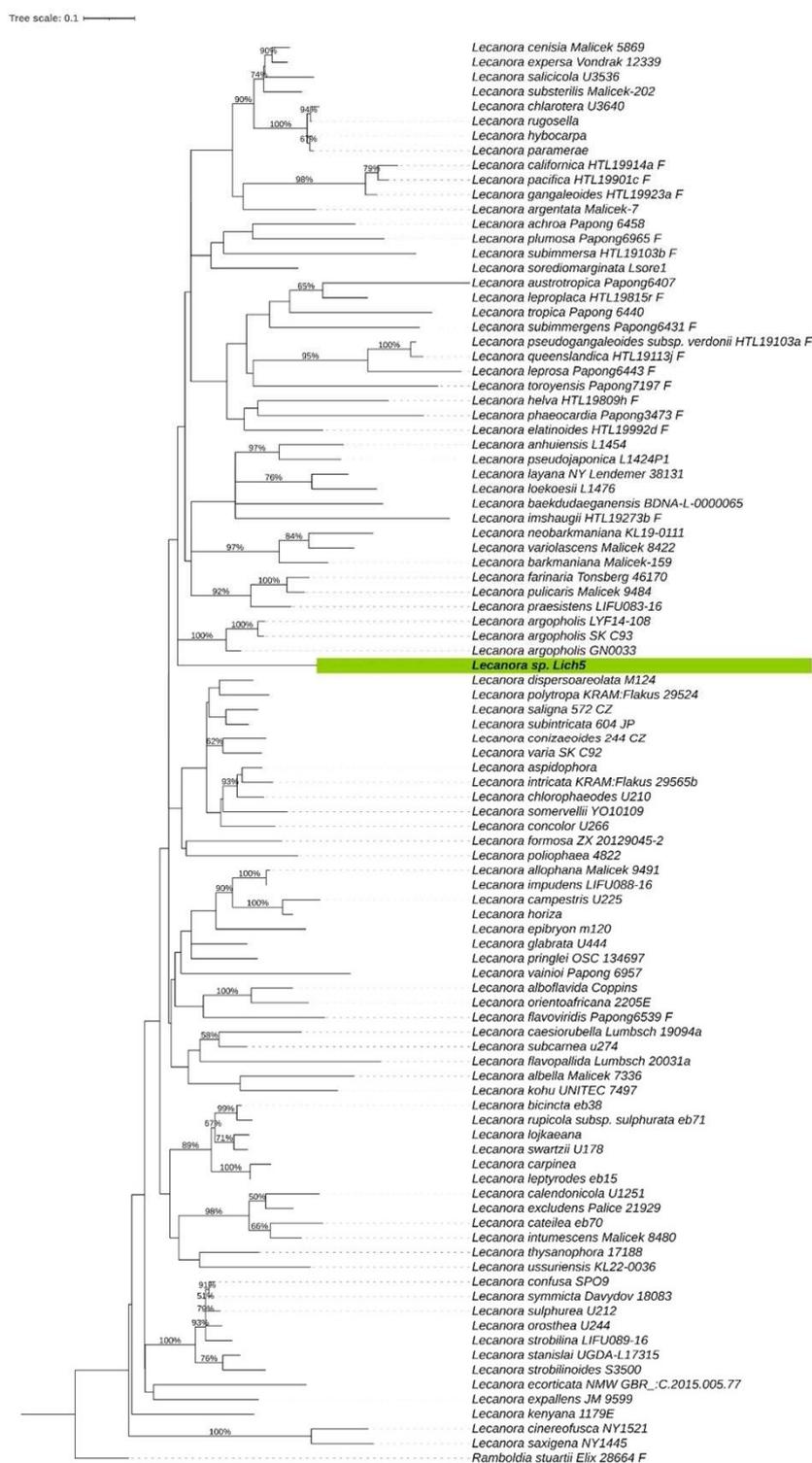


Figura 5. Árbol filogenético de especies de *Lecanora* generado a través del Método de Máxima Verosimilitud. La escala representa el número de sustituciones promedio por sitio. Se muestran los valores *bootstrap* $\geq 50\%$. Los aislados evaluados se encuentran resaltados y en negritas.

Dirinaria consimilis fue otra especie identificada en este estudio. Ésta es conocida por su habilidad para tolerar condiciones ambientales desfavorables, así como altos niveles de contaminación atmosférica (Shukla *et al.*, 2013). Esta especie ha sido encontrada en zonas urbanas con altos niveles de contaminación,

así como en zonas prístinas (Balaji y Hariharan, 2013; Thakur *et al.*, 2022). Esto sugiere que *D. consimilis* posee adaptaciones únicas que le permite sobrevivir y desarrollarse tanto en ambientes contaminados como no contaminados. En México, las especies de *Dirinaria* han sido identificadas en distintas zonas, por ejemplo, Chiapas (Sipman y Wolf, 1998), Jalisco (Miranda-González *et al.*, 2023), Puebla (Pérez-Pérez *et al.*, 2024) y Veracruz (Guzmán *et al.*, 2021). Este género también ha sido reportado en las áreas de transición desértica de Baja California, Sonora y Sinaloa (Nash *et al.*, 2002).

Además, Lich5 fue identificado como *Lecanora* sp., un género caracterizado por incluir a especies de líquenes crustosos descritos en su mayoría en ambientes templados o fríos (Dos Santos *et al.*, 2023). En México, especies de *Lecanora* han sido reportadas en Aguascalientes (Miguel-Vázquez *et al.*, 2021), Morelos (Sánchez *et al.*, 2023), Oaxaca (León-González y Pérez-Pérez, 2020) y Sonora (Nash y Hertel, 1997).

Por otra parte, los aislados de *Ramalina* y *Lecanora* no pudieron ser identificadas hasta la categoría de especie. Esto sugiere que podría haber especies sin descripción dentro del género o que el análisis requiere de diferentes marcadores moleculares para determinar las especies exactas de estos hongos liquenizados. Por ejemplo, algunos estudios han incluido marcadores como mtSSU, LSU, *RPB1* y *RPB2* para la identificación de especies de *Ramalina* (Kistenich *et al.*, 2018; LaGreca *et al.*, 2020), así como mtSSU y LSU para especies dentro del género *Lecanora* (Ivanovich *et al.*, 2021; Park *et al.*, 2022; Li *et al.*, 2023).

En general, la identificación de líquenes es crucial para comprender sus roles ecológicos y sus contribuciones al funcionamiento ecosistémico. Adicionalmente, es importante para los esfuerzos de conservación ya que ciertas especies de podrían ser raras o encontrarse en alguna categoría de riesgo. Por ello, futuras investigaciones deberían enfocarse en desarrollar nuevos métodos para la identificación y caracterización de la diversidad y distribución de estos organismos. El presente trabajo representa el primer reporte de líquenes en esta región y provee datos valiosos para futuras investigaciones. Además, sus hallazgos resaltan la necesidad de realizar más estudios para comprender la importancia ecológica de estos organismos, así como sus interacciones con otros seres vivos en los ecosistemas.

CONCLUSIONES

En este estudio, cinco hongos liquenizados de la playa “El Maviri” en Sinaloa, fueron identificados. Tres especímenes fueron identificados como *Ramalina* sp., uno como *Dirinaria consumilis* y otro como *Lecanora* sp. La información obtenida servirá como base para investigaciones subsecuentes sobre las funciones ecológicas de estos hongos, misma que se considera necesaria para su preservación. Se considera crucial rastrear y examinar a estos organismos para

ganar un mayor entendimiento sobre su participación en el mantenimiento de la salud ecosistémica. Este estudio es el primer reporte de identificación molecular de líquenes en el estado de Sinaloa, México.

Contribución de los autores

OGM: Conceptualización del estudio, diseño del muestreo, ejecución del muestreo, análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito, edición y revisión; LIGP: Ejecución del muestreo, análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito; GAMR: Diseño del muestreo, análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito, edición y revisión, aprobación de la versión final del manuscrito; RFG: Análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito, edición y revisión, aprobación de la versión final del manuscrito; KYLM: Diseño del muestreo, análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito, edición y revisión, aprobación de la versión final del manuscrito; LRSP: Análisis e interpretación de datos, preparación del manuscrito, edición y revisión, aprobación de la versión final del manuscrito.

Financiamiento

Este estudio no recibió financiamiento de ninguna organización pública o privada.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad Autónoma de Occidente, en Los Mochis, Sinaloa, por permitir el desarrollo de este proyecto de investigación en sus instalaciones.

Conflicto de interés

Los autores declaran que no hay conflictos de interés.

REFERENCIAS

- Arup U, Holien H, Coppins BJ. 2023. *Lecanora caledonica* – a new species in the *Lecanora intumescens* group (Lecanoraceae) from north-western Europe. *The Lichenologist*, 55(3–4), 107–114. DOI: 10.1017/s0024282923000233
- Asplund J, Wardle DA. 2016. How lichens impact terrestrial communities and ecosystem properties. *Biological Reviews*, 92(3), 1720–1738. DOI: 10.1111/brv.12305
- Balaji P, Hariharan GN. 2013. Diversity of Macrolichens in Bolampatti II Forest Range (Siruvani Hills), Western Ghats, Tamil Nadu, India. *ISRN Biodiversity*, 2013, 1–7. DOI: 10.1155/2013/124020
- Benítez N, Medina J, Vásquez C, Loaiza T, Luzuriaga Y, Calva J. 2019. Lichens and Bromeliads as Bioindicators of Heavy Metal Deposition in Ecuador. *Diversity*, 11(2), 28. DOI: 10.3390/d11020028

- Bergamini A, Scheidegger C, Stofer S, et al. 2005. Performance of Macrolichens and Lichen Genera as Indicators of Lichen Species Richness and Composition. *Conservation Biology*, 19(4), 1051–1062. DOI: 10.1111/j.1523-1739.2005.00192.x-i1
- Borchhardt N, Schiefelbein U, Abarca N, Boy J, Mikhailyuk T, Sipman HJ, Karsten U. 2017. Diversity of algae and lichens in biological soil crusts of Ardley and King George islands, Antarctica. *Antarctic Science*, 29(3), 229–237. DOI: 10.1017/s0954102016000638
- Bowler PA, Rundel PW. 1972. A New Species of *Ramalina* from Sinaloa, Mexico. *The Bryologist*, 75(4), 574–576. DOI: 10.2307/3241213
- Bowler PA, Rundel PW. 1973. Two New Lichens (*Ramalina*) from Baja California, Mexico. *The Bryologist*, 76(1), 211–213. DOI: 10.2307/3241251
- Cardinale M, Vieira de Castro J, Müller H, Berg G, Grube M. 2008. *In situ* analysis of the bacterial community associated with the reindeer lichen *Cladonia arbuscula* reveals predominance of Alphaproteobacteria. *FEMS Microbiology Ecology*, 66(1), 63–71. DOI: 10.1111/j.1574-6941.2008.00546.x
- Córdova-Chávez O, Castillo-Campos G, Pérez-Pérez RE, García-Franco JG, da Silva-Cáceres ME. 2016. Alpha Diversity of Lichens Associated with *Quercus laurina* in a Mountain Cloud Forest at Cofre de Perote Eastern Slope (La Cortadura), Veracruz, Mexico. *Cryptogamie, Mycologie*, 37(2), 193–204. DOI: 10.7872/crym/v37.iss2.2016.193
- Culberson WL. 2002. Lichen Flora of the Greater Sonoran Desert Region—Volume 1. *The Bryologist*, 105(4), 725–725. DOI: 10.1639/0007-2745(2002)105[0725:lfotgs]2.0.co;2
- Dos Santos LA, Aptroot A, Lücking R, Cáceres MES. 2023. *Lecanora* s.lat. (Ascomycota, Lecanoraceae) in Brazil: DNA Barcoding Coupled with Phenotype Characters Reveals Numerous Novel Species. *Journal of Fungi*, 9, 415. DOI: 10.3390/jof9040415
- Doyle J. 1991. DNA Protocols for Plants. *Molecular Techniques in Taxonomy*, 283–293. DOI: 10.1007/978-3-642-83962-7_18
- Edgar RC. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5), 1792–1797. DOI: 10.1093/nar/gkh340
- Elkhateeb WA, Daba GM, Sheir D, Nguyen TD, Hapuarachchi, KK, Thomas PW. 2021. Mysterious World of Lichens: Highlights on Their History, Applications, and Pharmaceutical Potentials. *The Natural Products Journal*, 11(3), 275–287. DOI: 10.2174/2210315510666200128123237
- Ellis CJ, Asplund J, Benesperi R, et al. 2021. Functional Traits in Lichen Ecology: A Review of Challenge and Opportunity. *Microorganisms*, 9(4), 766. DOI: 10.3390/microorganisms9040766
- Etayo J, Sancho LG, Pino-Bodas R. 2023. Taxonomic and phylogenetic approach to some Antarctic lichenicolous fungi. *Mycological Progress*, 22(2). DOI: 10.1007/s11557-022-01860-7
- Galloway DJ. 1992. Biodiversity: a lichenological perspective. *Biodiversity and Conservation*, 1(4), 312–323. DOI: 10.1007/bf00693767
- Gerlach ADCL, Toprak Z, Naciri Y, Caviro EA, da Silveira, RMB, Clerc P. 2019. New insights into the *Usnea cornuta* aggregate (Parmeliaceae, lichenized Ascomycota): Molecular analysis reveals high genetic diversity correlated with chemistry. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 131, 125–137. DOI: 10.1016/j.ympev.2018.10.035
- Grimm M, Grube M, Schiefelbein U, Zühlke D, Bernhardt J, Riedel K. 2021. The Lichens' Microbiota, Still a Mystery? *Frontiers in Microbiology*, 12. DOI: 10.3389/fmicb.2021.623839
- Grube M. 2010. Die Hard: Lichens. In: Seckbach J and Grube M (eds), Symbioses and Stress. *Joint Ventures in Biology* Vol. XVII: Springer, pp. 509–523. DOI: 10.1007/978-90-481-9449-0_26
- Guzmán G, Pérez-Pérez RE, Ramírez-Juárez JA. 2021. La importancia de un jardín doméstico en la conservación de macrolíquenes cortícolas en Veracruz, México. *Madera y bosques*, 27(1), 1–10. DOI: 10.21829/myb.2021.2712068
- Hall TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.

- Hawksworth DL. 1988. The variety of fungal-algal symbioses, their evolutionary significance, and the nature of lichens. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 96(1), 3–20. DOI: 10.1111/j.1095-8339.1988.tb00623.x
- Hawksworth DL, Grube M. 2020. Lichens redefined as complex ecosystems. *New Phytologist*, 227(5), 1281–1283. DOI: 10.1111/nph.16630
- Hawksworth DL, Lücking R. 2017. Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 Million Species. *Microbiology Spectrum*, 5(4). DOI: 10.1128/microbiolspec.funk-0052-2016
- Hayward GC, Blanchon DJ, Lumbsch HT. 2014. Molecular data support *Ramalina ovalis* as a distinct lineage (Ramalinaceae, Ascomycota). *The Lichenologist*, 46(4), 553–561. DOI: 10.1017/s0024282913000947
- Herrera-Campos MDLN, Lücking R, Pérez-Pérez RE, Miranda-González R, Sánchez N, Barcenás-Peña A, Carrizosa A, Zambrano A, Ryan BD, Nash TH. 2014. Biodiversidad de líquenes en México. *Revista Mexicana De Biodiversidad*, 85, 82–99. DOI: 10.7550/rmb.37003
- Ivanovich C, Dolnik C, Otte V, Palice Z, Sohrabi M, Printzen C. 2021. A preliminary phylogeny of the *Lecanora saligna*-group, with notes on species delimitation. *The Lichenologist*, 53, 63–79. DOI: 10.1017/S0024282921000074
- Kashiwadani H, Nash TH. 2002. New species of the genus *Ramalina* (Ascomycotina: Ramalinaceae) from the sonoran desert, Mexico. *Mycotaxon*, 83, 385–389.
- Kistenich S, Timdal E, Bendiksbj M., Ekman S. 2018. Molecular systematics and character evolution in the lichen family Ramalinaceae (Ascomycota: Lecanorales). *Taxon*, 67(5), 871–904. DOI: 10.12705/675.1
- Knudsen K, Lendemer JC, Schultz M, Kocourková J, Sheard JW, Pignoli A, Wheeler T. 2017. Lichen biodiversity and ecology in the San Bernardino and San Jacinto Mountains in southern California (EUA). *Opuscula Philolichenum*, 16, 15–138.
- LaGreca S, Lumbsch HT, Kukwa M, Wei X, Han JE, Moon KH, Kashiwadani H, Aptroot A, Leavitt SD. 2020. A molecular phylogenetic evaluation of the *Ramalina siliquosa* complex, with notes on species circumscription and relationships within *Ramalina*. *The Lichenologist*, 52(3), 197–211. DOI: 10.1017/S0024282920000110
- Lawrey JD, Diederich P. 2003. Lichenicolous Fungi: Interactions, Evolution, and Biodiversity. *The Bryologist*, 106(1), 80–120. DOI: 10.1639/0007-2745(2003)106[0080:lfiab]2.0.co;2
- Lee BG, Hur JS. 2020. A new lichenized fungus, *Lecanora baekdudaeganensis*, from Corea del sur, with a taxonomic key for Corean *Lecanora* species. *MycKeys*, 70, 39–58. DOI: 10.3897/mycokeys.70.51569
- León-González D, Pérez-Pérez RE. 2020. Líquenes epífitos en *Juniperus flaccida* Schltdl. (Cupressaceae) - componente importante de los bosques templados de Oaxaca, México. *Acta Biológica Colombiana*, 25(2), 235–245. DOI: 10.15446/abc.v25n2.77238
- Li L, Zhang Y, Printzen C. 2023. Phylogeny, morphology and chemistry reveal two new multispored species in the *Lecanora subfusca* group (Lecanoraceae, Ascomycota). *MycKeys*, 99, 25–43. DOI: 10.3897/mycokeys.99.108462
- Lücking R. 1999. Folicolous lichens and their lichenicolous fungi from Ecuador, with a comparison of lowland and montane rain forest. *Willdenowia*, 29(1–2), 299–335. DOI: 10.3372/wi.29.2924
- Magyar, D., Vass, M., Li, D. (2016). Dispersal strategies of microfungi. *Fungal biology* (pp. 315–371). https://doi.org/10.1007/978-3-319-29137-6_14
- Martin KJ, Rygielwicz PT. 2005. Fungal-specific PCR primers developed for analysis of the ITS region of environmental DNA extracts. *BMC Microbiol*, 5, 28. DOI: 10.1186/1471-2180-5-28
- McCune B. 2018. Biodiversity and ecology of lichens of Katmai and Lake Clark National Parks and Preserves, Alaska. *Mycosphere*, 9(4), 859–930. DOI: 10.5943/mycosphere/9/4/10
- Miguel-Vázquez MI, Simijaca D, Pérez-Pérez RE, Ocampo G. 2021. Lichenized fungi of the arid zones of central Mexico: new records for the country and the state of Aguascalientes. *Sydowia*, 74, 15–31. DOI: 10.12905/0380.sydowia74-2021-0015
- Miranda-González R, McCune B, Moldenke AR. 2023. Lichens as material for Lepidoptera's housing: A molecular approach to a widespread and highly selective interaction. *Fungal Ecology*, 61. DOI: 10.1016/j.funeco.2022.101195

- Morillas L, Roales J, Cruz C, Munzi S. 2022. Lichen as Multipartner Symbiotic Relationships. *Encyclopedia*, 2(3), 1421–1431. DOI: 10.3390/encyclopedia2030096
- Moya P, Molins A, Martínez-Alberola F, Muggia L, Barreno E. 2017. Unexpected associated microalgal diversity in the lichen *Ramalina farinacea* is uncovered by pyrosequencing analyses. *PLOS ONE*, 12(4), e0175091. DOI: 10.1371/journal.pone.0175091
- Muggia L, Grube M. 2018. Fungal Diversity in Lichens: From Extremotolerance to Interactions with Algae. *Life*, 8(2), 15. DOI: 10.3390/life8020015
- Nash TH, Ryan BD, Gries C, Bungartz F. 2004. Lichen Flora of the Greater Sonoran Desert Region. Vol 2. *Lichen Unlimited*: Tempe, AZ, Arizona State University.
- Nash TH, Hertel H. 1997. *Lecanora comoduensis* (Lecanorales: Lecanoraceae), a New Species of Lichenized Fungi from the Sonoran Desert Region. *The Bryologist*, 100(3), 377–379. DOI: 10.2307/3244508
- Park JS, Han SK, Oh SO. 2023. *Lecanora neobarkmaniana* (Lecanorales, Lecanoraceae), A New Lichen Species from Corea del sur. *Mycobiology*, 51(1), 16–25. DOI: 10.1080/12298093.2023.2168349
- Pérez-Ortega S, Spribille T, Palice Z, Elix JA, Printzen C. 2010. A molecular phylogeny of the *Lecanora varia* group, including a new species from western North America. *Mycological Progress*, 9(4), 523–535. DOI: 10.1007/s11557-010-0660-y
- Pérez-Pérez RE, Silva-Espejo R, Figueroa-Castro DM, Castañeda-Posadas C. 2024. Riqueza y composición de líquenes de los pueblos mágicos de Cuetzalan y Tlatlauquitepec, Puebla, México. *Polibotánica*, 58, 31-47. DOI: 10.18387/polibotanica.58.3
- Ponce de León R. 1909. Ligeros apuntes sobre la flora del Estado de Sinaloa. Talleres Tipográficos de Julio G. Arce “Rosales” 24.
- Poncet R, Lohezic-Le Dévéhat F, Ferron S, Hivert J, Fontaine C, Picot F, Bidault E, Kervran L. 2021. The genus *Ramalina* Ach. (Ascomycota, Lecanoromycetes, Ramalinaceae) from the Scattered Islands (French Southern and Antarctic Lands), with description of three new species. *Plant and Fungal Systematics*, 66 (2), 211-224.
- Puy-Alquiza MJ, Gómez-Peralta M, Reyes-Zamudio V, Gregorio-Cipriano MR, Miranda-Avilés R, Rios-Ureña DN, Cortés-Hernández V. 2018. Diversidad de macrolíquenes saxícolas en México: caso de estudio del distrito minero de Guanajuato. *Acta botánica mexicana*, 123. DOI: 10.21829/abm123.2018.1246
- Räisänen R. 2023. Natural Colorants from Lichens and Mushrooms. In: Stevens C, Bechtold T, Manian A and Pham T (eds). *Handbook of Natural Colorants Vol. II*, John Wiley & Sons, pp. 317–331. DOI: 10.1002/9781119811749.ch14
- Raja HA, Miller AN, Pearce CJ, Oberlies NH. 2017. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community. *Journal of Natural Products*, 80(3), 756–770. DOI: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085
- Rangsiruji A, Meesim S, Buaruang K, Boonpragob K, Mongkolsuk P, Binchai S, Pringsulaka O, Parmen S. 2020. Molecular systematics and species distribution of foliose lichens in the gulf of thailand mangroves with emphasis on *Dirinaria picta* species complex. *Songklanakarin Journal of Science & Technology*, 42(3). 504-514.
- Sánchez-Girón X, Cerros-Tlatilpa R, Pérez-Pérez RE. 2023. Diversidad de líquenes epífitos en bosques de *Quercus* de Morelos, México. *Revista Bosque*, 44(3), 581-594. DOI: 10.4067/S0717-92002023000300581
- Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S et al. 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(16), 6241–6246. DOI: 10.1073/pnas.1117018109
- Shah AA, Badshah L, Muhammad M, Basit A, Ullah I, Mohamed HI, Khan A. 2024. Secondary metabolites of lichens and their application. *Fungal Secondary Metabolites*, 91–115. DOI: 10.1016/b978-0-323-95241-5.00013-7
- Shukla V, Upreti DK, Bajpai R. 2013. Lichen Diversity in Different Lichenogeographical Regions of India. *Lichens to Biomonitor the Environment*, 61–96. DOI: 10.1007/978-81-322-1503-5_4
- Sipman HJM, Wolf JHD. 1998. Provisional checklist for the lichens of Chiapas. *Acta Botanica Mexicana*, 45, 1-29.
- Spjut R, Simon A, Guissard M, Magain N, Sérusiaux E. 2020. The fruticose genera in the Ramalinaceae (Ascomycota, Lecanoromycetes): their diversity and evolutionary history. *MycKeys*, 73, 1–68. DOI: 10.3897/mycokeys.73.47287

-
- Tekpinar AD, Kalmer A. 2019. Utility of various molecular markers in fungal identification and phylogeny. *Nova Hedwigia*, 109(1–2), 187–224. DOI: 10.1127/nova_hedwigia/2019/0528
- Thakur M, Shrikhandia SP, Kumar V. 2022. A Lichens-Mediated Mechanism for Environmental Biodeterioration. *Air, Soil and Water Research*, 15, 1-11. DOI: 10.1177/11786221221131004
- Zachariah SA, Varghese SK. 2018. The Lichen Symbiosis: A Review. *International Journal of Scientific Research and Review*, 7(3), 1160-11169.

ANEXO

Cuadro 2. Secuencias de referencia utilizadas para el análisis filogenético en el presente estudio. Las especies, cepas, país y los números de acceso del GenBank para las secuencias ITS están enlistadas. Los datos de las secuencias obtenidas en el presente estudio se resaltan en negritas.

Especies	Aislado	País	Número de acceso en GenBank
<i>Dirinaria</i>			
<i>D. aegialita</i>	RAMK031278	Tailandia	MK028196.1
<i>D. applanata</i>	Hur 041637	N/A	EU670217.1
<i>D. confluens</i>	Loetberg (UPS L-159685)	Tanzania	OQ866146.1
<i>D. consimilis</i>	s.n.-5	México	OP104860.1
<i>D. consimilis</i>	B135-1	México	OP104847.1
<i>D. consimilis</i>	RMG354	México	OP104844.1
<i>D. consimilis</i>	RMG346	México	OP104857.1
<i>D. consimilis</i>	RMG189	México	OP104858.1
<i>D. consimilis</i>	A4-6	México	OP104845.1
<i>D. consimilis</i>	B25-3	México	OP104842.1
<i>D. consimilis</i>	B78-1	México	OP104840.1
<i>D. consimilis</i>	Lich4	México	PP069828
<i>D. leopoldii</i>	A16-3	México	OP104861.1
<i>D. leopoldii</i>	18-2-3	México	OP104892.1
<i>D. leopoldii</i>	A13-2	México	OP104873.1
<i>D. leopoldii</i>	RMG178	México	OP104870.1
<i>D. picta</i>	RAMK031274	Tailandia	MK028192.1
<i>Dirinaria sp.</i>	Thulin <i>et al.</i> (UPS L-056358)	Somalia	OQ867272.1
<i>Lecanora</i>			
<i>L. achroa</i>	Papong 6458 F	Tailandia	JN992700.1
<i>L. albella</i>	Malicek 7336	República Checa	KY502423.1
<i>L. alboflavida</i>	Coppins	Reino Unido	KY502427.1
<i>L. allophana</i>	Malicek 9491	Finlandia	KY502416.1
<i>L. anhuiensis</i>	L1454	China	OR098679.1
<i>L. argentata</i>	Malicek-7	República Checa	KT630264.1
<i>L. argopholis</i>	LYF14-108	Rusia	MH512978.1
<i>L. argopholis</i>	SK C93	Ucrania	MK672829.1
<i>L. argopholis</i>	GN0033	China	ON159758.1
<i>L. austropica</i>	Papong6407	Tailandia	JQ782706.1
<i>L. baekdudaeganensis</i>	BDNA-L-0000065	Corea	NR_184912.1
<i>L. barkmaniana</i>	Malicek-159	Austria	KT630257.1
<i>L. bicincta</i>	eb38	Austria	AY541263.1
<i>L. caesiorubella</i>	Lumbsch 19094a	Australia	JN992710.1
<i>L. calendonicola</i>	U1251	Reino Unido	OQ945702.1
<i>L. californica</i>	HTL19914a F	EUA	JQ782707.1
<i>L. campestris</i>	U225	Suiza	DQ787361.1
<i>L. careilea</i>	eb70	Austria	AY541250.1
<i>L. carpinea</i>	U507	Suiza	DQ787364.1
<i>L. cenisia</i>	Malicek 5869	Austria	KY502425.1

Continua...

<i>L. chlarotera</i>	U3640	Países bajos	OQ945709.1
<i>L. chlorophaeodes</i>	U210	Austria	AF159927.1
<i>L. cinereofusca</i>	NY1521	EUA	KP224470.1
<i>L. concolor</i>	U266	Austria	AF070037.1
<i>L. confusa</i>	SPO9	Alemania	GU480120.1
<i>L. dispersoareolata</i>	M124	Austria	AF070016.1
<i>L. ecorticata</i>	NMW GBR_ ;C2015.005.77	Reino Unido	KT962184.1
<i>L. elatinoides</i>	HTL19992d F	Australia	JQ782709.1
<i>L. epibryon</i>	m120	Austria	AF070038.1
<i>L. excludens</i>	Palice 21929	Noruega	MK541647.1
<i>L. expallens</i>	JM 9599	República Checa	MG076968.1
<i>L. expersa</i>	Vondrak 12339	Eslovaquia	KY502452.1
<i>L. farinaria</i>	Tonsberg 46170	Noruega	KY502433.1
<i>L. flavopallida</i>	Lumbsch 20031a	Australia	JN987935.1
<i>L. flavoviridis</i>	Papong6539 F	Tailandia	JQ782675.1
<i>L. formosa</i>	ZX 20129045-2	China	KT453978.1
<i>L. galabrata</i>	U444	Suiza	OQ945712.1
<i>L. gangaleoides</i>	HTL19923a F	EUA	MG554660.1
<i>L. helva</i>	HTL19809h F	Fiyi	JQ782713.1
<i>L. horiza</i>	u332	Austria	AY541252.1
<i>L. hybocarpa</i>	N/A	EUA	EF105412.1
<i>L. impudens</i>	LIFU088-16	Suiza	KX132996.1
<i>L. imshaugii</i>	HTL19273b F	EUA	KT453904.1
<i>L. intumescens</i>	Malicek 8480	República Checa	KY502441.1
<i>L. Keniana</i>	1179E	Kenia	JQ900618.1
<i>L. kohu</i>	UNITEC 7497	Nueva Zelanda	MF116001.1
<i>L. layana</i>	NY Lendemer 38131	EUA	NR_158472.1
<i>L. leproplaca</i>	HTL19815r f	Fiyi	JQ782719.1
<i>L. leprosa</i>	Papong 6443 F	Tailandia	JQ782720.1
<i>L. leptyrodes</i>	eb15	Austria	AY541255.1
<i>L. loekoesii</i>	L1476	China	OR098694.1
<i>L. lojkaeana</i>	jbNoruega	Austria	AY541256.1
<i>L. neobarkmaniana</i>	KL19-0111	Corea del sur	OP099444.1
<i>L. orientoafricana</i>	2205E	Kenia	JQ900619.1
<i>L. orosthea</i>	U244	Austria	AF070035.1
<i>L. pacifica</i>	HTL19901c F	EUA	JQ782722.1
<i>L. paramerae</i>	N/A	EUA	EF105413.1
<i>L. phaeocardia</i>	Papong3473 F	Tailandia	JQ782723.1
<i>L. plumosa</i>	Papong6965 F	Tailandia	JQ782726.1
<i>L. poliophaea</i>	4822	Noruega	MG926178.1
<i>L. polytropa</i>	KRAM:Flakus 29565b	Bolivia	OK665617.1
<i>L. praesistens</i>	LIFU083-16	Suiza	KX132991.1
<i>L. pringlei</i>	OSC 134697	EUA	KF024739.1
<i>L. pseudogangaleoides subs. verdonii</i>	HTL19103a F	Australia	JQ782727.1
<i>L. pseudojaponica</i>	L1424P1	China	OR098686.1
<i>L. pulicaris</i>	Malicek 9484	Finlandia	KY548052.1
<i>L. queenslandica</i>	HTL19113j F	Australia	JQ782728.1

Continua...

<i>L. rugosella</i>	N/A	Austria	AY398712.1
<i>L. rupicola subsp. Sulphurata</i>	eb71	Austria	AY541260.1
<i>L. salicicola</i>	U3536	Suiza	OQ945718.1
<i>L. saxigena</i>	NY1445	EUA	KP224466.1
<i>L. somervellii</i>	YO10109	Rusia	MH512979.1
<i>L. sorediomarginata</i>	Lsore1	Portugal	GU480121.1
<i>L. stanislai</i>	UGDA-L17315	Polonia	KY586039.1
<i>L. strobilina</i>	LIFU089-16	Suiza	KX132997.1
<i>L. strobilinoidea</i>	S3500	España	MG973238.1
<i>L. subcarnea</i>	u274	Austria	AY541267.1
<i>L. subimmersens</i>	Papong 6431 F	Tailandia	JQ782732.1
<i>L. subimmersa</i>	HTL19103b F	Australia	JQ782733.1
<i>L. substerilis</i>	Malicek-202	Eslovaquia	KT630254.1
<i>L. sulphurea</i>	U212	Austria	AF070030.1
<i>L. swartzii</i>	U178	Austria	AF070036.1
<i>L. symmicta</i>	Daydov 18083	Rusia	ON553209.1
<i>L. thysanophora</i>	17188	Polonia	MN387222.1
<i>L. toroyensis</i>	Papong 7197 F	Tailandia	JQ782734.1
<i>L. tropica</i>	Papong 6440	Tailandia	JN992714.1
<i>L. ussuriensis</i>	KL22-0036	Corea del sur	OP099452.1
<i>L. vainioi</i>	Papong 6957	Tailandia	JN992716.1
<i>L. variolascens</i>	Malicek 8422	Austria	KY502445.1
Lecanora sp.	Lich5	México	PP064011
<i>Ramalina</i>			
<i>R. almquistii</i>	S1	EUA	MN954826.1
<i>R. americana</i>	1c	EUA	AF109238.1
<i>R. asahinae</i>	S5	México	MN954828.1
<i>R. aspera</i>	06-26100	China	JF923601
<i>R. calicaris</i>	L.S.WangCH050038	N/A	JF937045.1
<i>R. celastri</i>	UNITEC 4617	Nueva Zelanda	KF583544
<i>R. complanata</i>	LMCC 2	Brasil	FJ356152.1
<i>R. complanata</i>	S7	EUA	MN954829
<i>R. conduplicans</i>	06-26202	China	JF923600
<i>R. confirmata</i>	06-26195	China	JF923609
<i>R. culbersoniorum</i>	S3	EUA	MN954827.1
<i>R. cuspidata</i>	S32	EUA	MN954841
<i>R. dasypoga</i>	S14	EUA	MN954831.1
<i>R. decipiens</i>	HBG:17046	Alemania	FJ871078
<i>R. europaea</i>	GLM-L 34284	N/A	KY362397.1
<i>R. exilis</i>	TNS:HK:48229	Japón	AB362790
<i>R. farinacea</i>	S17	Dinamarca	MN954833.1
<i>R. farinacea</i>	S16	Canadá	MN954832.1
<i>R. fastigiata</i>	S19	EUA	U84582.1
<i>R. fraxinea</i>	SN066.34/1	Austria	AY462054.1
<i>R. glaucescens</i>	voucher UNITEC 5429	Nueva Zelanda	KF594455.1

Continua...

<i>R. inflexa</i>	voucher UNITEC 5331	Nueva Zelanda	KF594457.1
<i>R. intermedia</i>	intermedia_NC	EUA	MN954836.1
<i>R. intermedia intermedia</i>	NC	EUA	AF109239.1
<i>R. labiosorediata</i>	Chris Lewis 341a	N/A	KY362421.1
<i>R. labiosorediata</i>	S28	EUA	MN954837.1
<i>R. laevigata</i>	5046	Brasil	KY171864.1
<i>R. leiodea</i>	TNS:YO:5436	Japón	AB362791
<i>R. leptocarpha</i>	S54	EUA	MN954851.1
<i>R. litoralis</i>	TNS:HK:48126A	Japón	AB362792
<i>R. mannii</i>	SE-462	EUA	MG926208.1
<i>R. menziesii</i>	1	EUA	AF249909.1
<i>R. montagnei</i>	N/A	EUA	AF249911.1
<i>R. ovalis</i>	UNITEC 4659	Nueva Zelanda	KF594458.1
<i>R. pacifica</i>	HBG:17065	N/A	FJ871095.1
<i>R. paludosa</i>	N/A	EUA	AF109240.1
<i>R. panizzei</i>	N/A	EUA	U84584.1
<i>R. peruviana</i>	H. Kashiwadani 51490	Japón	KT698325.1
<i>R. pollinaria</i>	TNS:AA:67802	Japón	AB362794
<i>R. roesleri</i>	S29	Canadá	MN954838.1
<i>R. sayreana</i>	S30	México	MN954839.1
<i>R. sekika</i>	TNS:HK:48222A	Japón	AB376966
<i>R. semicuspidata</i>	A024	Japón	MN954814.1
<i>R. siliquosa</i>	S31	Reino Unido	MN954840.1
<i>R. sinensis</i>	S21	EUA	MN954835.1
<i>R. sprengeli</i>	539a	Brasil	KY171868.1
<i>R. stenospora</i>	S56	EUA	MN954853.1
<i>R. subbreviscula</i>	TNS:YO:5926A	Japón	AB362798
<i>R. subfarinacea</i>	LG R338	España	GU827307.1
<i>R. subleptocarpha</i>	S55	EUA	MN954852.1
<i>R. subwebbiana</i>	LG R68	Portugal	GU726333.1
<i>R. terebrata</i>	KOPRI L5	Antártica	EU161239.1
<i>R. thrausta</i>	S42	Canadá	MN954846.1
<i>R. unifolia</i>	S59	EUA	MN954863.1
<i>R. usnea</i>	S43	EUA	MN954847.1
<i>R. webbii</i>	LG R73	España	GU726334.1
<i>R. willeyi</i>	s44	EUA	MN954783.1
<i>R. yasudae</i>	TNS:HK:48122A	Japón	AB362799
Ramalina sp.	Lich1	México	PP064008
Ramalina sp.	Lich3	México	PP064009
Ramalina sp.	Lich6	México	PP064010
<i>Calicium abietinum</i> (Outgroup)	MP40	N/A	KX512872.1
<i>Ramboldia stuartii</i> (Outgroup)	Elix 28664 F	Australia	EU075549.1
<i>Usnea articulata</i> (Outgroup)	articulata_01		JN086277.1

Historia evolutiva y la función de las hemoglobinas en las plantas

Janet Palacios-Martínez¹, Ana I. Chávez-Martínez¹, Thelma J. Parra-Aguilar¹, Luis Cárdenas¹✦.

¹Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México.

✦Correspondencia: luis.cardenas@ibt.unam.mx

Área Temática:

Ciencias de las Plantas

Recibido: 18 diciembre, 2024

Aceptado: 20 de enero, 2025

Publicado: 28 de enero, 2025

Cita: Palacios-Martínez et al., 2025. Historia evolutiva y la función de las hemoglobinas en las plantas. *Bioc Scientia* 1(1).

<https://doi.org/10.63622/RBS.2503>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: Las globinas, es decir, las hemoglobinas y las proteínas hemo-relacionadas, están ampliamente distribuidas en los tres dominios: Archaea, Bacteria y Eukarya. En el reino *Plantae* se han identificado dos clases de hemoglobinas, las simbióticas y las no-simbióticas. Las simbióticas fueron descubiertas en *Glycine max* en 1939, se expresan principalmente en los nódulos simbióticos y están involucradas en la unión y el transporte del oxígeno dentro del nódulo. Por otro lado, las hemoglobinas no-simbióticas, se clasifican en tres clases. La clase 1, es la de mayor ancestría, están involucradas en la respuesta a hipoxia y también regula la concentración de óxido nítrico, un gas que tiene grandes implicaciones en las plantas tales como: la morfogénesis, señalización hormonal, la determinación del destino celular, el metabolismo del nitrógeno y en la interacción simbiótica planta-microorganismo. Las clases 2 y 3 están involucradas en el metabolismo y/o transporte de oxígeno y óxido nítrico. A pesar de haber sido identificadas hace 85 años en leguminosas, aún no se tiene una clasificación amplia de las hemoglobinas en las especies de leguminosas con el genoma secuenciado. En un análisis bioinformático identificamos los genes homólogos de las hemoglobinas en 18 especies de plantas incluyendo ocho especies de leguminosas. Se identificaron los dominios conservados en las hemoglobinas como son el E7, CD1 y C2, sitios claves en la unión al grupo hemo y de otros ligandos como el oxígeno y el óxido nítrico. De acuerdo con el análisis filogenético se identificaron cuatro clusters, el primero y de mayor ancestría se denominó NsAHb3 y corresponde a las no simbióticas, seguido del cluster SAHb en el que se agruparon exclusivamente especies que tienen interacciones simbióticas. En los últimos dos clusters identificamos NsAHb1 y NsAHb2, también reportadas como no simbióticas. De manera interesante, las *PvNsAHb2* y *PvNsAHb3* tienen una expresión diferencial mayor en raíz, mientras que SAHb tienen mayor expresión diferencial en el nódulo. Estos resultados sugieren la especificidad tejido-estadio de las AHb's en *Phaseolus vulgaris*.

Palabras clave: Hemoglobina, leguminosas, simbióticas, no simbióticas, nodulación e hipoxia.

Abstract: Globins, meaning hemoglobins and heme-related proteins, are widely distributed in the three domains Archaea, Bacteria and Eukarya. In the *Plantae* kingdom, two classes of hemoglobins have been identified, symbiotic and non-symbiotic. Symbiotic hemoglobins discovered in the legume *Glycine max* in 1939, are mainly expressed in symbiotic nodules and are involved in the oxygen transport within the nodule. Non-symbiotic hemoglobins are classified into three classes. Class 1, with higher ancestry are involved in the hypoxic responses and modulate the concentration of nitric oxide, a gas with key roles in morphogenesis, hormone signaling, cell fate determination, nitrogen metabolism and in the symbiotic plant-microorganism interaction. The classes 2 and 3 have been related to metabolism and/or transport of oxygen and nitric oxide. Despite hemoglobins were identified 85 years ago in legumes, there is still no comprehensive classification of hemoglobins in legume species with sequenced genomes. In this bioinformatics analysis, we identified the homologous genes of hemoglobins in 18 plant species including eight legume species. The canonical conserved domains in hemoglobins such as E7, CD1 and C2 were recognized, which are heme group binding and ligand binding sites such as oxygen and nitric oxide. According to the phylogenetic analysis, four clusters were identified, the first and most ancestral cluster was called NsAHb3, followed by the SAHb cluster, which exclusively grouped the legumes that establish symbiotic interactions. In the last two clusters we identified NsAHb1 and NsAHb2. Interestingly, *PvNsAHb2* and *PvNsAHb3* have higher differential expression in root, whereas *PvSAHb* have higher differential expression in nodules. These results suggest a tissue-stage specificity for AHb's in *Phaseolus vulgaris*.

Keywords: Hemoglobin, legume, symbiotic, non-symbiotic, nodulation and hypoxia.

INTRODUCCIÓN

Hace 3500 millones de años, la atmósfera de la Tierra mantenía un ambiente predominantemente anóxico. Sin embargo, el surgimiento de las cianobacterias incrementó los niveles de oxígeno (O_2), el cual resultaba tóxico para los primeros organismos unicelulares. Por lo tanto, la aparición de las primeras proteínas hemoglobinas (AHbs) ocurrió como una adaptación al cambio ambiental para poder controlar y reducir las concentraciones de dicho gas (Borroto y Arredondo-Peter, 2015; Vinogradov et al., 2007). Las AHbs son una superfamilia de metaloproteínas ampliamente distribuidas entre los tres dominios: Archaea, Eubacteria y Eukarya (Hardison, 1996). Se estima que alrededor del 25% de las arqueas y aproximadamente el 65% de las bacterias cuentan con genes que codifican para AHbs, mientras que en los organismos eucariotas se presentan en un 90% (Vinogradov et al., 2006).

A estas proteínas se les denominó “hemoglobinas” debido a su estructura globular compacta y a la presencia de un grupo hemo (Figura 1A y 1B). El plegamiento de tipo globina está constituido por un empalme de 6 a 8 α hélices (A-H), el cual forma una región hidrofóbica en donde se localiza el grupo hemo (Figura 1A). Este grupo prostético contiene un átomo de Fe unido a cuatro grupos pirroles y su proximidad a una histidina conservada conlleva a que la sexta posición del Fe quede libre, lo que permite su unión a ligandos gaseosos como el O_2 y/o el óxido nítrico (NO) (Borroto y Arredondo-Peter, 2015; Vinogradov y Moens, 2008). A pesar de que las AHbs poseen estructuras altamente conservadas, estas proteínas presentan una elevada variabilidad en la identidad entre secuencias cercana al 80%, además del grado de multimerización (Borroto y Arredondo-Peter, 2015). De manera general, dentro de las funciones principales de las Hbs se incluye el transporte, el almacenamiento o el secuestro de oxígeno; el transporte y el almacenamiento de sulfuro; y la detoxificación de NO y halofenoles (Hunt et al., 2001). Las AHbs se pueden clasificar con base en su secuencia, su expresión y su grado de afinidad por el O_2 de la siguiente manera:

- AHbs y mioglobinas de vertebrados (mAHbs).
- FHbs. Flavohemoglobinas (proteínas químicas): el dominio globina está unido a FAD o NAD (*Escherichia coli* y levaduras).
- SAHbs. Hemoglobinas simbióticas.
- NsAHbs. Hemoglobinas no simbióticas.
 - Clase 1
 - Clase 2
 - Clase 3 (truncada)

En los vertebrados, las AHbs presentes en los eritrocitos son las encargadas

de transportar O_2 de los pulmones a los tejidos aeróbicos y las mioglobinas extraen el O_2 de la sangre para transportarlo a los tejidos musculares (Kundu et al., 2003). En el caso del reino *Plantae*, las AHbs se encuentran ampliamente distribuidas en las algas verdes, las briofitas y las plantas vasculares (Becana et al., 2020; Vinogradov et al., 2006) y están implicadas en diversos aspectos del desarrollo y la respuesta al estrés, debido a su capacidad de secuestrar NO, que es una molécula de señalización (Figura 1C). La primera hemoglobina de plantas fue descubierta por Kubo en 1939 en la planta leguminosa de soja (*G. max*), pero fue hasta 1974 que se le relacionó con la fijación simbiótica/biológica del nitrógeno (N_2) en las plantas leguminosas, por lo que se les denominó como leghemoglobinas o hemoglobinas simbióticas (SAHbs). Posteriormente, en la década de los 80's, se identificaron otras AHbs en nódulos de raíces de *Parasponia andersonii*, una especie no leguminosa, y en *Trema micrantha*, una especie no leguminosa y no nodulante. Estos hallazgos sugirieron que el grupo de las hemoglobinas podría extenderse más allá del clado de las leguminosas y de las no-leguminosas nodulantes, por lo tanto, a este grupo se le denominó hemoglobinas no simbióticas (NsAHbs) (Larrainzar et al., 2020).

Por un lado, los miembros del grupo de las SAHbs se cuantifican en concentraciones milimolares, preferencialmente dentro de los nódulos fijadores de N_2 que se forman en las raíces de las plantas (Figura 1C). Las SAHbs presentan una unión reversible con el O_2 , lo cual les permite movilizar a esta molécula del citosol de las células infectadas hacia las bacterias fijadoras de N_2 , de manera baja y constante para mantener la respiración bacteriana sin inhibir la actividad de la nitrogenasa (Hunt et al., 2001). Por otro lado, las NsAHbs se pueden localizar en cualquier órgano de las plantas y poseen una unión altamente estable al oxígeno, lo que las hace funcionar como transportadores, almacenadores y sensores de dicho elemento (Hoy y Hargrove, 2008; Hunt et al., 2001). Algunos de los miembros de las NsAHbs se inducen durante la respuesta al estrés en condiciones de hipoxia y se ha sugerido que están involucrados en modular los niveles de NO en la célula en condiciones hipóxicas (Figura 1C). Las NsAHbs se distinguen en tres clases, cuya categorización está relacionada con su origen evolutivo, además de sus propiedades bioquímicas y funcionales. Las NsAHbs de clase 1 poseen una alta afinidad por el O_2 ($K_d \sim 2nM$), una baja constante de disociación de este y sus funciones principales consisten en la eliminación del NO y la regulación del potencial redox. Este mecanismo de secuestro del NO conlleva a la formación de un compuesto no tóxico, el nitrato y a la oxidación del NADPH para mantener la síntesis glucolítica de ATP en condiciones de hipoxia (Igamberdiev y Hill, 2004). En el caso de las NsAHbs de la clase 2, tienen una menor afinidad por el O_2 y se han visto involucradas en el mantenimiento del suministro de este gas a los tejidos en desarrollo (Hoy y Hargrove, 2008; Hunt et al., 2001). Sin embargo, ambas clases de NsAHbs se inducen también por la aplicación de ácido abscísico y citocininas. Asimismo, algunos genes homólogos de las NsAHbs se han identificado altamente expresados

en especies como el arroz, que crece en condiciones de anegamiento y de estrés hipóxico. En cuanto a las NsAHbs de la clase 3, es decir, las isoformas truncadas, representan un clado ancestral con menor similitud a las NsAHbs 1 y 2. Este grupo está formado por secuencias de AHbs de longitud menor a 130 aminoácidos. Este tipo de NsAHbs se han identificado en protozoarios, cianobacterias, nemertinos, bacterias, protozoos y algas (Vinogradov et al., 2006; Watts et al., 2001).

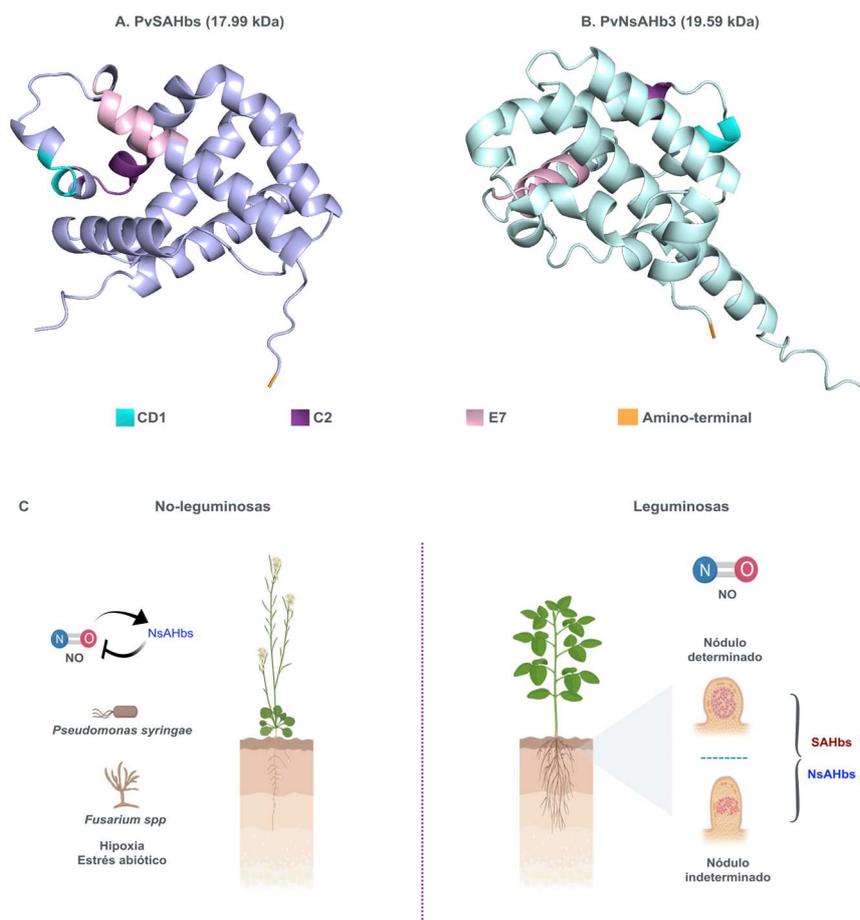


Figura 1. Estructura y función de las hemoglobinas en plantas. En el panel A, se observa el modelamiento molecular de una hemoglobina simbiótica de *P. vulgaris* (PvSAHb) y en el panel B una hemoglobina no simbiótica de la misma especie (PvNsAHb). En ambas estructuras están etiquetados los residuos de las regiones involucradas en la unión al grupo hemo y la unión a ligandos: región CD1 en cian, región C2 en morado y región E7 en rosa; el amino-terminal de las proteínas está resaltado en naranja. En el panel C se ilustran las funciones principales de las AHbs descritas en plantas. En las plantas no leguminosas las NsAHbs están implicadas en el desarrollo, la respuesta a hipoxia, el estrés abiótico y el estrés biótico (ataque por patógenos como *Pseudomonas syringae* y *Fusarium spp.*). Además, parte de la función de las NsAHbs está relacionada con la señalización del NO debido a que estas proteínas modulan la concentración de dicha molécula; a su vez, el NO induce la expresión de las NsAHbs. En cuanto a las plantas leguminosas, además de tener NsAHbs, presentan las SAHbs, las cuales están mayormente expresadas y localizadas en los nódulos simbióticos fijadores de nitrógeno.

Hasta ahora se han sugerido diversas funciones para las AHbs de plantas que van más allá del transporte de oxígeno, por ejemplo, se les han atribuido su participación en la formación embrionaria, la arquitectura de las plantas, el tiempo de floración, la respuesta a estreses bióticos y abióticos, así como durante las interacciones simbióticas (Bahmani et al., 2019; Bai et al., 2016; Maassen Hennig, 2011; Mur et al., 2012; Seregélyes et al., 2003). A pesar de haber sido descubiertas en una especie de leguminosa, aún no se tiene la identificación y la clasificación completa de las hemoglobinas en las especies de leguminosas con genoma secuenciado. Así como también hace falta profundizar en la información disponible respecto a la participación tanto de las SAHbs como de las NsAHbs durante la nodulación de las plantas leguminosas. Es por ello que, en este análisis *in silico* se identificaron y clasificaron filogenéticamente las AHbs en 18 especies de plantas incluidas ocho especies de leguminosas nodulantes. De manera particular nos interesamos en el modelo de estudio de *P. vulgaris*, por ser un cultivo que posee un alto interés comercial y con un alto contenido proteico y de fácil acceso. Adicionalmente, reconstruimos el paisaje transcripcional de las AHbs en algunos tejidos, durante las interacciones simbióticas y con patógenos en *P. vulgaris*. Los resultados de los perfiles transcripcionales nos permiten sugerir que la expresión de las AHbs podría ser tejido-estadio-interacción específicas. Es importante destacar que las pruebas de hipótesis generadas a partir de datos *in silico* se pueden corroborar en organismos *in vivo*, y el modelo de frijol permite el uso de genómica funcional mediante el sistema de generación de plantas compuestas donde es posible generar raíces transgénicas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Análisis filogenético

Para el análisis filogenético, se utilizaron las secuencias aminoacídicas de AtNsAHb1, AtNsAHb2 y AtNsAHb3 como referencia para identificar las secuencias homólogas en 18 especies de plantas, incluyendo el clado de las leguminosas. Respecto a este clado, se incluyeron ocho especies de la familia Fabaceae, *P. vulgaris*, *Lotus japonicus*, *G. max*, *Medicago truncatula*, *Lens culinaris*, *Vicia faba*, *Vigna unguiculata* y *Arachis hypogea*. Todas las secuencias se descargaron de la base de datos Phytozome v. 13 (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov>). La alineación de las secuencias de aminoácidos se realizó con MUSCLE en JalView (Waterhouse et al., 2009).

Análisis de dominios y motivos

Los dominios y motivos característicos de las secuencias AHb se identificaron en MEME Suite (<https://meme-suite.org/meme/>) e InterPro-Pfam (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>). El análisis de las relaciones filogenéticas entre

secuencias se realizó con IQ-TREE (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at>) utilizando el método de Máxima Verosimilitud con 1000 réplicas bootstrap. El análisis identificó que el modelo de mutación que mejor explica las relaciones filogenéticas de estas secuencias fue JTTDCMut+G4 (Log-likelihood: -14736.054). A partir de las réplicas se generó un árbol consenso. Dicho árbol consenso se editó en iTOL (<https://itol.embl.de>) (Letunic y Bork, 2024).

Paisaje transcripcional

Los perfiles transcripcionales de *AHb1*, *AHb2*, *AHb3* y *SAHb* en los tejidos se obtuvieron a partir de los datos depositados en Phytozome v. 13. Para los perfiles transcripcionales de la nodulación, los datos se tomaron de un análisis metatranscriptómico realizado en nuestro laboratorio, de diferentes estadios del desarrollo del nódulo. Además, los perfiles de interacción con patógenos provienen de datos transcriptómicos descritos en Khankhum et al. (2016) para *Endornavirus*, y Chen et al. (2020) para *Fusarium solani*.

Modelamiento molecular

Las estructuras terciarias basadas en las secuencias de aminoácidos se analizaron en AlphaFold3 (<https://deepmind.google/technologies/alphafold/alphafold-server/>). Las estructuras de las hemoglobinas se descargaron en formato PDB de AlphaFold3, se realizó el modelo de mejor ajuste de la proyección terciaria de la proteína. La optimización del modelo de estructura terciaria se realizó en Avogadro (<https://avogadro.cc/>). El archivo PDB se analizó en PyMOL (<https://pymol.org/2/>). El ángulo de proyección de las proteínas fue frontal. PyMOL también se utilizó para resaltar los aminoácidos involucrados en la unión al grupo hemo y la unión a ligandos (Schrödinger y DeLano, 2020).

RESULTADOS

Se realizó la búsqueda en Phytozome v13.1 de las secuencias homólogas de las hemoglobinas en 18 especies de plantas, considerando AT2G16060.1-ATHb1, AT3G10520-ATHb2 y AT4G32690-ATHb3 como secuencias de referencia. Se incluyeron organismos del clado de las briofitas, gimnospermas y angiospermas. Particularmente nos interesamos en el grupo de las leguminosas incluyendo ocho especies en la búsqueda. Las secuencias homólogas aminoacídicas se descargaron, ordenaron y alinearon para identificar las regiones conservadas.

En el alineamiento de las secuencias múltiples se identificaron 10 regiones

conservadas (Figura 2A), que incluyen los sitios de unión al grupo hemo y de unión a ligandos como la región E7 (KLKAHA) que se encuentra en el dominio 1 y resaltado en color rojo (Figura 2A y 2B).

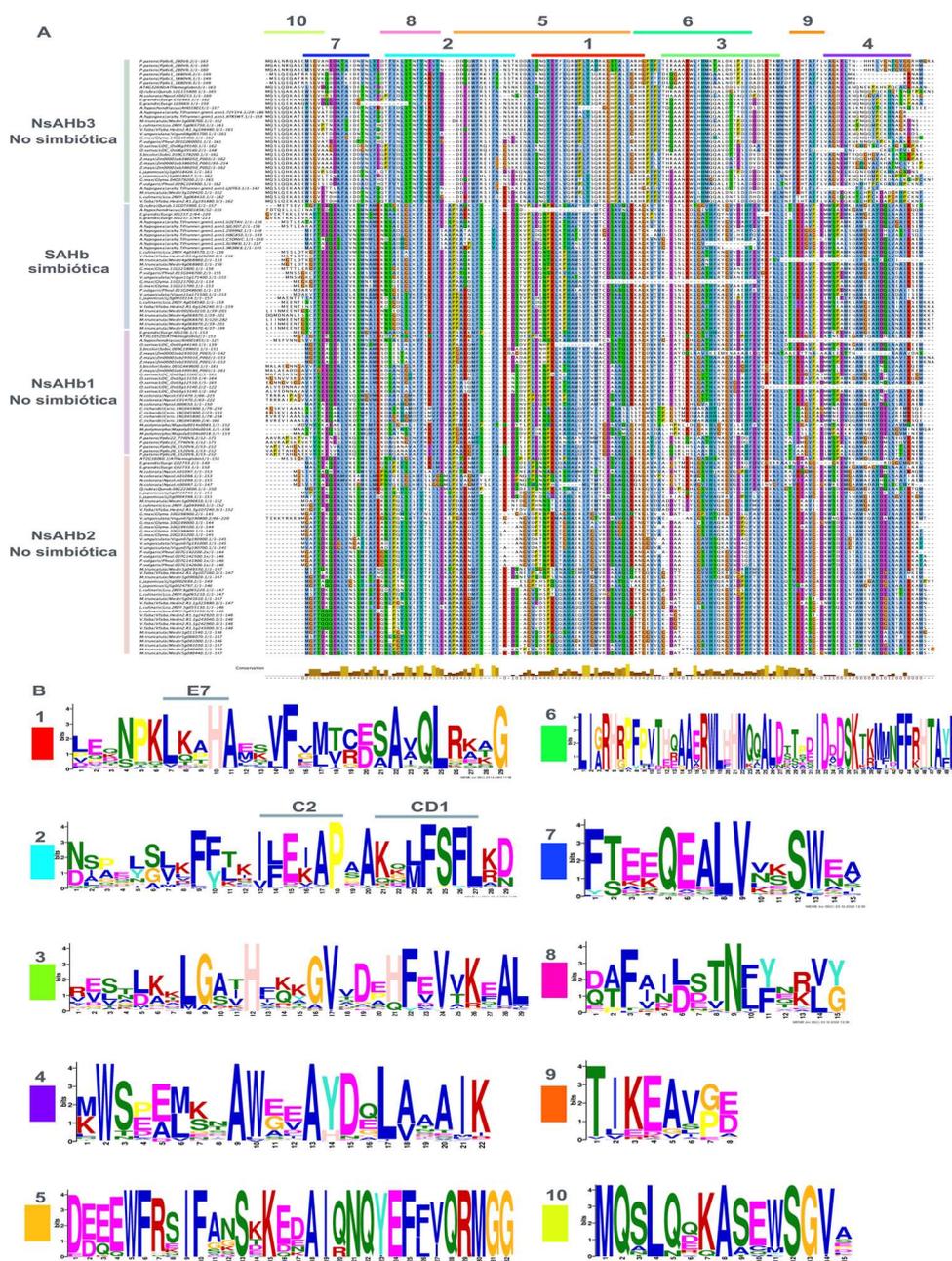


Figura 2. Análisis de las secuencias aminoacídicas de las AHb's. En el panel A, se observa el alineamiento de las secuencias NsAHb's y las SAHb's. Se identificaron 10 dominios conservados, de los cuales resaltan los dominios 1 y 2. Los residuos conservados de unión al grupo hemo y de unión a ligandos, en los sitios E7 dentro del dominio 1 resaltado en color rojo, así como los residuos de los sitios CD1 y C2 ubicados en el dominio 2 resaltados en cian en el panel B. Las secuencias de las proteínas que se muestran en los diagramas se descargaron del repositorio de Phytozome v13.1.

Además, de las regiones CD1 (KMFSF) y C2 (IFEAIP), ambas en el dominio 2 y resaltado en cian (Figura 2A y 2B). También podemos identificar algunos motivos conservados en cada clase de hemoglobinas. En el clado AHB3 identificamos residuos de los dominios 3, 4, 6 y 7 conservados. De manera particular en el dominio 5 identificamos los residuos W/L/MF con un porcentaje de conservación del 100%. Posteriormente, a partir de las similitudes de las 142 secuencias aminoacídicas se reconstruyó la historia evolutiva de las hemoglobinas en las 18 especies de plantas.

De acuerdo con los resultados del análisis filogenético identificamos cuatro clados. El clado NsAHb3, también denominado clado de hemoglobinas truncadas que es el de mayor ancestría conformado por secuencias aminoacídicas de menor longitud con respecto al resto de hemoglobinas. En este clado se conservan los residuos de aminoácidos de los dominios 3, 5, 8 y 10. Es importante destacar que basalmente este clado está representado por 6 isoformas en *Physcomitrium patens*, en el que se observa el dominio 10 conservado en el extremo amino-terminal (Figura 3A, 3B y 3C), seguido de eventos de duplicación en las gramíneas y las leguminosas. Específicamente, en *P. vulgaris* se identificaron dos genes con una isoforma cada uno.

El siguiente clado es el de las hemoglobinas simbióticas (SAHb), en el cual identificamos secuencias homólogas de *Quercus rubra* y *Eucalyptus grandis*, ambas especies tienen interacciones simbióticas con cianobacterias fijadoras de nitrógeno. Evidentemente, también identificamos diversos eventos de duplicación en las ocho leguminosas incluidas en el análisis, en algunas especies como *A. hypogea* y *V. faba* identificamos siete isoformas, mientras que, en *M. truncatula* y *G. max* existen 3 isoformas. Finalmente, en *V. unguiculata*, *L. culinaris* y *P. vulgaris* existen 2 isoformas por cada especie (Figura 3A). Por último, se agruparon los clusters NsAHb1 y 2. En el NsAHb1 observamos isoformas de organismos ancestrales, por ejemplo, de *P. patens*, *Marchantia polymorpha* y *Ceratopteris richardi*. Cabe destacar que es el único clado en el que se identifican isoformas de *M. polymorpha* y *C. richardi*. De más reciente aparición observamos el cluster NsAHb2, en el que identificamos eventos de duplicación en las leguminosas y las gimnospermas (Figura 3A). Respecto al paisaje transcripcional de las hemoglobinas simbióticas y no simbióticas, en algunos tejidos de *P. vulgaris*, identificamos que la *PvSAHbA* está mayormente expresada en los nódulos. Mientras que, las hemoglobinas no simbióticas *PvNsAHb* tienen una mayor expresión en raíz. En el

caso de los perfiles transcripcionales durante la interacción con patógenos, observamos que en la interacción con *F. solani* se expresa más la *PvSAHbA* y con *Ednavirus* la *PvNsAHb3B* (Figura 3D).

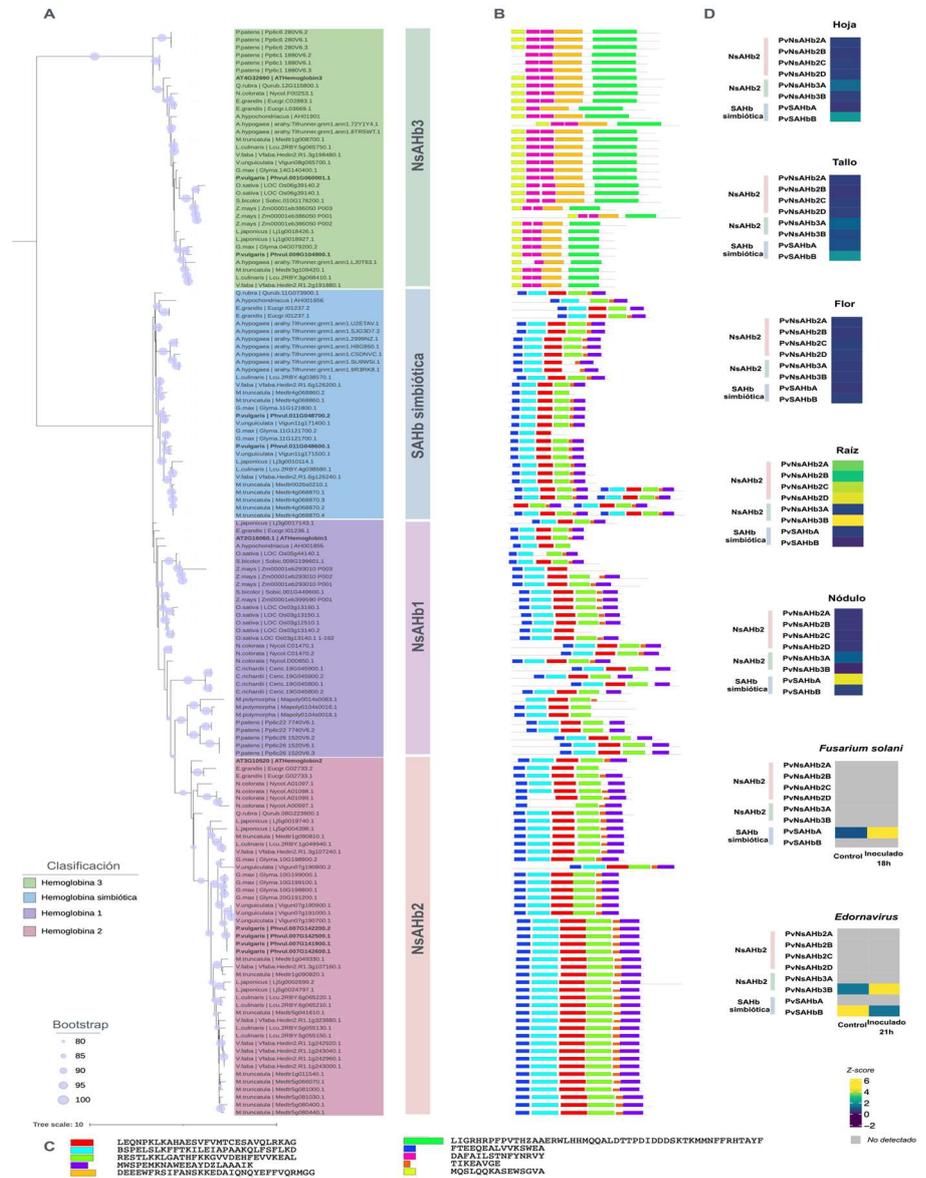


Figura 3. Análisis filogenético y paisaje transcripcional de las AHb's. Se observa la reconstrucción de las relaciones evolutivas entre las AHb's, realizadas a partir de las secuencias aminoacídicas. En el panel A, identificamos cuatro grupos: las NsAHb3 como el grupo de mayor ancestría en el que observamos los dominios 3, 5, 8 y 10 conservados. Mientras que en los grupos SAHb's, NsAHb1 y NsAHb2 están conservados los dominios 1, 2, 3, 4, 7 y 9 representados en los paneles B y C, aunque en diferentes posiciones, respectivamente. En el cluster AHB1 se observan las especies ancestrales como *P. patens*, *M. polymorpha* y *C. richardi* y de gramíneas como *O. sativa* y *Z. mays*. Finalmente, en el cluster NsAHb2 de más reciente aparición, se identifican diversos eventos de duplicación. Las réplicas bootstrap están representadas en porcentaje con círculos lilas en los nodos de la filogenia. En el panel D, se observa el paisaje transcripcional de las hemoglobinas simbióticas y no simbióticas en tejidos de *P. vulgaris*, como en el nódulo y en interacción con patógenos

DISCUSIÓN

Los resultados sugieren la formación de cuatro clusters filogenéticos de las hemoglobinas en las especies de plantas analizadas. De acuerdo con la reconstrucción de las relaciones evolutivas entre las secuencias, identificamos cuatro clados: un clado de mayor ancestría, el NsAHb3, seguido de SAHb, NsAHb1 y NsAHb2. En estos clados, los sitios canónicos E7, CD1 y C2 están conservados. Se ha descrito que los residuos de aminoácidos de dichos sitios están involucrados en la unión al grupo hemo y a ligandos (Hoy et al., 2007). Adicionalmente, el paisaje transcripcional evidenció la mayor expresión diferencial de la *PvSAHbA* en nodulos de *P. vulgaris*, mientras que los genes que codifican las PvNsAHb's tuvieron mayor expresión en tejidos no simbióticos.

Respecto al análisis bioinformático de las relaciones evolutivas entre las AHb's de las especies de briofitas, angiospermas y gimnospermas analizadas, los resultados son consistentes con los clusters filogenéticos descritos en Vinogradov et al., 2006, Vázquez-Limón et al., 2012, Becana et al., 2020 y Hunt et al., 2001. Se han realizado análisis filogenéticos con diferentes métodos de la historia evolutiva de las AHb's en organismos de los tres dominios, en los que se pueden observar las formaciones de los clusters de hemoglobinas simbióticas y no simbióticas de manera consistente, pero presentan inconsistencias en la nomenclatura de los clados entre los diferentes análisis. Es decir, en todos los casos se formaron: un cluster de hemoglobinas simbióticas y tres de hemoglobinas no simbióticas en plantas. Sin embargo, hay una discrepancia en la nomenclatura. Cabe destacar que, en cada una de las filogenias reportadas se han considerado criterios diversos para nombrar los clusters. Por ejemplo, en el análisis realizado por Hunt et al., 2001, el criterio de clasificación para nombrar los clusters fue por especie, lo que podría minimizar el grado de similitud entre secuencias al momento de etiquetarlas. En el presente análisis es de gran importancia mencionar que la metodología usada reúne los criterios específicos novedosos que se sugieren para reconstruir las historias evolutivas. Una de las perspectivas de este análisis es aumentar de manera significativa el número de especies de plantas e incluir otros organismos para tener una visión más amplia de la clasificación de las AHbs en organismos de los tres dominios, usando herramientas bioinformáticas novedosas para su análisis.

En el caso del grado de conservación de los dominios canónicos E7, CD1 y C2 de unión al grupo hemo y a ligandos, identificamos que están conservados en un alto grado en las 142 secuencias de plantas analizadas. Estos dominios también los identificamos en las estructuras terciarias del modelamiento molecular de

PvSAHb y de PvNsAHb. Es importante mencionar que la estructura terciaria está conformada por α -hélices y láminas- β , dentro de las cuales se encuentran los dominios conservados formando una cavidad proximal F8 y distal E7 que contiene un residuo histidina (His), este aa es uno de los sitios de unión del hierro al grupo hemo. El residuo His está conservado en el 95% de las secuencias que conforman los clados de las hemoglobinas SAHb y NsAHb1 y 2, sin embargo, no está presente en ninguna de las secuencias del clado de mayor ancestría NsAHb3. Este resultado es consistente con la historia evolutiva de la terrestreización de las plantas, en donde se plantea que el oxígeno fue la molécula modeladora que permitió la colonización de nichos terrestres.

Adicionalmente, se ha sugerido que un mecanismo opuesto se presenta en organismos evolutivamente más recientes como los vertebrados. En dichos organismos, la estructura molecular de las hemoglobinas tiene una cavidad proximal y otra distal alrededor del grupo hemo en las SAHbs y las mAHBs esto sugiere un mecanismo opuesto de regulación a sus ligandos. En las mAHBs, se ha descrito un mecanismo de compuerta donde la histidina distal unida de manera estable a una molécula de agua genera un impedimento estérico, restringiendo su unión a otros ligandos. Además, la presencia de una serina conservada en la cavidad proximal restringe su movimiento, esto no ocurre en las SAHbs donde el movimiento de la histidina proximal al grupo hemo no se obstaculiza, lo que aumenta la afinidad por su ligando y la constante de asociación con el O₂ (Kundu et al., 2003).

Además, se encontró que ninguna de las AHbs de *P. vulgaris* se agrupó dentro del cluster NsAHbs1 (clase 1), mientras que cuatro de sus AHbs se agruparon dentro de la clase 2 y dos en la clase 3, las cuales tienen una mayor expresión en la raíz. En este sentido, Larrainzar y colaboradores (2020) reportaron que algunas NsAHbs de *M. truncatula* presentan niveles de expresión muy altos en las raíces, y se sugiere que dentro de sus principales funciones está la de mantener el estado redox y energético de las células, lo cual se requiere para la supervivencia de las plantas en condiciones hipóxicas. Aunado a esto, es importante mencionar que la sobreexpresión de las NsAHbs de clase 1 y 2 de *A. thaliana* incrementa la supervivencia de las plantas ante condiciones de anoxia (Hebelstrup et al., 2006), mientras que el silenciamiento de una NsAHbs de clase 1 en *Arabidopsis* compromete la supervivencia de las plantas ante condiciones de hipoxia y genera anomalías en el desarrollo de los hidatodos de las hojas y en las inflorescencias (Hebelstrup et al., 2006).

Además, se ha reportado que las NsAHbs de clase 1 son inducidas en tejidos

de rápido crecimiento. En *Arabidopsis*, la actividad del promotor de un tipo de estas hemoglobinas se ha reportado en hipocotilos y cotiledones de plántulas jóvenes y en plantas en proceso de senescencia, mientras que las NsAHbs de clase 2 se observó en plantas adultas (Hunt et al., 2001). En *Arabidopsis*, la sobreexpresión de las NsAHb clase 1 y 2 conllevan al incremento en el tamaño de las hojas y el diámetro de la roseta de las plantas (Kuruthukulangarakoola et al., 2017). Además, la sobreexpresión de la NsAHbs 1 de espinaca en *A. thaliana* incrementó la velocidad de floración, pero las plantas resultaron más susceptibles al estrés osmótico y salino (Bai et al., 2016). Por su parte, en *M. truncatula*, una NsAHb de clase 1 se activa transcripcionalmente bajo condiciones de hipoxia y se expresa preferencialmente en los meristemas, los haces vasculares de las raíces y los nódulos (Villar et al., 2020). Sin embargo, su localización no es restrictiva y se ha sugerido que podría cambiar en función de estímulos y disponibilidad de O₂. Por ejemplo, los promotores provenientes de las NsAHbs de *Parasponia andersonii* y *Trema fomenfosa* mostraron actividad de su promotor en los nódulos simbióticos de *Lotus corniculatus* cuando se expresan de manera heteróloga (Andersson et al., 1997).

En el caso de las SAHbs, se encontró que *P. vulgaris* tiene dos representantes, *PvSAHbA* y *PvSAHbB*, siendo *PvSAHbA* la que presenta una mayor expresión en los nódulos. En *L. japonicus*, el silenciamiento de una SAHbs da como resultado la formación de nódulos blancos, los cuales presentan una elevada concentración de oxígeno libre y exhiben una proporción ATP/ADP reducida; además en estos nódulos se observan alteraciones en la ultraestructura y en la diferenciación de los bacteroides (Ott et al., 2005, 2009). De manera relevante, en *L. japonicus* existe una NsAHbs de la clase 1 que se expresa en los nódulos, y su sobreexpresión incrementa el número de nódulos y la fijación de nitrógeno (Shimoda et al., 2009). Además, las líneas estables sobreexpresantes del mismo gen, tienen niveles reducidos de NO e incrementan la fijación de N₂ en nódulos maduros y senescentes (Fukudome et al., 2019).

Por otra parte, se encontró que *PvSAHbA* y *PvNsAHb3B* incrementan sus niveles de expresión ante la infección con *F. solani* y *Endornavirus*. De manera interesante, existen diversos reportes que describen la relación entre las Hbs y la respuesta inmune de las plantas. En este sentido, se ha reportado que la expresión de los genes que codifican para NsAHbs de la clase 1 en algodón son inducidas por hormonas relacionadas con la defensa de las plantas como el ácido salicílico (SA), el ácido jasmónico (JA) y el etileno (ET) (Seregélyes et al., 2003). Además,

en las plantas que presentan alguna alteración en la expresión endógena de las hemoglobinas, se ve afectada positiva o negativamente la respuesta de defensa ante diferentes patógenos. La sobreexpresión de una NsAHb de algodón en *Arabidopsis* incrementó la expresión de genes implicados en la defensa de las plantas (PR) y genes de la vía biosintética de JA, lo cual conlleva a una mayor resistencia ante patógenos como *Verticillium dhaliae* (Qu et al., 2006). Asimismo, la sobreexpresión de una NsAHb de la clase 1 de *Medicago sativa* en tabaco conlleva al incremento de la resistencia al virus de la necrosis del tabaco (TNV) y a la infección de *Pseudomonas syringae* (Seregélyes et al., 2003). Sin embargo, en el 2012, Mur y colaboradores reportaron que la sobreexpresión de una NsAHb de clase 1 de *Arabidopsis* regula negativamente la respuesta contra *Pseudomonas syringae* y *Botrytis cinerea*. Los autores relacionaron el incremento de la susceptibilidad de la línea sobreexpresora (35S-GLB1) a esos patógenos, debido a una menor producción de ET y del JA. Por otra parte, el silenciamiento de esta hemoglobina causó un incremento de NO y H₂O₂ en las plantas mutantes (Mur et al., 2012). En este sentido se ha reportado que, las NsAHbs, al modular la concentración de NO, pueden regular la respuesta de defensa de las plantas debido a que el NO es regulado por la vía de SA e incrementa los niveles de JA por la inducción de tres genes biosintéticos: *LOX2*, *AOS* y *OPR3* (Wally et al., 2013).

CONCLUSIÓN

Los análisis filogenéticos evidencian la formación de cuatro clusters de hemoglobinas en 18 especies de plantas. El de mayor ancestría NsAHb3, seguido de SAHb, NsAHb1 y el NsAHb2 de reciente aparición. En el cluster SAHb se agruparon especies que tienen interacciones simbióticas como las leguminosas y dos gimnospermas. Al igual que en el cluster NsAHb2, en el cluster NsAHb1 especies ancestrales y gramíneas. Los sitios canónicos E7, CD1 y C2 que están involucrados en la unión al grupo hemo y en la interacción con los ligandos están conservados en la mayoría de las 142 secuencias de plantas analizadas. El paisaje transcripcional evidenció la sobreexpresión de la *PvSAHbA* en los nódulos de *P. vulgaris*, mientras que las *PvNsAHb*'s tuvieron mayor expresión en los tejidos no simbióticos. En la interacción con patógenos identificamos que durante la infección con *F. solani* se sobreexpresa la *PvSAHbA* y con *Endornavirus* la *PvNsAHb3B*. Estos resultados nos permiten sugerir que, además de ser específicas de un proceso simbiótico o infeccioso, las hemoglobinas tienen una expresión estadio-tejido específicas en *P. vulgaris*.

Agradecimientos

Agradecemos a CONAHCyT por las becas posdoctorales a Janet Palacios-Martínez (No. 2342655) y a Ana Isabel Chávez-Martínez (No. 4057713). A PAPIIT-UNAM IN221224 y Fronteras de la Ciencia CONAHCyT 2023 No. 1032. También al apoyo de los técnicos laboratoristas MC. Juan Olivares-Grajales y a la Biol. Olivia Santana Estrada

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Andersson CR, Llewellyn DJ, Peacock WJ, Dennis ES. 1997. Cell-specific expression of the promoters of two nonlegume hemoglobin genes in a transgenic legume, *Lotus corniculatus*. *Plant Physiology*, 113(1), 45-57.
- Bahmani R, Kim DG, Na JD, Hwang S. 2019. Expression of the tobacco non-symbiotic class 1 hemoglobin gene *hb1* reduces cadmium levels by modulating *cd* transporter expression through decreasing nitric oxide and ROS level in *Arabidopsis*. *Frontiers in Plant Science*, 10(February), 1–19. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00201>
- Bai X, Long J, He X, Yan J, Chen X, Tan Y, Li K, Chen L, Xu H. 2016. Overexpression of spinach non-symbiotic hemoglobin in *Arabidopsis* resulted in decreased NO content and lowered nitrate and other abiotic stresses tolerance. *Scientific Reports*, 6(May), 1–14. <https://doi.org/10.1038/srep26400>
- Becana M, Yruela I, Sarath G, Catalán P, Hargrove MS. 2020. Plant hemoglobins: a journey from unicellular green algae to vascular plants. *New Phytologist*, 227(6), 1618–1635. <https://doi.org/10.1111/nph.16444>
- Borroto RG, Arredondo-Peter R. 2015. Las hemoglobinas de las bacterias. *Revista de Educación Bioquímica*, 34(3), 66–71.
- Chen L, Wu Q, He T, Lan J, Ding L, Liu T, Wu Q, Pan Y, Chen T. 2020. Transcriptomic and Metabolomic Changes Triggered by *Fusarium solani* in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Genes*, 11(2), 177. <https://doi.org/10.3390/genes11020177>
- Fukudome M, Watanabe E, Osuki K, Imaizumi R, Aoki T, Kucho K, Becana M, Uchiumi T. 2019. Stably transformed *Lotus japonicus* plants overexpressing phytohemoglobin *LjGlb1-1* show decreased nitric oxide levels in roots and nodules as well as delayed nodule senescence. *Plant & Cell Physiology*, 60: 816–825. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy245>
- Hardison RC. 1996. A brief history of hemoglobins: Plant, animal, protist, and bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 93(12), 5675–5679. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.12.5675>
- Hebelstrup KH, Hunt P, Dennis E, Jensen SB, Jensen EO. 2006. Hemoglobin is essential for normal growth of *Arabidopsis* organs. *Physiologia Plantarum*, 127(1), 157–166. <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.2006.00653.x>
- Hoy JA, Hargrove MS. 2008. The structure and function of plant hemoglobins. *Plant Physiology and Biochemistry*, 46(3), 371–379. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2007.12.016>
- Hoy JA, Robinson H, Trent JT, Kakar S, Smagghe BJ, Hargrove MS. 2007. Plant Hemoglobins: A Molecular Fossil Record for the Evolution of Oxygen Transport. *Journal of Molecular Biology*, 371(1), 168–179. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2007.05.029>

- Hunt PW, Watts RA, Trevaskis B, Llewelyn DJ, Burnell J, Dennis ES, Peacock WJ. 2001. Expression and evolution of functionally distinct haemoglobin genes in plants. *Plant Molecular Biology*, 47(5), 677–692. <https://doi.org/10.1023/A:1012440926982>
- Igamberdiev AU, Hill RD. 2004. Nitrate, NO and haemoglobin in plant adaptation to hypoxia: an alternative to classic fermentation pathways. *Journal of experimental botany*, 55(408), 2473–82. doi: 10.1093/jxb/erh272. Epub 2004 Sep 24. PMID: 15448180.
- Khankhum S, Sela N, Osorno JM, Valverde RA. 2016. RNAseq analysis of endornavirus-infected vs. endornavirus-free common bean (*Phaseolus Vulgaris*) cultivar black turtle soup. *Frontiers in Microbiology*, 7(NOV), 10–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01905>
- Kundu S, Trent JT, Hargrove MS. 2003. Plants, humans and hemoglobins. *Trends in Plant Science*, 8(8), 387–393. [https://doi.org/10.1016/S1360-1385\(03\)00163-8](https://doi.org/10.1016/S1360-1385(03)00163-8)
- Kuruthukulangarakoola GT, Zhang J, Albert A, Winkler B, Lang H, Buegger F, Gaupels F, Heller W, Michalke B, Sarioglu H, Schnitzler JP, Hebelstrup KH, Durner J, Lindermayr C. 2017. Nitric oxide-fixation by non-symbiotic haemoglobin proteins in *Arabidopsis thaliana* under N-limited conditions. *Plant Cell and Environment*, 40(1), 36–50. <https://doi.org/10.1111/pce.12773>
- Larrainzar E, Villar I, Rubio MC, Pérez-Rontomé C, Huertas R, Sato S, Mun JH, Becana M. 2020. Hemoglobins in the legume–Rhizobium symbiosis. *New Phytologist*, 228(2), 472–484. <https://doi.org/10.1111/nph.16673>
- Letunic I, Bork P. 2024. Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Research*, gkae268.
- Maassen A, Hennig J. 2011. Effect of *Medicago sativa* Mhb1 gene expression on defense response of *Arabidopsis thaliana* plants. *Acta biochimica Polonica*, 58(3), 427–432. https://doi.org/10.18388/abp.2011_2257
- Mur LAJ, Sivakumaran A, Mandon J, Cristescu SM, Harren FJM, Hebelstrup, Kim H. 2012. Haemoglobin modulates salicylate and jasmonate/ethylene-mediated resistance mechanisms against pathogens. *Journal of Experimental Botany*, 63(12), 4375–4387. <https://doi.org/10.1093/jxb/ers116>
- Ott T, Sullivan J, James EK, Flemetakis E, Günther C, Gibon Y, Ronson C, Udvardi M. 2009. Absence of symbiotic leghemoglobins alters bacteroid and plant cell differentiation during development of *Lotus japonicus* root nodules. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22: 800–808. <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-7-0800>
- Ott T, van Dongen JT, Gunther C, Krusell L, Desbrosses G, Vigeolas H, Bock V, Czechowski T, Geigenberg P, Udvardi M. 2005. Symbiotic leghemoglobins are crucial for nitrogen fixation in legume root nodules but not for general plant growth and development. *Current Biology*, 15: 531–535. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2005.01.042>
- Qu ZL, Zhong NQ, Wang HY, Chen AP, Jian GL, Xia GX. 2006. Ectopic expression of the cotton Non-symbiotic Hemoglobin gene GhHbd1 triggers defense responses and increases disease tolerance in *Arabidopsis*. *Plant and Cell Physiology*, 47(8), 1058–1068. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcj076>
- Schrödinger L, DeLano W. 2020. *PyMOL*.
- Seregélyes C, Barna B, Hennig J, Konopka D, Pasternak TP, Lukács N, Fehér A, Horváth GV, Dudits D. 2003. Phytoglobins can interfere with nitric oxide functions during plant growth and pathogenic responses: A transgenic approach. *Plant Science*, 165(3), 541–550. [https://doi.org/10.1016/S0168-9452\(03\)00213-9](https://doi.org/10.1016/S0168-9452(03)00213-9)
- Shimoda Y, Shimoda-Sasakura F, Kucho K, Kanamori N, Nagata M, Suzuki A, Abe M, Higashi S, Uchiumi T. 2009. Overexpression of class 1 plant hemoglobin genes enhances symbiotic nitrogen fixation activity between *Mesorhizobium loti* and *Lotus japonicus*. *The Plant Journal*, 57: 254–263.

<https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2008.03689.x>

- Vázquez-Limón C, Hoogewijs D, Vinogradov SN, Arredondo-Peter R. 2012. The evolution of land plant hemoglobins. *Plant Science*, 191–192, 71–81. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2012.04.013>
- Villar I, Larrainzar E, Milazzo L, Pérez-Rontomé C, Rubio MC, Smulevich G, Martínez JI, Wilson MT, Reeder B, Huertas R, Abbruzzetti S, Udvardi M, Becana M. 2020. A plant gene encoding one-heme and two-heme hemoglobins with extreme reactivities toward diatomic gases and nitrite. *Frontiers in Plant Science*, 11, 600336. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.600336>
- Vinogradov SN, Moens L. 2008. Diversity of globin function: Enzymatic, transport, storage, and sensing. *Journal of Biological Chemistry*, 283(14), 8773–8777. <https://doi.org/10.1074/jbc.R700029200>
- Vinogradov SN, Hoogewijs D, Bailly X, Arredondo-Peter R, Gough J, Dewilde S, Moens L, Vanfleteren JR. 2006. A phylogenomic profile of globins. *BMC Evolutionary Biology*, 6, 1–17. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-6-31>
- Vinogradov SN, Hoogewijs D, Bailly X, Mizuguchi K, Dewilde S, Moens L, Vanfleteren JR. 2007. A model of globin evolution. *Gene*, 398, 132–142. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2007.02.041>
- Wally OSD, Mira MM, Hill RD, Stasolla C. 2013. Hemoglobin regulation of plant embryogenesis and plant pathogen interaction. *Plant Signaling and Behavior*, 8(8). <https://doi.org/10.4161/psb.25264>
- Waterhouse AM, Procter JB, Martin DM, Clamp M, Barton GJ. 2009. Jalview Version 2—a multiple sequence alignment editor and analysis workbench. *Bioinformatics*, 25(9), 1189–1191.
- Watts RA, Hunt PW, Hvitved AN, Hargrove MS, Peacock WJ, Dennis ES. 2001. A hemoglobin from plants homologous to truncated hemoglobins of microorganisms. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98(18), 10119–10124. <https://doi.org/10.1073/pnas.191349198>

Efectividad del baile contra el estrés parental en madres de hijos con discapacidad intelectual en el municipio de Guasave

Lucía Leyva Camacho¹, Marina Medina Corrales³, Brenda L. Valle Valdés², Blanca R. Rangel Colmenero³, David A. Zazueta Valenzuela¹♦

¹ Universidad Autónoma de Occidente. Departamento de Ciencias de la Salud.

² Universidad Autónoma de Occidente. Departamento de Ciencias Sociales.

³ Universidad Autónoma de Nuevo León. Facultad de Organización Deportiva.

♦ **Correspondencia:** david.zazueta@uadeo.mx

Área Temática:

Ciencias Biomédicas

Recibido: 30 de noviembre, 2024

Aceptado: 26 de diciembre, 2024

Publicado: 27 de enero de 2025

Cita: Leyva CL, Medina CM, Valle VBL, Rangel CBR y Zazueta VA. 2025. Efectividad del baile contra el estrés parental en madres de hijos con discapacidad intelectual en el municipio de Guasave. *Bioc Scientia* 1(1).

<https://doi.org/10.63622/RBS.2407>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: El objetivo de este estudio fue examinar el estrés parental antes y después de una intervención de baile en madres de hijos con discapacidad intelectual. La discapacidad es una condición que afecta a las personas independientemente de la edad, que puede ser de origen congénita o adquirida. La discapacidad de un hijo genera estrés, mayormente en las mamás, debido a que son ellas quienes adquieren el rol de atención y cuidados a la condición de discapacidad. Esta investigación es un estudio con un diseño cuasiexperimental. La intervención de baile fue de 60 minutos, cuatro sesiones por semana, durante 8 semanas. La muestra incluyó a 21 sujetos, fueron asignados de la siguiente manera, nueve en el grupo experimental y 12 en el grupo control. Se analizaron las variables de estrés parental mediante el índice de estrés parental versión corta (PSI-SF, por sus siglas en inglés). En la prueba posterior, los participantes mostraron niveles reducidos de estrés ($p = .011$). Se concluyó que el baile puede ser efectivo para disminuir el estrés en madres de hijos con discapacidad intelectual.

Palabras clave: Baile, Discapacidad, Estrés, Hijos, Madres.

Abstract: The objective of this study was to examine parenting stress before and after a dance intervention in mothers of children with intellectual disabilities. Disability is a condition that affects people regardless of age, which can be of congenital or acquired origin. The disability of a child generates stress, mostly in mothers, because they are the ones who assume the role of attention and care for the disability condition. This research is a quasi-experimental design study. The dance intervention was 60 minutes, four sessions per week, for 8 weeks. The sample included 21 subjects; they were allocated as follows, nine in the experimental group and 12 in the control group. Parenting stress variables were analyzed using the short form of the Parenting Stress Index (PSI-SF). In the post-test, participants showed reduced levels of stress ($p = .011$). It was concluded that dance can be effective in reducing stress in mothers of children with intellectual disabilities.

Keywords: Dance, Disability, Stress, Sons, Mothers.

INTRODUCCIÓN

La discapacidad es una condición que afecta a las personas independientemente de la edad, que puede ser de origen congénita o adquirida, la Organización Mundial de la Salud (OMS) la define como “cualquier restricción o impedimento de la capacidad de realizar una actividad en la forma o dentro del margen que se considera normal para el ser humano” (2013). En el mundo existen más de mil millones de personas con algún tipo de discapacidad, en México las personas con discapacidad representan el 6.8% de la población, en el estado de Sinaloa se reporta a 147 958 personas (4.9% de la población) y en el municipio de Guasave, las personas con discapacidad significan más del 5% de la población y se identifican 16594 casos, de los cuales el 31.73% corresponde a niños y jóvenes en edades comprendidas entre 0 y 19 años (Data México, 2024; INEGI, 2023).

En el pasado se utilizó el término retraso mental para definir a las personas que presentaban problemas para interactuar y llevar a efecto las funciones en la vida cotidiana, en la actualidad a la discapacidad intelectual se define como una condición multidimensional del funcionamiento humano como todas las actividades vitales de un individuo, estructuras y funciones corporales, actividades personales y participación (Wehmeyer et al., 2008). El diagnóstico clínico de la discapacidad intelectual se basa en tres criterios: 1) limitaciones significativas en el funcionamiento intelectual, 2) limitaciones significativas en la conducta adaptativa que se manifiestan en las habilidades conceptuales, sociales y prácticas y 3) inicia antes de la mayoría de edad (Luckasson et al., 2004). La discapacidad intelectual se reconoce como las limitaciones en el funcionamiento mental originadas por daño a nivel estructural y funcional (Wehmeyer et al., 2008). Muñoz y Marín (2005) mencionan experiencias obtenidas de padres de hijos diagnosticados con discapacidad intelectual como la negación de la expresión de la carga emocional que sienten los padres después del diagnóstico, escasa ayuda a los padres, no se toma en cuenta al cuidador que presenta con frecuencia problemas físicos y psicológicos, también ausencia de protocolos preventivos para el binomio.

Se sabe que la relación entre padres e hijos da origen a un núcleo familiar funcional y armónico, en condiciones de salud, sin embargo, cuando la labor y responsabilidad de los padres excede ante las demandas y necesidades de cuidados y atención de los hijos, aparecen niveles de estrés elevados (Pérez y Santelices, 2016). Sepa et al., (2004), definen el estrés parental como una reacción emocional desagradable de los padres hacia la demanda que representa la crianza de los hijos. Se ha demostrado que la exposición al estrés, afecta en diferente medida la salud (Donna, 2019). De tal manera que con frecuencia las mamás cuidadoras presentan síntomas de estrés psicológico como tensión, cefalea, inquietud entre otros (Hegde et al., 2020). Las mamás son quienes presentan un mayor nivel de estrés en la crianza del hijo en relación con el padre, ya que son ellas quienes principalmente adquieren el rol de atención y cuidados (Vera, 2011).

Tras las consideraciones históricas de Págola (2016), dentro de las comunidades primitivas, el baile fue visto como un vínculo para comprender y dirigir los ritmos del universo, en la mayoría de las culturas, según la autora, el baile desempeñó un papel en los rituales de curación y también se reconoció su capacidad para promover el vínculo social. Este tipo de intervención está relacionada culturalmente con el género femenino (Muro y Artero, 2017). La práctica de baile como actividad física ha sido asociada con beneficios al organismo en diferentes aspectos, esto ha permitido a los profesionales de la salud recurrir a terapias no farmacológicas buscando mejorar la calidad de vida de las

personas, implementando el baile como terapia (Ali et al., 2017; Dos Santos et al., 2017).

La supervivencia del ser humano sea ha dado gracias a los procesos adaptativos, favorecidos por los diferentes sistemas que lo conforman, incluyendo al sistema locomotor responsable de los movimientos corporales, así también la actividad física ha evolucionado donde los movimientos corporales dieron origen a expresiones organizadas, generando la diversidad de actividades físicas, deportivas y recreacionales, que hoy en día realiza el hombre (Luarte, 2016). La función del sistema locomotor es el movimiento corporal y este es una característica importante del hombre (Altuve, 2016). El movimiento forma parte de la transformación que ha presentado la actividad física a lo largo del tiempo, donde el hombre ha podido modificar estilos de vida, para mejorar diferentes aspectos de su vida, tanto en el ámbito deportivo como en la salud (Toledo, 2015).

La fusión de movimiento y de música da lugar a reacciones placenteras que desencadenan respuestas fisiológicas sobre la función del sistema parasimpático (Bernardi et al., 2017). Por su parte el estrés mantiene una relación estrecha con la desregulación de este sistema (Dennis et al., 2014). En ese sentido el baile tiende a mantener una activación del sistema simpático atenuada, con la consiguiente activación parasimpática, manteniendo esta relación de antagonismo fisiológico (Lee et al., 2009). Investigaciones recientes se están enfocando al estudio de la viabilidad del baile como terapia innovadora para tratar diversos problemas de salud. dando soporte a la idea de que el baile rehabilita y tiene efectos positivos en la salud (Fernández et al., 2019; Serrano-Guzmán et al., 2016; Demers y McKinley, 2015).

Considerando la falta de información actualizada, sólida y suficiente al respecto, nace el interés por estudiar la influencia del baile sobre variables como el estrés parental en madres de hijos con discapacidad, con la intención de generar soporte empírico, que sirva de base a futuras investigaciones que permitan implementar el baile para disminuir las condiciones de riesgo en el bienestar, de estos grupos vulnerables. Por lo anterior, el objetivo del presente estudio fue analizar la influencia que tiene el baile sobre el estrés parental, en madres de hijos con discapacidad.

MATERIALES Y MÉTODOS

Sujetos

Se evaluaron a 21 mujeres mayores de edad, el promedio de edad de la muestra de estudio fue de 33.86 ± 4.54 años. Todas eran mamás de un niño con discapacidad intelectual con una edad promedio de 9.48 ± 1.43 años, inscrito en un Centro de Atención Múltiple (CAM) en el Municipio de Guasave. Se obtuvo una tasa de participación del 100%. El muestreo de selección de los elementos se llevó a cabo por conveniencia, fueron asignados de la siguiente manera 9 sujetos en el grupo experimental y 12 en el grupo control, se consideró que no hubiera daño físico que imposibilitara el movimiento y que las participantes fueran las principales responsables de cuidados y atención al niño, así mismo que contaran con un dispositivo móvil conectado a internet, para que pudieran contestar el cuestionario y enviar las respuestas desde su domicilio. Se invitó a través de mensajes de texto y llamadas de teléfono a las participantes que cumplieran con los

criterios. Se les explicó en lenguaje claro las características del protocolo. Una vez que aceptaron firmaron la carta de consentimiento informado. Se informó a los participantes sobre los beneficios y posibles riesgos que pudieran presentarse con la intervención de acuerdo con el Reglamento de la Ley General de Salud en Materia de Investigación para la Salud (1983) y la Declaración de Helsinki (World Medical Association, 2024). Finalmente, el proyecto fue aprobado por el Comité de Ética de la Universidad Autónoma de Occidente (CM-UAdeO 09.10/2020).

Instrumentos

Estrés parental

El estrés parental se puede evaluar mediante diferentes escalas, una de las más utilizadas y validadas en diferentes poblaciones internacionales es el Parenting Stress Index PSI-SF (por sus siglas en inglés), elaborada por Richard R. Abidin (1992). El PSI-FS se puede aplicar a padres de hijos con diferentes grados de discapacidad intelectual y abarca un amplio rango de edades y brinda una puntuación de estrés total de tres escalas: angustia de los padres, interacción disfuncional padre-hijo e hijo difícil (Jenaro y Gutiérrez-Bermejo, 2015). Evalúa el estrés que sufren los padres, secundario al cuidado diario de los hijos, ya sea por las características propias de los padres, por las conductas de los hijos o por diferentes condiciones situacionales (Díaz-Herrero et al., 2010).

Para medir el estrés parental se utilizó el índice de Estrés Parental de Abidin (1992) versión corta (PSI-SF), el cual consta de 36 elementos divididos en tres subescalas con 12 ítems para cada una de ellas. Se trata de una medida de autoinforme, que se evaluó mediante una escala tipo Likert de 5 puntos donde 1 = *totalmente en desacuerdo*, 2 = *en desacuerdo*, 3 = *no estoy seguro*, 4 = *de acuerdo*, 5 = *totalmente de acuerdo*; las tres subescalas que lo componen son: Angustia Parental, Interacción Disfuncional Padre-Hijo e Hijo Difícil, la suma de estas tres subescalas proporciona la puntuación final del estrés total (Díaz-Herrero et al., 2010).

Procedimientos

El protocolo experimental consistió en dos etapas de evaluación, la primera se llevó a cabo previa a la intervención de baile, donde se evaluó el estrés parental, posterior a la intervención se llevó a cabo la segunda evaluación.

El programa de actividad física fue diseñado por una Licenciada en ciencias del ejercicio, con maestría en actividad física y deporte en gestión deportiva, la intervención fue de carácter individual, en el domicilio particular de cada una de las participantes, se grabaron 4 videos cada uno con una sesión de baile de diferente intensidad en memoria flash, donde la intensidad del baile se fue incrementando de manera paulatina del video 1 al 4. Solo el grupo experimental participó de la aplicación de la intervención de baile durante 8 semanas, 4 sesiones por semana de 60 minutos de duración cada una. Las sesiones de baile combinaron diferentes géneros e intensidades. Se dividieron en tres momentos: Calentamiento y activación con movimientos de miembros pélvicos y desplazamientos laterales, anteriores y posteriores, estiramientos de miembros torácicos y cuello (10 min), en la parte intermedia se trabajó a intensidad moderada, con movimientos rítmicos de todo el cuerpo (40 min) y la parte de recuperación, mediante movimientos ligeros (10 min).

Análisis estadístico

Para el procesamiento de datos se utilizó el programa Statistical Package for Social Sciences (SPSS) por sus siglas en inglés, versión 21. Todos los datos se informaron como media y desviación estándar. Para conocer si los datos se ajustaban a una distribución normal se utilizó la prueba de Shapiro-Wilk debido al número de la muestra < 50 .

Los valores del estrés parental no presentaron una distribución normal. Para describir el nivel de estrés parental, se eligió la prueba no paramétrica U de Mann-Whitney, mediante la cual se realizó un análisis comparativo de las diferencias entre grupos. Mientras que la prueba de Wilcoxon se empleó para describir el nivel de estrés parental, previo y posterior a la intervención de baile. Se aceptó un nivel de confianza del 95% (significación de $p \leq .05$).

RESULTADOS

Estrés parental

Se observaron los valores de las medias y la DE en ambos grupos de estudio. El grupo experimental tuvo puntuaciones medias más altas en la evaluación previa en las tres subescalas: Angustia parental ($M = 43.44$; $DE = 6.94$), interacción disfuncional padre e hijo ($M = 39.22$; $DE = 6.64$) e hijo difícil ($M = 38.66$; $DE = 7.41$), obteniendo una media alta del estrés parental total ($M = 121.33$; $DE = 19.03$) con relación a la evaluación posterior ($M = 76.22$; $DE = 17.61$), donde se obtuvieron medias más bajas en las tres subescalas angustia parental ($M = 23.66$; $DE = 7.43$), interacción disfuncional padre e hijo ($M = 28.44$; $DE = 2.69$) e hijo difícil ($M = 24.11$; $DE = 8.03$).

Las participantes del grupo control tuvieron una puntuación media alta en la evaluación previa del estrés parental total ($M = 122.75$; $DE = 13.98$) y una puntuación media más alta en la evaluación posterior ($M = 129$; $DE = 10.02$).

Al realizar la comparación de los grupos experimental y control se encontraron diferencias significativas en las tres subescalas y en el estrés total en la evaluación posterior, angustia parental $U = 3$, $P < .001$, interacción disfuncional padre hijo $U = 0.00$, $P < .001$, hijo difícil $U = 4.0$, $P < .001$, estrés total $U = 1.0$, $P < .001$. En donde el grupo experimental presentó menores niveles de estrés parental en la evaluación posterior a la intervención con relación al grupo control.

En la prueba de muestra relacionadas en el grupo experimental encontramos diferencias estadísticamente significativas en el estrés parental, donde los valores de la evaluación posterior fueron más bajos en las tres subescalas angustia parental ($Mdn=20$;Rango=22), Interacción disfuncional padre hijo ($Mdn=28$;Rango=9), Hijo difícil ($Mdn=21$;24) y estrés total ($Mdn=69$;Rango=51), en relación con la evaluación previa de angustia parental ($Mdn=44$;Rango=20), Interacción disfuncional padre hijo ($Mdn=40$; Rango=24), Hijo difícil ($Mdn=40$;Rango=21) y estrés total ($Mdn=126$;Rango=64) $Z=-2.54$, $P < .011$.

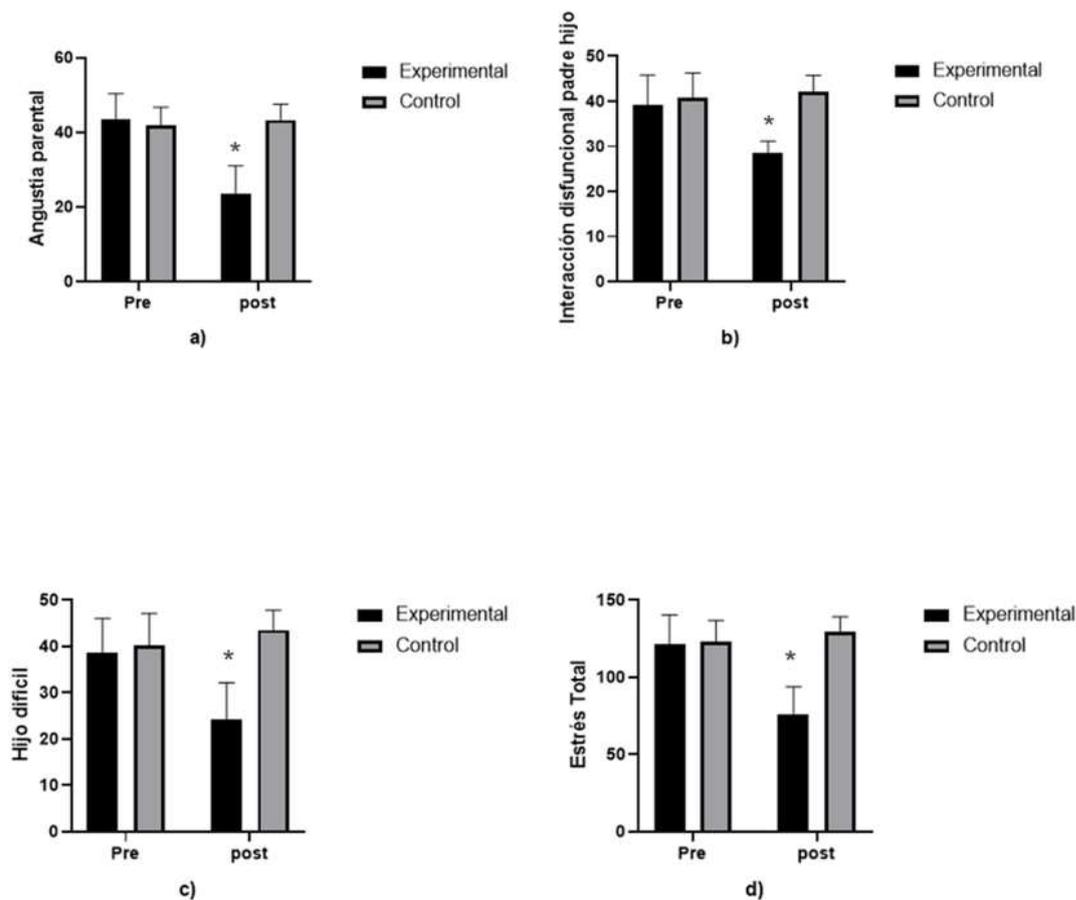


Figura 1. Comportamiento del estrés por subescalas y total del estrés parental previo y posterior a la intervención de baile en los grupos experimental y control.

DISCUSIÓN

La principal contribución de este estudio fue proporcionar datos de estrés parental posterior a una intervención de baile en madres que atienden hijos con discapacidad.

Fernández y col. (Fernández et al., 2019) estudiaron una muestra de 14 madres de niños con discapacidad. El propósito de ese estudio piloto fue examinar la viabilidad de implementar la intervención de baile, la satisfacción de las madres con la intervención y los cambios en el nivel de estrés experimentados por las madres al completar la intervención, se utilizó un diseño pretest-postest de un grupo. En la prueba posterior, los participantes mostraron niveles reducidos de estrés ($p = .028$).

Los resultados de la evaluación previa a la intervención de baile, que reporta el índice de Estrés Parental de Abidin (1992) versión corta (PSI-SF), muestran que las participantes del grupo experimental y del grupo control presentan una media alta, lo que es de esperarse, de acuerdo con la literatura, debido a que las madres cuidadoras se enfrentan a retos constantes de diversa índole en su vida diaria, o a una falta de vínculo adecuado con su hijo y problemas relacionados con las

características de la condición de discapacidad del niño, quizá también la falta de adaptación a la maternidad (Perez y Santelices, 2016; Sarmiento-Bolaños y Gómez-Acosta, 2013; Davis y Carter, 2008).

Al realizar la comparación de los grupos experimental y control en la evaluación posterior a la intervención, sugiere que la reducción significativa en las tres subescalas y en el estrés total de las participantes, podría mostrar que al concientizarse de sí mismas y de las respuestas de su propio cuerpo, logran encontrar formas diferentes de socializar e interactuar con sus hijos (Aithal et al, 2019). Por el contrario, las madres que no participaron de la intervención continúan con la falta de adaptación de afrontamiento y la falta de aceptación de la realidad (Palacios y Pinzón, 2017).

Asimismo, la reducción en la evaluación posterior a la intervención del grupo experimental, con relación a la evaluación previa, sugiere que el baile permite a las participantes relajarse y expresar sus sentimientos de forma no verbal, asimismo liberan tensión emocional (Ho et al, 2018). La reducción significativa de estrés parental puede estar relacionado al cambio en la forma de interacción con el niño y a la disminución de la angustia hacia la condición de discapacidad. Por otra parte, este hallazgo es semejante a los resultados de estudios previos que apoyan la intervención de baile para disminuir el estrés parental en condiciones de hijos con discapacidad (Leyva et al., 2022; Aithal et al., 2019).

CONCLUSIONES

Los hallazgos de este estudio muestran que el estrés parental es una constante en madres que atienden hijos con discapacidad intelectual, lo que permite sugerir que la atención y cuidados que brinda la mamá al hijo en condición de discapacidad origina en su organismo un desequilibrio emocional que requiere ser atendido mediante diferentes formas de apoyo. En segundo término, concluimos que el baile es una forma de actividad física prometedora para disminuir el estrés parental, debido a su naturaleza divertida. Por último, sería conveniente a través de los departamentos de prevención en las diferentes instituciones de salud, incorporar programas de baile en casa en estos grupos vulnerables, estableciendo rutinas de manera permanente y corroborar el efecto preventivo y terapéutico a largo plazo.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Abidin RR. 1992. *Manual del índice de estrés parental* (Trad. de H. Ayala y M. Gutiérrez). Documento inédito. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Aithal S, Karkou V, Kuppusamy G, Mariswamy P. 2019. Backing the backbones—A feasibility study on the effectiveness of dance movement psychotherapy on parenting stress in caregivers of children with autism spectrum disorder. *The Arts in Psychotherapy*, 64, 69–76.
- Ali S, Cushey K, Siddiqui A. 2017. Diversity and Dance: Exploring the Therapeutic Implications of World Dance. *Journal of Creativity in Mental Health*, 12(1), 31-47.
- Altuve Mejía E. 2016. Sociología del deporte, poder y globalización. Tendencias de la sociología del deporte en los últimos 25 años. *Espacio Abierto*, 25(4), 77-93.

- Bernardi NF, Bellemare-Pepin A, Peretz I. 2017. Enhancement of Pleasure during Spontaneous Dance. *Frontiers in Human Neuroscience*, 11(572), 1-14. DOI:10.3389/fnhum.2017.00572
- Data México. 2024. Secretaría de Economía. <https://www.economia.gob.mx>
- Davis NO, Carter AS. 2008. Parenting stress in mothers and fathers of toddlers with autism spectrum disorders: Associations with child characteristics. *Journal of Autism and Developmental Disorders*, 38(7), 1278-1291.
- Demers M, McKinley P. 2015. Feasibility of Delivering a Dance Intervention for SubAcute Stroke in a Rehabilitation Hospital Setting. *International Journal of Environmental Research* DOI:10.3390/ijerph120303120
- Dennis P, Weinberg J, Calhoun P, Watkins L, Sherwood A, Dennis M, Beckham J. 2017. An investigation of vago-regulatory and health-behavior accounts for increased inflammation in posttraumatic stress disorder. *Psychosomatic medicine*, 83, 33-39.
- Díaz-Herrero A, Brito de la Nuez AG, López JA, Pérez-López J, Martínez-Fuentes MT. 2010. Estructura factorial y consistencia interna de la versión española del Parenting Stress Index-Short Form. *Psicothema*, 22(4), 1033-1038.
- Donna KA. 2019. 2019 ACC/AHA Guideline on the Primary Prevention of Cardiovascular Disease. *Journal of the American College of Cardiology*, 74(10), 177-232.
- Dos Santos DM, Komerowski IG, Monteiro EP, Costa RR, Haas AN. 2017. Effects of dance practice on functional mobility, motor symptoms and quality of life in people with Parkinson's disease: a systematic review with meta-analysis. *Aging Clinical and Experimental Research*, 30(7), 727-735.
- Fernández Sánchez H, Enríquez Hernández CB, Sidani S, Hernández Osorio C, Castellanos Contreras E, Salazar Mendoza J. 2019. Dance Intervention for Mexican Family Caregivers of Children with Developmental Disability: A Pilot Study. *Journal of Transcultural Nursing*, 31(1). 1-7. DOI:10.1177/1043659619838027
- Hegde JR, Melukote SK, Srinivasan TM, Singh D. 2020. Indian aesthetic dance and yoga improves mental health among caregivers of children with neurodevelopmental disorders: a randomized trial. *International Journal of Community Medicine and Public Health*, 7(7), 2532-2541.
- Ho R, Fong T, Chan W, Kwan J, Chiu P, Yau J, Lam L. 2018. Psychophysiological effects of dance movement therapy and physical exercise on older adults with mild dementia: A randomized controlled trial. *Journal of Gerontology Series B: Psychological Sciences and Social Sciences*, 75(3), 560-570.
- INEGI. 2023. Encuesta Nacional de la Dinámica Demográfica. <https://www.inegi.org.mx>
- Jenaro C, Gutiérrez-Bermejo B. 2015. Análisis de la escala de estrés parental forma abreviada en padres de hijos con discapacidad intelectual mediante el modelo de rasch. *Revista Iberoamericana de Diagnóstico y Evaluación – e Avaliação Psicológica*, 39(1), 68-76.
- Lee H-J, Chae Y, Park H-J, Hahm D-H, An K, Lee H. 2009. Turo (Qi Dance) Training Attenuates Psychological Symptoms and Sympathetic Activation Induced by Mental Stress in Healthy Women. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 6(3), 399-405. DOI:10.1093/ecam/nem120
- Leyva Camacho L, Medina Corrales M, Bojórquez Castro LB, Rangel Colmenero BR. 2022. La influencia del baile sobre el estrés parental y VFC de hijos con discapacidad. *Amexco*, 2(5), 31-46.
- Luarte Rocha C, Garrido Méndez A, Pacheco Carrillo J, Daolio J. 2016. Antecedentes históricos de la Actividad Física para la salud. *Revista Ciencias de la Actividad Física UCM*, 17(1), 67-76.
- Luckasson R, Borthwick-Duffy S, Buntix W, Coulter DL, Craig EM, Reeve A, Schalock RL, Snell M, Spitalnik D, Spreat S, Tassé M. 2004. Retraso mental. Definición, clasificación y sistemas de apoyo. *Alianza Editorial*.
- Muñoz Bravo J, Marín Girona M. 2005. Necesidades sanitarias de las personas con discapacidad intelectual y sus familias. *Revista Española sobre Discapacidad Intelectual*, 36(3), 5-24.
- Muro M, Artero N. 2017. Dance practice and well-being correlates in young women. *Women & Health*, 57(10), 1193-1203.
- OMS. 2013. *Disability*. Sixty-sixth world health assembly. WHO, 1-7.
- Págola H. 2016. La danza. ¿Comprensión y comunicación a través del cuerpo en movimiento?. *Brocar. Cuadernos de Investigación Histórica*, (40), 269-293.
- Palacios E, Pinzón D. 2017. Sobrecarga, ansiedad y depresión en el cuidador de paciente con enfermedad cerebrovascular. *Repertorio de Medicina y Cirugía*, 26(2), 118-120.
- Pérez F, Santelices MP. 2016. Sintomatología depresiva, estrés parental y funcionamiento familiar. *Revista Argentina de Clínica Psicológica*, 23(3), 235-244.
- Reglamento de la Ley General de Salud en Materia de Investigación para la Salud. 1983. *Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos*. <https://www.salud.gob.mx>.
- Sarmiento-Bolaños MJ, Gómez-Acosta A. 2013. Mindfulness Una propuesta de aplicación en rehabilitación neuropsicológica. *Avances en psicología latinoamericana*, 31(1), 140-155.
- Sepa A, Frodi A, Ludvigsson J. 2004. Psychosocial correlates of parenting stress, lack of support and lack of confidence/security. *Scandinavian Journal of Psychology*, 45(2), 169-179.
- Serrano-Guzmán M, Valenza-Peña CM, Serrano-Guzmán C, Aguilar-Ferrández E, Valenza-Demet G, Villaverde-Gutiérrez C. 2016. Effects of a dance therapy programme on quality of life, sleep and blood pressure in middle-aged women: A randomised controlled trial. *Medicina Clínica (English Edition)*, 147(8), 334-339. DOI:10.1016/j.medcle.2016.11.016
- Toledo F. 2015. La teoría de las configuraciones sociales de Norbert Elias y su aplicación a la sociología del deporte recreativo en las nuevas élites de prestigio. *Andamios*, 12(28), 215-239.

-
- Vera Noriega JA. 2011. Apoyo parental, cohesión y adaptabilidad: Recursos familiares frente a la discapacidad. *Memorias del XI Congreso Nacional de Investigación Educativa*.
- Wehmeyer ML, Buntinx WHE, Lachapelle Y et al. 2008. El constructo de discapacidad intelectual y su relación con el funcionamiento humano. *Revista Española sobre Discapacidad Intelectual*, 39(3), 5-18.
- World Medical Association. 2024. Declaration of Helsinki – Ethical principles for medical research involving human participants. <https://www.wma.net>

Calosas Sintasa: Enzimas clave en la respuesta y adaptación de las plantas

Mariana E. Cesario-Solis¹, Luis G. Sarmiento-López²◆

¹ Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México

² Unidad de Investigación en Ambiente y Salud, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, México

◆Correspondencia: luis.sarmiento@uadeo.mx

Área Temática:

Ciencias de las Plantas

Recibido: 29 Noviembre, 2024

Aceptado: 30 de Diciembre, 2024

Publicado: 27 de Enero de 2025

Cita: Cesario-Solis ME y Sarmiento-López LG. 2025. Calosas Sintasa: Enzimas clave en la respuesta y adaptación de las plantas. *Bioc Scientia* 1(1): 2403. <https://doi.org/10.63622/RBS.2403>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: La calosa es un polisacárido formado por glucosa en enlaces β -1,3 que forma parte de la pared celular vegetal y está implicado en una variedad de procesos fisiológicos. Su síntesis se regula por las calosas/glucano sintasa (CalS/GSL), un grupo de enzimas localizadas en la membrana plasmática. La calosa no solo es fundamental en la estructuración de la pared celular, sino que también participa en la regulación del crecimiento celular, la división celular, en el transporte de moléculas y la defensa contra microorganismos patógenos. Durante las interacciones planta-microorganismo, la calosa se acumula en sitios de infección, formando barreras que limitan la propagación de los patógenos. Además, su acumulación está asociada con el establecimiento de respuestas de defensa, como la hipersensibilidad inducida por asociaciones simbióticas como la nodulación y la micorrización. Desde el punto de vista evolutivo, las CalS presentan una distribución generalizada en plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas y mediante un análisis filogenético detallado de diversas proteínas CalS, se identificaron cinco clados principales que agrupan a las proteínas de acuerdo con su relación evolutiva. Estos clados se organizan en un árbol filogenético que revela una estructura parafilética, lo que sugiere que ciertos grupos de CalS no comparten un ancestro común más reciente, destacando la complejidad y diversidad evolutiva de estas enzimas en *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Hordeum vulgare*, *Sorghum bicolor*, *Brassica rapa* ssp. *Pekinensis*, *Brassica napus*, *Gossypium hirsutum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium raimondii*, *Prunus mume* y *Citrus sinensis*. En el presente artículo se presenta una actualización exhaustiva sobre las CalS más relevantes para la síntesis de calosa, en el contexto de los procesos de desarrollo y crecimiento vegetal. Así mismo, se ha profundizado en las respuestas moleculares asociadas a las interacciones planta-microorganismo, donde las CalS no solo contribuyen a la integridad celular, sino también a la activación de mecanismos de defensa que incluyen la formación de barreras físicas contra patógenos.

Palabras clave: Calosa, Calosa sintasa, Plasmodesmo, Defensa, Simbiosis.

Abstract: Callose is a polysaccharide composed of glucose linked by β -1,3 bonds, which is part of the plant cell wall and is involved in various physiological processes. Its synthesis is regulated by callose/glucan synthases (CalS/GSL), a group of enzymes located in the plasma membrane. Callose is not only crucial for the structural integrity of the cell wall, but it also plays a role in regulating cell growth, cell division, molecular transport, and defense against pathogen microorganisms. During plant-microorganism interactions, callose accumulates at infection sites, forming barriers that limit pathogen spread. Furthermore, its accumulation is associated with the establishment of defense responses, such as hypersensitivity induced by symbiotic associations such as nodulation and mycorrhization. From an evolutionary perspective, CalS are widely distributed in both monocots and dicots plants, and through a detailed phylogenetic analysis of various CalS proteins, have been identified five main clades that group the proteins according to their evolutionary relationships. These clades are organized into a phylogenetic tree that reveals a paraphyletic structure, suggesting that certain groups of CalS do not share a more recent common ancestor, highlighting the evolutionary complexity and diversity of these enzymes in *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Hordeum vulgare*, *Sorghum bicolor*, *Brassica rapa* ssp. *Pekinensis*, *Brassica napus*, *Gossypium hirsutum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium raimondii*, *Prunus mume*, and *Citrus sinensis*. In this paper a thorough update on the most relevant CalS involved in callose synthesis, in the context of plant development and growth processes is presented. Also, it has been explored the molecular responses associated with plant-microbe interactions, where CalS not only contributes to cellular integrity but also activates defense mechanisms, including the formation of physical barriers against pathogens.

Keywords: Callose, Callose synthase, Plasmodesmata, Defense, Symbiosis

INTRODUCCIÓN

El descubrimiento de los procesos endosimbióticos ha sido clave para comprender el origen de la vida y la evolución de las plantas, las cuales fueron fundamentales para la transición de los ecosistemas acuáticos a los terrestres y para la transformación de la atmósfera, favoreciendo el desarrollo de formas de vida complejas (de Vries y Archibald, 2018). Sin embargo, las plantas, al ser organismos sésiles, enfrentan diversos factores de estrés biótico y abiótico, como la escasez de nutrientes y los ataques de microorganismos patógenos, lo que representa un reto para la agricultura, especialmente con el aumento de la demanda alimentaria debido al crecimiento poblacional (Tenhaken, 2015). Estos procesos están regulados por complejos mecanismos celulares y moleculares que responden a las condiciones ambientales, las cuales influyen en la actividad genética y las vías de señalización (Bacete et al., 2018).

Para enfrentar estos desafíos, las plantas han desarrollado mecanismos complejos de resistencia, como sistemas de monitoreo molecular que detectan señales de estrés y activan respuestas específicas. Uno de estos sistemas es la pared celular, cuya composición y propiedades fisicoquímicas pueden cambiar según el tipo de estrés al que se exponga la planta, afectando su capacidad de crecimiento y adaptación frente a condiciones adversas (Cosgrove, 2005).

La pared celular de las plantas es una estructura polimérica compleja, principalmente constituida por celulosa, hemicelulosa y lignina, cuya concentración varía considerablemente según el tipo de tejido y la especie vegetal (Cosgrove, 2022; Voiniciuc, 2022). Aunque la composición y la organización de la pared celular pueden variar en respuesta a factores ambientales y señales de desarrollo, los polisacáridos como la celulosa y la hemicelulosa son fundamentales para proporcionar la rigidez y la estructura básica de la pared. A diferencia de los tres componentes 'canónicos' de la pared celular, la calosa es un polisacárido estructuralmente similar a la celulosa, pero químicamente distinto (Zhang et al., 2021b; Ušák et al., 2023). El papel funcional de la calosa ha sido objeto de diversos estudios recientes, que han demostrado que su presencia en la pared celular modifica las propiedades físicas y mecánicas en las regiones donde se deposita, modulando así la resistencia de las plantas frente a factores bióticos y abióticos. A diferencia de la síntesis de celulosa y hemicelulosa, que ocurre en el aparato de Golgi, la calosa se sintetiza en la membrana plasmática de la célula mediante proteínas conocidas como calosa sintasa (CalS) o glucano sintasa (GSL, por sus siglas en inglés, *Glucan Synthase-Like*) (McFarlane et al., 2014; Ellinger y Voigt, 2014; Drábková y Honys, 2017).

En consecuencia, los estudios sobre las CalS han abarcado diversos campos de la biotecnología, desde la biología celular y molecular hasta su implicación en la fisiología del crecimiento de las plantas y su respuesta a distintos tipos de estrés. Esta revisión aborda los diversos aspectos de las funciones de las CalS en plantas, destacando su relevancia y singularidad funcional dentro de estos organismos.

BIOSÍNTESIS DE CALOSA EN LAS PLANTAS

La calosa es un polisacárido presente en la pared celular de las plantas, y al igual que otros componentes principales de esta estructura, como la celulosa, hemicelulosa, lignina y pectina, su composición puede variar considerablemente según el tipo de tejido, la estructura celular y el tipo específico de pared celular. A nivel molecular, tanto la calosa como la celulosa comparten una estructura química similar, ya que ambas están formadas por cadenas lineales de glucosa, aunque presentan diferencias en su organización y grado de cristalinidad (Cosgrove, 2022; Li et al., 2023). A diferencia de la celulosa, que posee una estructura cristalina altamente organizada, la calosa se caracteriza por una disposición menos ordenada, adoptando una estructura helicoidal o amorfa. Esta falta de una forma definida se debe a la variabilidad en la orientación de sus cadenas de glucosa, lo que resulta en una mayor flexibilidad y menor rigidez comparada con la celulosa. La calosa está constituida por una cadena de glucanos compuestos por residuos de glucosa unidas en enlaces β -1,3, mientras que la celulosa está compuesta principalmente por cadenas de glucosa unidas a través de enlaces β -1,4 (Figura 1A) (Cosgrove, 2022; Wang et al., 2022).

Para la biosíntesis de la calosa se usa UDP-glucosa (un nucleótido azucarado) como sustrato, y su síntesis está estrechamente asociada con varios procesos clave en el crecimiento y desarrollo celular, así como con respuestas a diferentes tipos de estrés, tanto biótico como abiótico. Diversos estudios han demostrado que la calosa se sintetiza en momentos específicos del desarrollo celular, como durante la formación de la pared celular y la generación de las placas celulares durante la división celular (Verma y Hong, 2001; Brownfield et al., 2007; Brownfield et al., 2008) (Figura 1B). Además, la producción de calosa se ve incrementada en situaciones de estrés, donde cumple un papel clave en la respuesta defensiva de las plantas. Su síntesis contribuye a la formación de barreras físicas y moleculares que protegen a la planta de patógenos y condiciones ambientales adversas (Voigt, 2014; Pérez-de-Luque et al., 2017). En este contexto, diversos estudios han señalado que la calosa juega un papel particularmente relevante en los haces vasculares y en los plasmodesmos, dos sitios críticos para la defensa (Figura 1B). En estos lugares, la calosa forma estructuras que actúan como barreras, limitando la propagación de microorganismos patógenos y regulando el paso de señales intercelulares, lo que refuerza la capacidad de la planta para responder a desafíos biológicos y abióticos (Wang et al., 2013; Zhang et al., 2015; Wu et al., 2018).

Como han señalado diversos autores, la calosa está implicada en una amplia gama de procesos celulares, especialmente en la respuesta defensiva frente a factores bióticos y abióticos, así como en la transmisión de información entre las células vegetales y regula el crecimiento y desarrollo de las plantas en diferentes etapas (Wang et al., 2021; Li et al., 2023). Así mismo, su monitoreo *in vivo* ha representado un reto continuo, dado que la distribución de calosa varía según el tipo de tejido y las condiciones experimentales. Sin embargo, con los avances en microscopía, es posible detectar y seguir la acumulación de calosa en diferentes

tejidos vegetales mediante tinción histoquímica con azul de anilina (Ellinger y Voigt, 2014). Esta técnica, que ha sido ampliamente empleada, permite visualizar la presencia de calosa en plantas sometidas a estrés, tanto en hojas como en raíces, proporcionando una herramienta valiosa para estudiar la dinámica de esta molécula en respuesta a infecciones o condiciones ambientales adversas (Ellinger y Voigt, 2014).

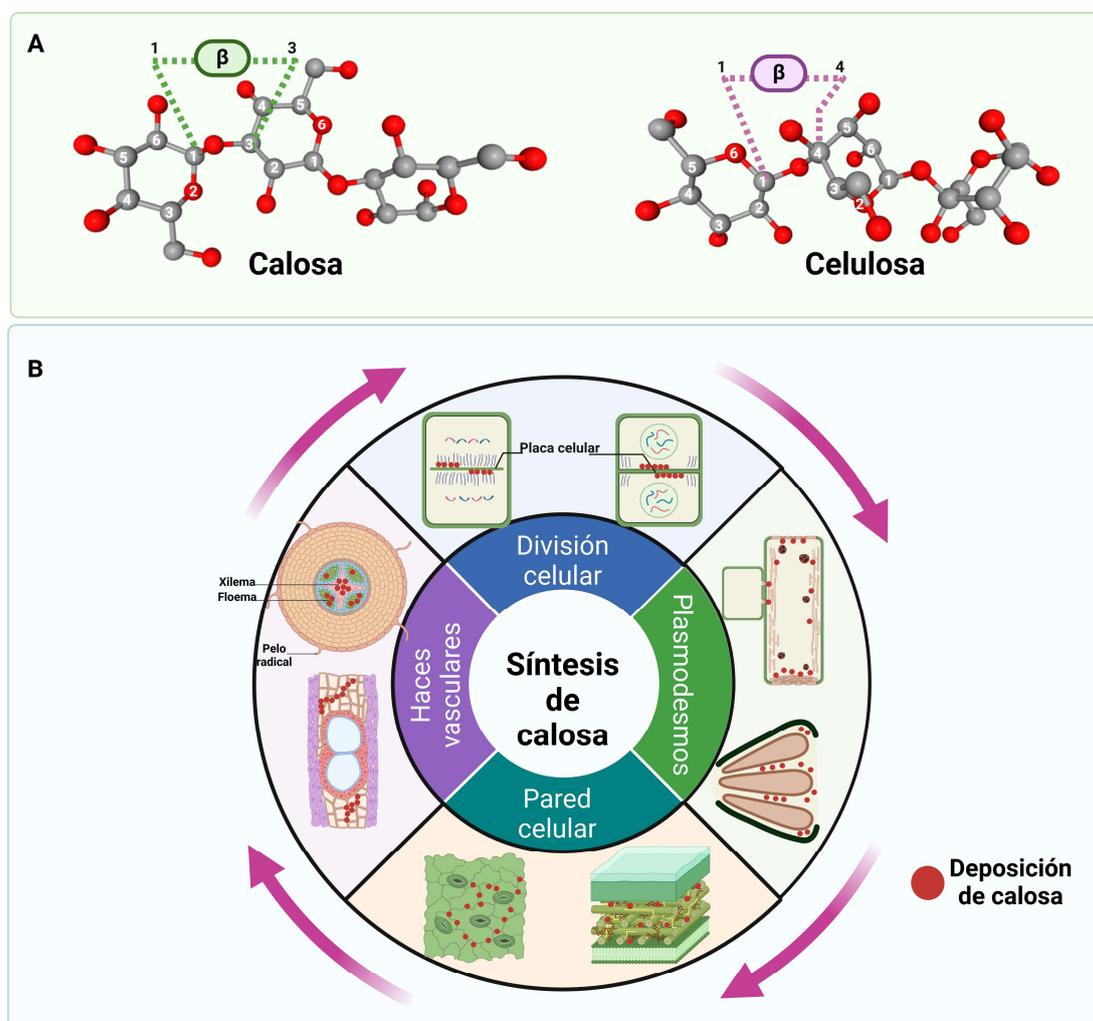


Figura 1. Composición química de la calosa y sus principales sitios de síntesis en las células vegetales. A) Comparación química entre la calosa y la celulosa, B) Procesos celulares de síntesis y acumulación de calosa en la célula.

La formación de calosa en diversas etapas del desarrollo, en distintos tipos de tejidos y en respuesta a diversos factores de estrés, es mediada por las CalS, un grupo de proteínas codificadas por genes específicos. Estas enzimas están localizadas en la membrana plasmática de las células vegetales, donde catalizan la síntesis de calosa a la unión de monómeros de glucosa. Al igual que las *celulosas sintasa* (*CesAs*), las calosas sintasas pertenecen a una familia de genes, conocidos como genes *GSL* (*Glucan Synthase-Like*) o CalS (*Callose synthase*), dependiendo de la nomenclatura utilizada por diferentes grupos de investigación (Richmond y

Somerville, 2000; Brownfield et al., 2007), que generalmente incluyen varios miembros, constituyendo una familia génica de tamaño moderado. En *Arabidopsis thaliana*, se han identificado 12 genes GSL, que están numerados de *GSL1* a *GSL12* (Verma y Hong, 2001). Finalmente, la variabilidad en los miembros de esta familia permite una regulación precisa de la producción de calosa en respuesta a distintos estímulos, lo que refleja su importancia en una amplia gama de funciones celulares, fisiológicas y adaptativas en las plantas.

DIVERSIDAD DE CALOSAS SINTASA EN PLANTAS

Desde el punto de vista químico, la calosa es muy similar a la celulosa. Al igual que esta última, la calosa se sintetiza en la membrana plasmática mediante un complejo proteico compuesto por múltiples subunidades. La subunidad catalítica clave en este proceso es la calosa sintasa (CalS), una proteína de membrana integral de gran peso molecular. En la planta modelo *Arabidopsis thaliana*, las CalS/GSL son una familia multigénica que contienen entre 40 y 50 exones, y su producto génico da lugar a una cadena polipeptídica de 2000 aminoácidos, con un peso molecular aproximado de 200 kDa (Verma y Hong, 2001). Este peso elevado las convierte en las proteínas de mayor masa molecular en las plantas, lo que dificulta notablemente su análisis bioquímico (Figura 2A).

Las CalS son proteínas que presentan entre 14 y 16 dominios transmembranales hidrofóbicos, ubicados en los extremos carboxilo (C) y amino (N) de la cadena polipeptídica (Figura 2A y 2B). Estos dominios funcionan como sitios específicos de anclaje, permitiendo la integración de la proteína en la membrana plasmática celular. Además, las CalS contienen un bucle central, una región hidrofílica que se orienta hacia el citoplasma, en la que tiene lugar la síntesis de calosa (Figura 2B). Diversos autores sugieren que las CalS forman parte de una estructura más grande conocida como el complejo CalS (CALSC). Este complejo incluye la participación de la sacarosa sintasa (SuSy) y la UDP-glucosiltransferasa, enzimas clave en la incorporación de azúcares necesarios para la formación y ensamblaje de la calosa (Amor et al., 1995; Hong et al., 2001a; Albrecht y Mustrup, 2003).

Adicionalmente, ROP1, una proteína Rho en plantas, es reclutada por las glucosiltransferasas (UGT) mediante interacciones proteína-proteína, lo que regula la síntesis de calosa en diversos modelos celulares, como levaduras y plantas. Este proceso probablemente involucra el control de la actividad de las UGT (Hong et al., 2001b). El complejo CalS (CALSC) también incluye la participación de una anexina, una proteína que regula la actividad de la sintasa mediante oscilaciones en los niveles de Ca^{2+} intracelular, modulando así la síntesis de calosa (Figura 2B) (Kauss y Jeblick, 1991). Wu et al. (2006) describieron que la composición de cada complejo CalS y su interacción con otras proteínas depende en gran medida de la localización subcelular y del tipo específico de calosa sintasa en las distintas especies vegetales.

Las CalS presentan tres regiones funcionales: el dominio Vta1 (PF04652), el dominio FKS1 (PF14288) y el dominio glucano sintasa (PF02364) (Figura 2C), los cuales son responsables de definir la actividad catalítica de estas proteínas. Con el creciente número de secuencias de genomas de plantas disponibles, estos tres dominios funcionales han sido fundamentales para la identificación y caracterización de las CalS en diversas especies vegetales, tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas (Verma y Hong, 2001; Schober et al., 2009; Liu et al., 2018; Pu et al., 2019; Granato et al., 2019; Feng et al., 2021; Zhang et al., 2023; Zaynab et al., 2024; Zou et al., 2024).

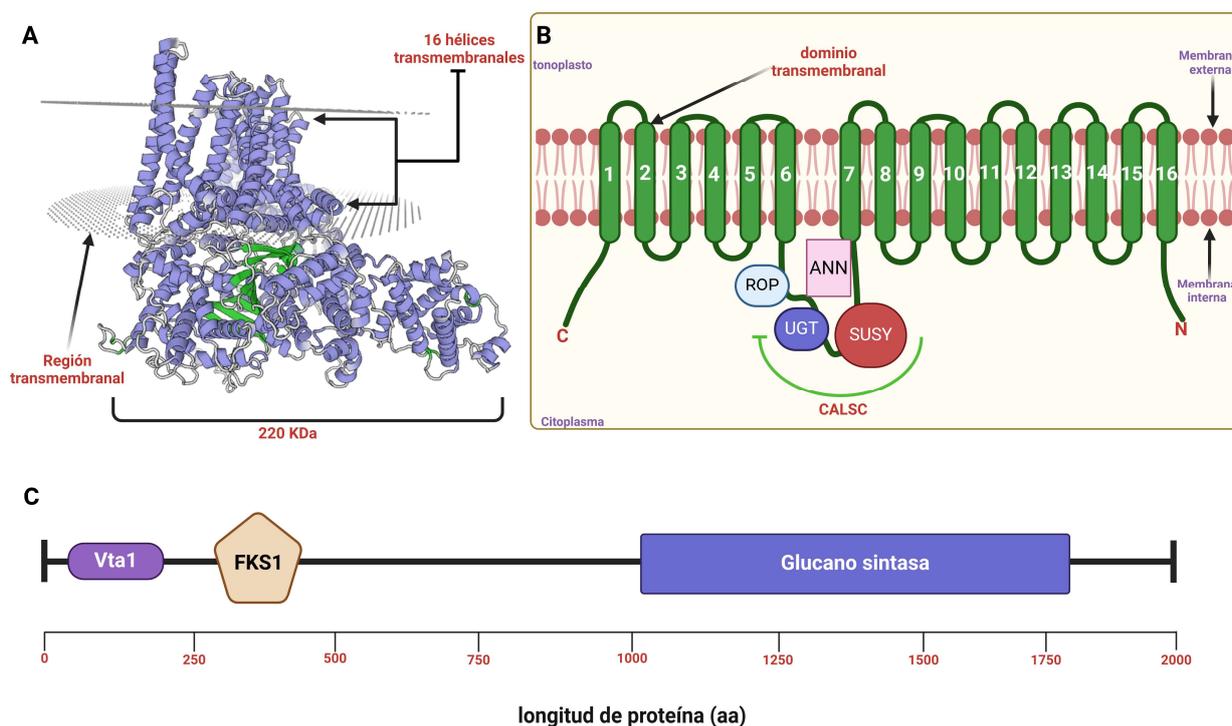


Figura 2. Características topológicas de las proteínas calosa sintasa (CalS) en plantas. A) Modelaje tridimensional de las proteínas calosa sintasa, B) Representación esquemática de la estructura proteica de la calosa sintasa con sus 16 dominios transmembranales, y C) Dominios funcionales de las CalS en plantas. En la figura ROP corresponde a Proteínas Rho de plantas, ANN a Anexina, UGT a glucosiltransferasas, SUSY a sacarosa sintasa, aa a aminoácidos, KDa a kilodalton y CALSC a complejo calosa sintasa.

La amplia diversidad de los genes CalS ha sido estudiada en profundidad en plantas modelo como *Arabidopsis thaliana*, así como en cultivos de interés agrícola, incluyendo soja (*Glycine max*), cebada (*Hordeum vulgare*), sorgo (*Sorghum bicolor*), col china (*Brassica rapa ssp. Pekinensis*), nabo (*Brassica napus*), algodón mexicano (*Gossypium hirsutum*), algodón pima (*Gossypium barbadense*), algodón nativo de Perú (*Gossypium raimondii*), ciruelo japonés (*Prunus mume*) y naranja dulce (*Citrus sinensis*). Estos estudios han revelado una gran diversidad de CalS en plantas superiores, con un número variable de isoformas dependiendo del tipo de planta (Cuadro 1). Por ejemplo, en especies vegetales con un grado mayor

de ploidía (tetraploides) como la soja y diferentes variedades de algodón se han identificado desde 28 a 24 miembros génicos, respectivamente. Por otro lado, algunas especies con un grado menor de ploidía presentan un número de genes más reducido incluyendo 12 genes para nabo (*Brassica napus*), 11 en sorgo (*Sorghum bicolor*), 11 en ciruelo japonés (*Prunus mume*), 9 en naranja dulce (*Citrus sinensis*) y 7 en cebada (*Hordeum vulgare*). Estas diferencias demuestran que existe una dominancia genética del número de genes que integran la familia CalS entre las plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas (Paterson et al., 2004). En general, las monocotiledóneas tienden a presentar un número menor de genes CalS en comparación con las dicotiledóneas, que muestran una mayor diversidad en cuanto a la cantidad de estos genes. Por ejemplo, el número de genes CalS en la cebada (monocotiledónea) es inferior al observado en el nabo (dicotiledónea), como se ilustra en la Cuadro 1. Esta variabilidad refleja las distintas estrategias evolutivas y adaptativas de ambos grupos dentro del reino vegetal.

Cuadro 1. Diversidad y número de la familia de genes Calosa sintasa (CalS) presentes en especies vegetales con genoma secuenciado

Especie	Nombre Común	Número de CalS	División angiosperma	Referencia
<i>Arabidopsis thaliana</i>	Berro oreja de ratón	12	Dicotiledónea	Verma y Hong, 2001
<i>Glycine max</i>	Soja	24	Dicotiledónea	Zaynab et al., 2024
<i>Gossypium hirsutum</i>	Algodón mexicano	27	Dicotiledónea	Feng et al., 2021
<i>Gossypium barbadense</i>	Algodón de pima	28	Dicotiledónea	Feng et al., 2021
<i>Gossypium raimondii</i>	Algodón nativo de Perú	16	Dicotiledónea	Feng et al., 2021
<i>Brassica rapa</i>	Col China	15	Dicotiledónea	Pu et al., 2019
<i>Brassica napus</i>	Nabo	12	Dicotiledónea	Liu et al., 2018
<i>Hordeum vulgare</i>	Cebada	7	Monocotiledónea	Schober et al., 2009
<i>Sorghum bicolor</i>	Sorgo	11	Monocotiledónea	Zou et al., 2024
<i>Prunus mume</i>	Ciruelo Japonés	11	Dicotiledónea	Zhang et al., 2023
<i>Citrus sinensis</i>	Naranja dulce	9	Dicotiledónea	Granato et al., 2019

Desde una perspectiva evolutiva, el análisis de las 172 proteínas CalS de diversas especies reveló que estas se agrupan en cinco clados distintos: el grupo A (clado rosa), el grupo B (clado verde), el grupo C (clado azul), el grupo D (clado amarillo) y el grupo E (clado negro) (Figura 3). De estos, el grupo E se destacó por albergar el mayor número de proteínas, incluyendo CalS11, CalS7 y CalS2 de *A. thaliana*. Como se muestra en la Figura 3, este grupo también concentró la mayoría de las proteínas CalS de las especies representadas en el Cuadro 1. Los grupos A y C concentraron la mayoría de las proteínas CalS de soja (*G. max*) y de las diversas variedades de algodón (*G. hirsutum*, *G. barbadense*, *G. raimondii*), lo que resulta coherente con los niveles de ploidía característicos de estas especies vegetales. Las proteínas restantes de *A. thaliana* se agruparon en el grupo B y C, junto

con las CalS de todas las especies evaluadas (Figura 3). La clasificación de estas cinco familias de CalS en diferentes plantas proporciona una perspectiva integral sobre la evolución de las CalS en monocotiledóneas y dicotiledóneas. La diversidad genética observada en las CalS también refleja la notable dinámica de los genomas de las plantas. Aunque algunos grupos de CalS se han perdido en ciertos linajes vegetales, como es el caso de algunos receptores RLKs en monocotiledóneas y dicotiledóneas (Chang et al., 2024), los reordenamientos genómicos clave han impulsado la expansión general de esta familia en las plantas (Figura 3). Estos eventos evolutivos han tenido lugar en diversas etapas a lo largo de la historia de las plantas. La subdivisión de las CalS en cinco grupos probablemente ocurrió tempranamente, dado que se conserva en todas las plantas superiores. Por ejemplo, mientras que especies como la soja poseen un mayor número de genes CalS, en especies como la naranja este número es notablemente menor (Cuadro 1).

De manera interesante, el grupo E podría haber evolucionado más recientemente, ya que presenta divergencias dentro de clados taxonómicos muy específicos. En las brasicáceas, como *Brassica rapa*, 7 de los 15 genes CalS están organizados en pares de genes (Figura 3). A diferencia de otros grupos, donde la mayoría de los genes se distribuyen como resultado de duplicaciones genómicas, en *B. rapa* estos genes parecen haber surgido mediante duplicaciones en tándem.

Estos avances demuestran que la evolución de las CalS en las plantas continúa en curso, como lo refleja la distribución filogenética mostrada en la figura 3. En particular, se ha evidenciado que la expresión de las CalS desempeña un papel crucial en la respuesta a estrés hídrico, sequía y frío en algodón (Feng et al., 2021), así como en el desarrollo de la soja y en la defensa contra insectos y microorganismos patógenos en sorgo y naranja, respectivamente (Granato et al., 2019; Zou et al., 2024). Esto sugiere que las diferencias en la regulación de las CalS están estrechamente relacionadas con los procesos adaptativos de las plantas. La variación en la expresión y función de las CalS proporciona una base prometedora para investigar de manera integral el papel de estas enzimas en las plantas.

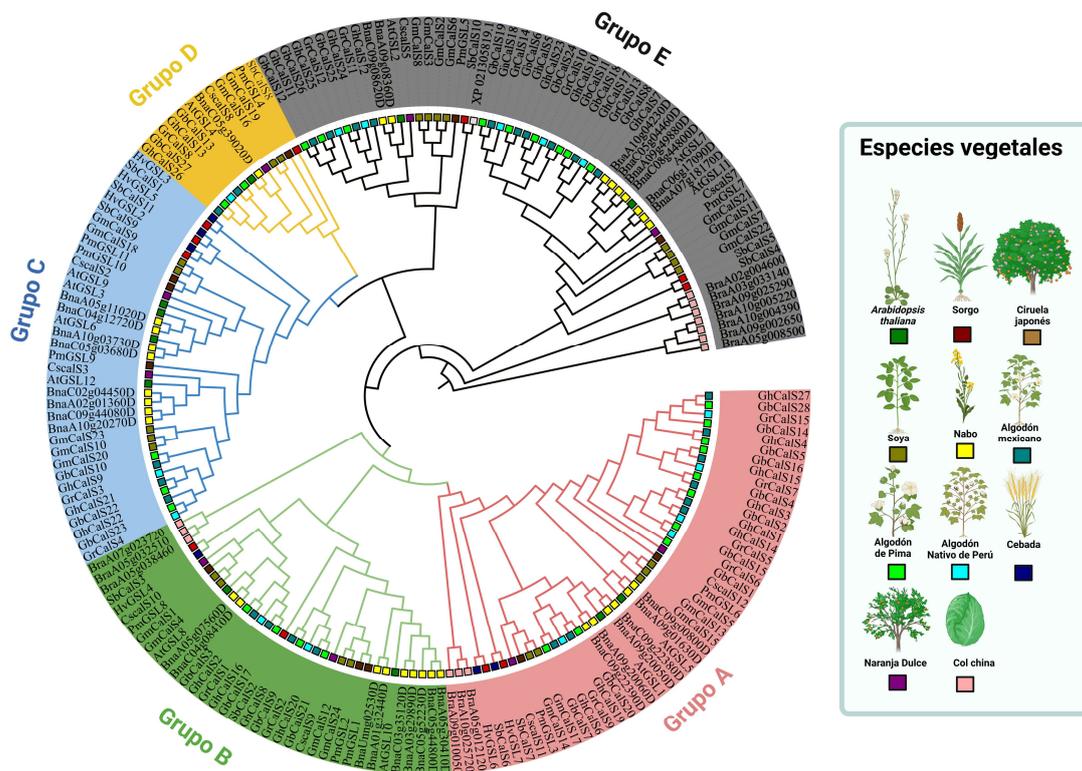


Figura 3. Análisis filogenético de las calosas sintasas en diferentes especies vegetales. Las proteínas CalS en el árbol filogenético corresponden a 11 especies vegetales diferentes. El árbol se construyó mediante el método neighbor joining con 1000 réplicas Bootstrap utilizando el programa Mega X. Los clados de diferente color corresponden a los cinco grupos filogenéticos y los cuadros de diferente color indican CalS de diferentes especies vegetales.

PROCESOS CELULARES Y DE DESARROLLO REGULADOS POR LA CALOSA

La calosa en procesos de desarrollo celular

Todos los procesos que implican crecimiento polar requieren de mecanismos subyacentes, como el aflojamiento local de la pared celular, la exocitosis y la reorganización del citoesqueleto (Rounds y Bezanilla, 2013). Estos mecanismos se han asociado con la señalización de CalS en las plantas; sin embargo, su rol preciso en los procesos de desarrollo, crecimiento y defensa aún no está completamente definido. La calosa fue identificada por primera vez hace más de un siglo en las placas cribosas de los elementos del floema, así como en las células madre del polen, los granos de polen y en los tubos polínicos, utilizando su tinción específica con azul de anilina (Evans et al., 1984; Nishikawa et al., 2005).

Varios estudios han demostrado que las CalS juegan un papel crucial en el crecimiento y elongación de los pelos radicales en las plantas. Además, en los tubos polínicos, estructuras celulares similares a los pelos radicales, se ha encontrado

que los genes *GSL2* (*CALS5*) y *GSL5* (*PMR4*, *CALS12*) de *A. thaliana* contribuyen, respectivamente, a la acumulación basal y a la deposición de calosa en respuesta a la disponibilidad de hierro (O'Leary et al., 2018). Como se mencionó previamente, *GSL2* es responsable de la síntesis de calosa en el tapete (capa especializada de células que recubren la antera, previo a la liberación del polen) y la pared exterior del polen en *Arabidopsis* (Nishikawa et al., 2005), mientras que la calosa en la pared interna es sintetizada conjuntamente por *GSL1* y *GSL5* (Enns et al., 2005) (Figura 4A).

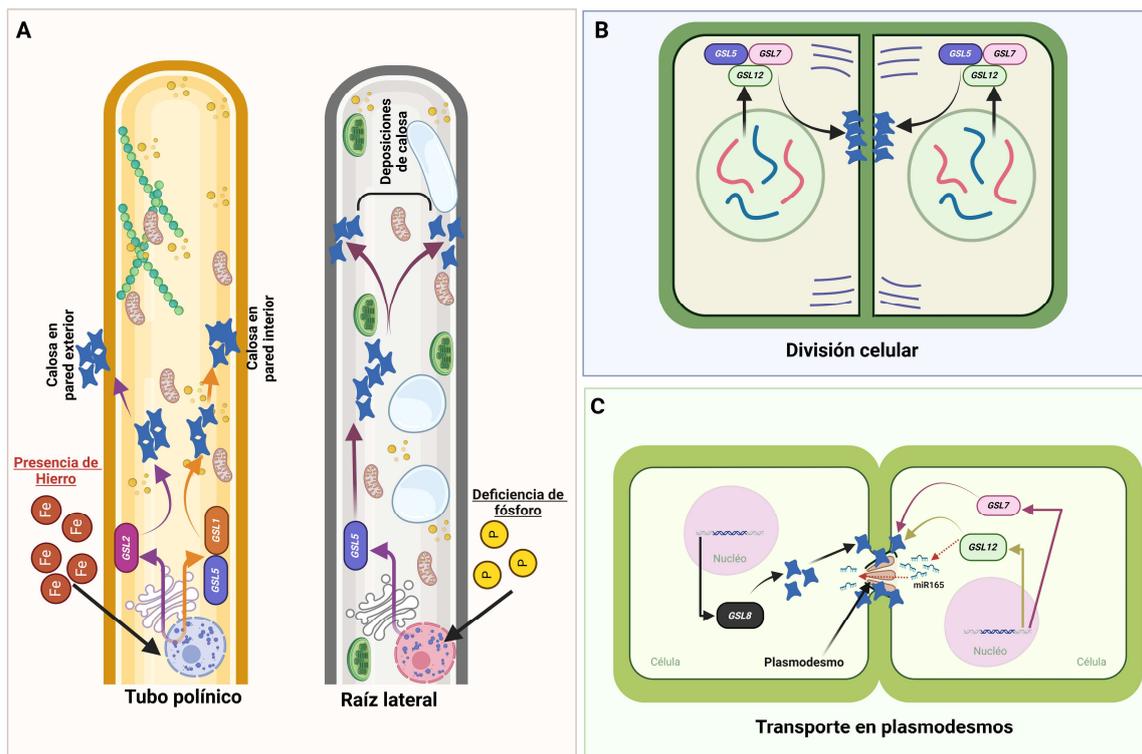


Figura 4. Participación funcional de la calosa en los diferentes procesos de desarrollo celular. A) Las deposiciones de calosa en el desarrollo y crecimiento del tubo polínico y de la raíz lateral, B) Las deposiciones de calosa en la división celular y C) Las deposiciones de calosa en el transporte activo en los plasmodesmos.

Por otro lado, la pérdida del gen *GSL2* genera un fenotipo caracterizado por la incapacidad de formar tubos polínicos, lo que resalta la importancia funcional de las CalS en los procesos reproductivos de las plantas (Huang et al., 2009). Lo anterior ha sido respaldado por Xie et al. (2011), quienes demostraron que la acumulación de calosa en los tubos cribosos interfiere con el transporte de sustancias, lo que afecta el crecimiento y desarrollo de las plantas, provocando una reducción moderada en su altura.

En el desarrollo de las raíces, tanto los plasmodesmos (PD) como la síntesis de calosa son fundamentales para el alargamiento de las raíces y los pelos radicales (Vatén et al., 2011), así como para la determinación del patrón de formación de

raíces laterales (Benitez-Alfonso et al., 2013). Esto cobra relevancia, ya que durante el desarrollo y crecimiento de las raíces se produce una reprogramación molecular en la que las CalS juegan un papel crucial. De hecho, en el estudio realizado por Drs et al. (2024), se describe cómo la participación de GSL5/PMR4 es esencial para la síntesis y deposición de calosa en la raíz lateral, aunque no es fundamental para el crecimiento de la raíz (Figura 4A). Esto sugiere una regulación precisa, en la que la calosa se produce como resultado de una señalización mediada por la adición de quitosano, probablemente en respuesta a la activación de mecanismos de defensa en las células. Este tipo de respuesta también se ha observado tras la inducción de lesiones en la raíz lateral, lo que demuestra que la calosa puede depositarse localmente en la pared celular en el sitio de la herida (Galway et al., 2011). Recientemente, se ha demostrado que la calosa sintasa PMR4 (GSL5), asociada con la defensa, es responsable de la deposición de calosa en la raíz lateral bajo condiciones de deficiencia de fósforo (Okada et al., 2023).

Durante la división celular, la calosa es el componente luminal predominante de la nueva pared transversal. Se produce una deposición transitoria de calosa en la placa celular, y la pared celular primaria o placa celular se forma cuando la calosa se acumula hasta un nivel determinado (Dong et al., 2005; Thiele et al., 2009). Dado que el crecimiento celular implica la constante formación de nuevos componentes de la pared celular, como celulosa, hemicelulosa y pectinas (Cosgrove, 2022), no es sorprendente que exista una estrecha relación con la síntesis de calosa. De manera destacada, las CalS codificadas por GSL5, GSL7 y GSL12 desempeñan un papel esencial en el fortalecimiento de la integridad estructural de la pared celular, especialmente durante la división celular (Figura 4B) (Schneider et al., 2016). En concordancia con lo anterior, se ha descrito que las mutantes de *Atgsl8* presentan un fenotipo claramente deficiente en citocinesis (Thiele et al., 2009), lo que refleja perturbaciones en la división celular y, en consecuencia, afecta el crecimiento de las plantas.

Los plasmodesmos (PD) son estructuras características de las células vegetales que atraviesan la pared celular, funcionando como canales de comunicación y transporte entre las células. Los PD se originan a partir de la contracción del retículo endoplasmático durante la división celular, dando lugar a una estructura tubular. En las plantas, se ha descrito que el principal mecanismo de control del tamaño de los poros de los plasmodesmos está relacionado con las deposiciones de calosa. En este contexto, Han et al. (2014) encontraron que el gen *GSL8* es el responsable de la síntesis de calosa en los PD y en donde el silenciamiento de este gen reduce la calosa en la periferia del PD, lo que impide el transporte selectivo de auxinas (Figura 4C). Los plasmodesmos (PD) no solo desempeñan un papel crucial en el transporte de moléculas necesarias para el crecimiento, sino también en el flujo de material genético para la regulación transcripcional de genes. De hecho, se ha observado una correlación positiva a nivel genético y celular entre la participación de *GSL12* y el transporte simplástico de ARN pequeños, como *miR165* a través de los PD (Figura 4C) (Yan et al., 2019). Un tipo especial de PD son los

tubos cribosos del floema en plantas vasculares. Durante la formación de estas estructuras, la membrana de los plasmodesmos se degrada, lo que permite que las deposiciones de calosa regulen el transporte en el floema alrededor de los poros cribosos. En este proceso, se ha reportado que GSL7 desempeña un papel esencial. Esta función ha sido respaldada por estudios de genética reversa, que muestran que la pérdida de función de GSL7 impide que el floema transporte nutrientes hacia las hojas (Figura 4C) (Paul Barratt et al., 2011; Xie et al., 2011).

La calosa en los procesos de defensa de las plantas

Con el descubrimiento de los plasmodesmos y su relación con la síntesis de calosa, se ha establecido que los PD son esenciales para el transporte de nutrientes y moléculas de señalización involucradas en el crecimiento. Sin embargo, los PD también sirven como puntos de entrada específicos para una amplia variedad de microorganismos, incluidos virus, bacterias y hongos. En este contexto, se ha reportado que los receptores tipo cinasa (NCRK) son esenciales en la señalización de *Arabidopsis* para la deposición de calosa en los plasmodesmos (PD) en respuesta al estrés causado por las especies reactivas de oxígeno (EROs). De hecho, las EROs actúan como moduladores químicos de las respuestas inmunológicas de las plantas, lo que explica su estrecha relación con la síntesis de calosa (Liu et al., 2023). Estudios por Vu et al. (2023), han mostrado una estrecha relación entre NCRK y proteínas tipo calmodulinas (CML41) con GSL4, modulando la apertura y cierre de los PD mediante la generación de EROs. En el caso de infecciones virales, se ha descrito que la expresión de GSL4 y GSL6 modulan la síntesis de calosa en los PD, reduciendo el tráfico intercelular, restringiendo la propagación de los virus (Figura 5) (Cui y Lee, 2016; Yi et al., 2021; Li et al., 2021; Da silva et al 2023).

En diversos estudios se ha demostrado la formación de deposiciones de calosa tanto en hojas como en raíces de plantas, con el fin de frenar la infección por bacterias y hongos patógenos. Este mecanismo induce la acumulación de calosa en las células epidérmicas, lo que engrosa la pared celular y, a su vez, actúa como una barrera física contra las infecciones. En este sentido, en *Citrus sinensis* se ha reportado la expresión diferencial de genes CalS, donde *Cscals2* y *Cscals7* fueron sobreexpresados en respuesta a la inoculación con *Candidatus Liberibacter asiaticus*, lo cual estuvo asociado con un aumento en las deposiciones de calosa en las plantas infectadas (Granato et al., 2019). De manera similar, se demostró que la aplicación de flagelina 22 (flg22), un inductor de la respuesta inmune incrementó la expresión de *GmGSL23*, lo que subraya el papel esencial de este gen en la síntesis de calosa como mecanismo de defensa en la soja. PMR4 (del inglés: *Powdery Mildew Resistant 4*) es un gen regulador de gran importancia durante las infecciones patogénicas, ya que induce la síntesis de calosa para fortalecer la pared celular de las áreas infectadas o dañadas por patógenos (Figura 5). La pérdida de función de PMR4 ha demostrado aumentar la susceptibilidad al ataque de microorganismos

patógenos, debido a la incapacidad de sintetizar calosa (Jacobs et al., 2003; Nishimura et al., 2003; Ellinger et al., 2014; Kulich et al., 2018).

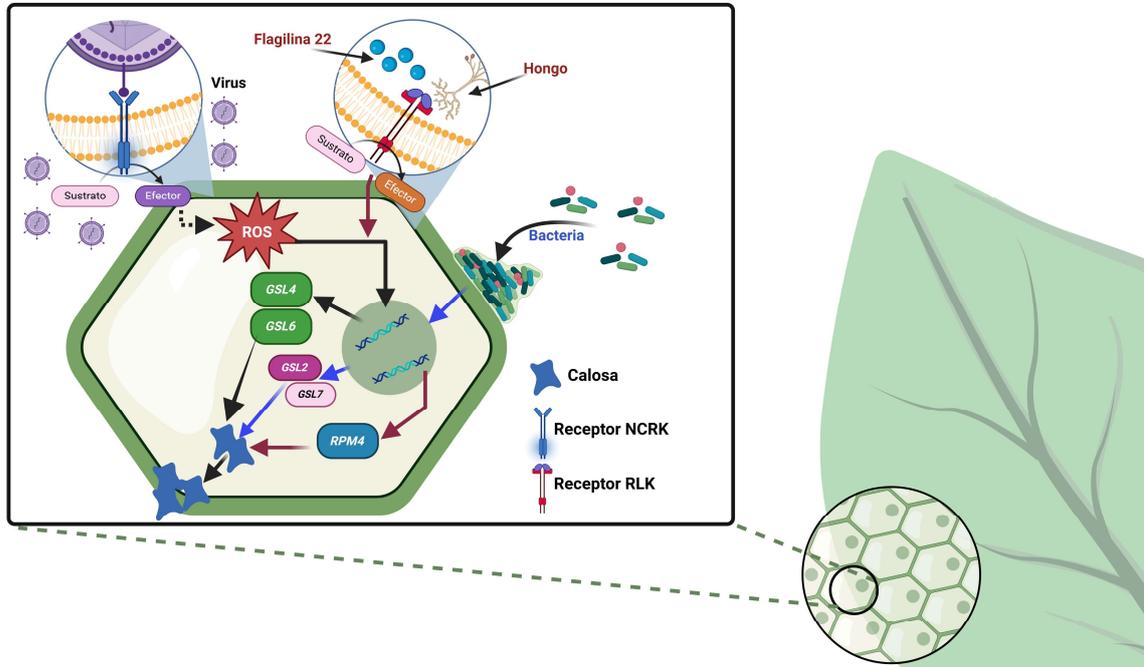


Figura 5. Representación esquemática de las vías de regulación molecular de las CalS implicadas en los procesos de defensa celular ante el ataque de virus, hongos y bacterias.

En *B. napus* y *S. bicolor* se ha observado que las deposiciones de calosa juegan un papel crucial en la defensa contra el ataque de insectos fitopatógenos (Liu et al., 2018; Zou et al., 2024). En el caso de *B. napus*, se han identificado 12 genes CalS con expresión diferencial en respuesta a *Leptosphaeria biglobosa*, lo que destaca su importancia en la defensa de las plantas. En *S. bicolor*, de los 11 genes identificados, solo *SbCalS5* mostró una expresión diferencial durante la infección con *Melanaphis sacchari* en variedades de sorgo resistentes y susceptibles, lo que respalda el papel funcional de las CalS en la síntesis de calosa en condiciones patogénicas. El gen *GhCalS5* en el algodón (*Gossypium hirsutum*) se indujo tras la alimentación de pulgones y desempeñó un papel clave en la resistencia del algodón contra el ataque de estos insectos, al mediar en la acumulación de calosa (Mbiza et al., 2022).

La calosa también desempeña un papel esencial ante la defensa contra hongos patogénicos, en el caso de arroz (*Oryza sativa*) se ha demostrado que durante el proceso de infección de *Magnaporthe oryzae* se incrementan las deposiciones de calosa en los sitios de infección, actuando como una barrera física, impidiendo la progresión de las hifas de los hongos, mejorando la resistencia del arroz (Kankanala et al., 2007; Wang et al., 2019). La quitina, un polisacárido comúnmente presente en las paredes celulares de los hongos, es reconocida por las plantas durante

una infección fúngica, lo que activa sus respuestas inmunológicas. En este contexto, Cheval et al. (2020), identificaron quinasas receptoras específicas del tipo LysM, como LYK4, LYK5 y LYM2, que son fundamentales en la respuesta a la quitina en las plantas. Su investigación reveló que la señalización de la quitina provoca cambios dinámicos en la localización y movilidad de estos receptores dentro de la membrana plasmática plasmodesmal (MP). Esta respuesta inicia la producción de especies reactivas de oxígeno y calosa, lo que finalmente conduce al cierre de los plasmodesmos, regulando la acumulación de calosa y mejorando así la capacidad de las plantas para defenderse de la invasión interna de las hifas fúngicas (Figura 5). Por otro lado, en el melón se han demostrado mecanismos de resistencia posthaustorial contra la enfermedad del mildiú polvoriento generada por *Podosphaera xanthii*, en donde la acumulación de calosa redujo significativamente los sitios de infección del hongo y el número de conidióforos desarrollados (Beraldo-Hoischen et al., 2021). El gen PMR4 ha demostrado ser crucial para la resistencia a patógenos en diversas especies vegetales. En estudios realizados en cebada, se evidenció que la sobreexpresión de PMR4 confiere mayor resistencia a la penetración del mildiú polvoriento causado por *Blumeria graminis* en las hojas (Blümke et al., 2013). Estos hallazgos llevaron al desarrollo de líneas transgénicas de expresión estable de PMR4 en cebada, trigo (*Triticum aestivum*) y la planta modelo *Brachypodium distachyon*, para determinar si la resistencia a la penetración inducida depende de la sobreexpresión de los genes de calosa sintasa PMR4 de las diferentes especies vegetales.

Estos estudios contribuyen a establecer las bases para el desarrollo de estrategias de mejoramiento de cultivos, especialmente cuando se combinan con los avances en genómica y la disponibilidad de genomas secuenciados. Esto abre nuevas oportunidades para la generación de enfoques dirigidos a mejorar la resistencia de los cultivos, como la inducción constitutiva de genes como PMR4 frente a infecciones causadas por microorganismos patógenos.

La calosa en las interacciones simbióticas

Además de su papel en la respuesta de las plantas a los estímulos provenientes de microorganismos patógenos, las calosas también juegan un papel fundamental en las interacciones simbióticas de las plantas. Ejemplos bien documentados de estas interacciones son la simbiosis micorrízica arbuscular y la simbiosis *Rhizobium*-leguminosa. La primera involucra la asociación entre hongos del filo Glomeromycota y la mayoría de las plantas terrestres, facilitando el intercambio de nutrientes, particularmente fósforo del hongo hacia la planta a cambio de fuente de carbono y ácidos grasos de la planta hospedera al hongo. En la segunda, las bacterias del género *Rhizobium* establecen una relación mutualista con plantas leguminosas, en la que las bacterias fijan nitrógeno atmosférico, un recurso esencial para la planta, a cambio de carbono proporcionado por la planta huésped (Oldroyd, 2013; Sarmiento-Lopez et al., 2020). El establecimiento de ambas interacciones

simbióticas (micorrización y nodulación) está estrechamente relacionado con la participación de los procesos de endocitosis y exocitosis, los cuales forman parte del aumento en el tráfico vesicular. Este aumento permite la formación de nuevas membranas plasmáticas necesarias para el desarrollo del aparato de pre-penetración y del hilo de infección para la micorrización y nodulación, respectivamente (Harrison e Ivanov, 2017). Además, la pared celular de la célula vegetal, aunque mantiene su rigidez estructural, se reconoce actualmente como una entidad dinámica, capaz de ser remodelada en respuesta a las interacciones entre la planta y los microorganismos, facilitando así los procesos de simbiosis. De manera interesante, se ha reportado que durante el establecimiento de las interacciones simbióticas no se observa la deposición de calosa, lo que sugiere que las plantas son capaces de diferenciar entre interacciones benéficas y patogénicas. Este hallazgo indica que las plantas pueden regular de manera selectiva la respuesta de la calosa en función de la naturaleza de la interacción, favoreciendo las asociaciones simbióticas mientras inhiben las respuestas asociadas con la defensa contra patógenos.

En plantas de tomate, se ha demostrado que la simbiosis micorrízica arbuscular induce la expresión de la calosa sintasa RPM4, lo que incrementa las deposiciones de calosa como respuesta ante la infección por *Botrytis cinerea* (Sanmartín et al., 2020). Este fenómeno sugiere que las interacciones simbióticas no solo favorecen la absorción de nutrientes, sino que también modulan las respuestas de defensa de la planta, aumentando su capacidad para enfrentar patógenos. Así mismo, la colonización micorrízica ha demostrado proporcionar protección sistémica a las plantas de tomate frente a la infección por *Phytophthora parasitica*. Solo las plantas micorrizadas formaron estructuras similares a papilas en los sitios de infección, como resultado de la deposición de pectinas no esterificadas y calosa, lo que impidió la propagación del patógeno. Además, estas plantas mostraron una expresión significativamente mayor de los genes PR-1a y de la β -1,3 glucanasa, en comparación con las plantas no micorrizadas, tras la infección por *Phytophthora* (Figura 6) (Cordier et al., 1998; Pozo et al. 1999; Pozo et al., 2002).

La formación de nódulos fijadores de nitrógeno en las leguminosas implica el inicio de programas sincronizados en la epidermis y la corteza de la raíz para permitir la infección rizobiana y el desarrollo de nódulos. No es de extrañarse que la modificación de la pared celular, particularmente la síntesis y remodelación de polisacáridos, es fundamental para permitir la formación de los nódulos y la posterior invasión bacteriana. Este fenómeno fue observado en las paredes laberínticas de las células de transferencia en el nódulo de plantas de chícharo (*Pisum sativum*), donde se detectó acumulación de calosa en las células infectadas mediante microscopía electrónica de transmisión. Estos hallazgos demostraron que la calosa desempeña un papel esencial en los mecanismos celulares involucrados en el desarrollo de las estructuras simbióticas, ya que su presencia y localización en las paredes celulares parecen ser fundamentales para el establecimiento de la simbiosis entre la planta y los rizobios (Dahiya y Brewin, 2000). De hecho, estudios realiza-

dos por Gaudioso-Pedraza et al. (2018) demostraron que la interacción con rizobios promueve una reducción en los niveles de calosa en los tejidos internos donde se originan los nódulos. Esta disminución de calosa está asociada con la regulación negativa de la expresión de un gen β -1,3-glucanasa 2 (BG2) en *Medicago truncatula*, el cual codifica una enzima encargada de degradar la calosa en los plasmodesmos (Figura 6). Esta reducción en la calosa permite una mayor flexibilidad en las paredes celulares, facilitando la infección y el establecimiento de la simbiosis entre la planta y los rizobios, crucial para la formación de los nódulos fijadores de nitrógeno. Dahiya y Brewin, 2000). En plantas de frijol (*Phaseolus vulgaris*) inoculadas con *Rhizobium etli*, se observó un aumento sustancial en las deposiciones de calosa como respuesta a la infección por *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*, en sinergia con la expresión de genes de defensa (Figura 6). Este hallazgo demostró que la interacción simbiótica con los rizobios actúa como un inductor de la respuesta inmune en la planta, potenciando su capacidad para defenderse de ataques por microorganismos patógenos (Díaz-Valle et al., 2019). En soja (*G. max*) como en *M. truncatula*, el BG2 ha sido identificado como un elemento clave en el establecimiento y desarrollo de la organogénesis del nódulo. En ambas especies vegetales, se ha demostrado que este gen desempeña un papel crucial en la síntesis y degradación de calosa. Además, en soja, se ha observado que la expresión del gen BG2 está modulada por el balance nutricional entre carbono y nitrógeno, lo que regula la cantidad de calosa presente en los plasmodesmos. Esta regulación tiene un impacto directo en la programación celular y molecular necesaria para la formación del nódulo, influyendo así en la eficiencia de la simbiosis nitrogenada (Gutjahr, 2018; Cao et al., 2022).

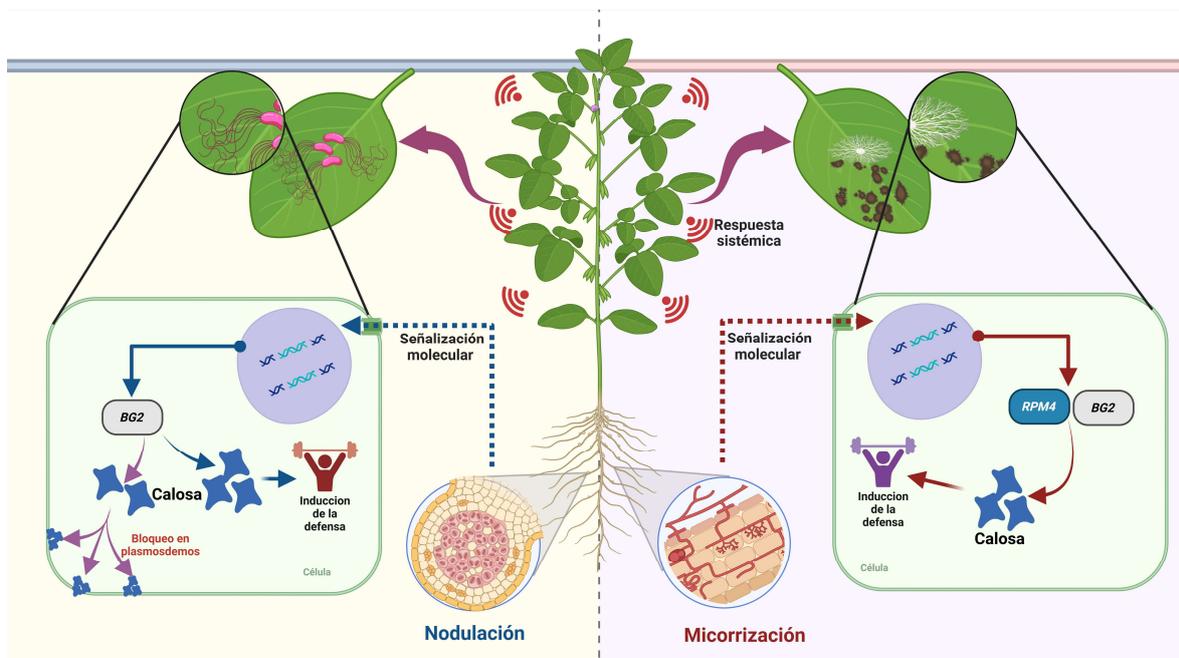


Figura 6. Representación esquemática de las vías de regulación molecular de las CalS implicadas en los procesos de defensa inducida por la nodulación y micorrización.

La regulación de la calosa en las paredes celulares y plasmodesmos es crucial para la invasión bacteriana y fúngica para la formación de los nódulos fijadores de nitrógeno y de arbusculos. La síntesis y degradación de calosa, mediadas por genes como el β -1,3-glucanasa 2 (BG2), no solo facilitan la estructuración de las células involucradas en el proceso, sino que también están relacionadas con la capacidad de las plantas para responder a estímulos ambientales y patógenos (Figura 6). En este sentido, tanto la micorrización como la nodulación son interacciones que regulan la respuesta inmune y la defensa frente a agentes patógenos, en las cuales la calosa desempeña un papel esencial en la modulación de estas respuestas, permitiendo un equilibrio entre la simbiosis y la protección frente a amenazas externas.

CONCLUSIONES

La calosa, un polisacárido descubierto hace más de un siglo, desempeña un papel crucial en los procesos de desarrollo y crecimiento celular, además de actuar como un regulador clave de las interacciones entre plantas y microorganismos. A nivel sistémico, la calosa se activa como un mecanismo de defensa frente a infecciones virales, bacterianas y fúngicas, acumulándose en la pared celular para formar una barrera física que protege a la planta de diversas invasiones de organismos patógenos. No es extraño que, además de su función en los procesos de diferenciación celular, la calosa juegue un papel fundamental en la respuesta de las plantas a diferentes condiciones ambientales, ayudando a regular la interacción con agentes externos y contribuyendo a la adaptación y resistencia frente a estrés biótico y abiótico. En términos genómicos, la calosa es el producto de la expresión de genes pertenecientes a la familia de las CalS, cuya diversidad varía considerablemente según la especie vegetal, su clasificación y su evolución. Por ejemplo, la cebada (*H. vulgare*) posee siete miembros génicos de esta familia, mientras que el algodón mexicano (*G. hirsutum*) tiene hasta 27, lo que ejemplifica la considerable diversidad de las CalS entre las plantas. Esta variabilidad refleja la adaptación de las plantas a sus entornos y su capacidad para regular de manera precisa las interacciones con los microorganismos, un proceso esencial para el desarrollo de estructuras simbióticas como los nódulos y los arbusculos. Si bien existe una gran cantidad de información sobre la funcionalidad de la calosa en los procesos adaptativos de las plantas, las investigaciones sobre la calosa y su biosíntesis se encuentra aún en ascenso.

Agradecimientos

Este trabajo recibió el apoyo del Programa Institucional para el Fortalecimiento de la Investigación y el Posgrado (PIFIP2024-10).

Contribución de los autores

LGSL: conceptualización. LGSL y MECS: revisión de la literatura. LGSL y MECS: redacción—preparación original. LGSL y MECS: redacción—revisión y

edición. LGSL y MECS: diseño y revisión de las imágenes. Todos los autores contribuyeron al artículo y aprobaron la versión enviada.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Albrecht G, Mustroph A. 2003. Sucrose utilization via invertase and sucrose synthase with respect to accumulation of cellulose and callose synthesis in wheat roots under Oxygen Deficiency. *Russ. J. Plant Physiol.* 50, 813–820. <https://doi.org/10.1023/B:RUPP.0000003280.10924.03>
- Amor Y, Haigler CH, Johnson S, Wainscott M, Delmer DP. 1995. A membrane-associated form of sucrose synthase and its potential role in synthesis of cellulose and callose in plants. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 92, 9353–9357. <https://doi.org/10.1073/pnas.92.20.9353>
- Bacete L, Mérida H, Miedes E, Molina A. 2018. Plant cell wall-mediated immunity: cell wall changes trigger disease resistance responses. *Plant J.* 93, 614–636. <https://doi.org/10.1111/tpj.13807>
- Benitez Alfonso, Y Faulkner, C Pendle A, Miyashima S, Helariutta Y, Maule A., 2013. Symplastic intercellular connectivity regulates lateral root patterning. *Dev. Cell* 26, 136–147. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2013.06.010>
- Beraldo Hoischen P, Hoefle C, López Sesé, AI. 2021. Fungal development and callose deposition in compatible and incompatible interactions in melon infected with powdery mildew. *Pathogens* 10. <https://doi.org/10.3390/pathogens10070873>
- Blümke A, Somerville SC, Voigt CA. 2013. Transient expression of the Arabidopsis callose synthase PMR4 increases penetration resistance to powdery mildew in barley. *Adv. Biosci. Biotechnol.* 04, 810–813. <https://doi.org/10.4236/abb.2013.48106>
- Brownfield L, Ford K, Doblin MS., Newbigin E, Read S, Bacic, A. 2007. Proteomic and biochemical evidence links the callose synthase in *Nicotiana glauca* pollen tubes to the product of the *NaGSL1* gene. *Plant J.* 52, 147–156. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2007.03219.x>
- Cao HR, Peng WT, Nie MM, Bai S, Chen CQ, Liu Q, Guo ZL, Liao H, Chen ZC. 2022. Carbon-nitrogen trading in symbiotic nodules depends on magnesium import. *Curr. Biol.* 32, 4337–4349.e5. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.08.019>
- Chang J, Li X, Shen J, Hu J, Wu L, Zhang X, Li J. 2024. Defects in the cell wall and its deposition caused by loss-of-function of three RLKs alter root hydrotropism in *Arabidopsis thaliana*. *Nat. Commun.* 15. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-46889-2>
- Cheval C, Samwald S, Johnston MG, de Keijzer J, Breakspear A, Liu X, Bellandi A, Kadota Y, Zipfel C, Faulkner C. 2020. Chitin perception in plasmodesmata characterizes submembrane immune-signaling specificity in plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 117, 9621–9629. <https://doi.org/10.1073/pnas.1907799117>
- Cordier C, Pozo MJ, Barea JM, Gianinazzi S, Gianinazzi Pearson V. 1998. Cell defense responses associated with localized and systemic resistance to *Phytophthora parasitica* induced in tomato by an Arbuscular Mycorrhizal Fungus. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 11, 1017–1028. <https://doi.org/10.1094/MPMI.1998.11.10.1017>
- Cosgrove DJ. 2005. Growth of the plant cell wall. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 6, 850–861. <https://doi.org/10.1038/nrm1746>
- Cosgrove DJ. 2022. Building an extensible cell wall. *Plant Physiol.* 189, 1246–1277. <https://doi.org/10.1093/plphys/kiac184>
- Cui W, Lee JY. 2016. Arabidopsis callose synthases CalS1/8 regulate plasmodesmal permeability during stress. *Nat. Plants* 11:16034. <https://doi.org/10.1038/nplants.2016.34>
- Da Silva M, Germano S, Duarte A, Pinto P, Marques NT. 2023. Callose synthase and xyloglucan endotransglucosylase gene expression over time in *Citrus × clementina* and *Citrus × sinensis* infected with citrus tristeza virus. *Phytoparasitica* 51, 637–649. <https://doi.org/10.1007/s12600-023-01068-9>

- Dahiya P, Brewin NJ. 2000. Immunogold localization of callose and other cell wall components in pea nodule transfer cells. *Protoplasma* 214, 210–218. <https://doi.org/10.1007/BF01279065>
- de Vries, J., Archibald, J.M. 2018. Plant evolution: landmarks on the path to terrestrial life. *New Phytol.* 217, 1428–1434. <https://doi.org/10.1111/nph.14975>
- Díaz Valle A, López Calleja AC, Alvarez Venegas R. 2019. Enhancement of pathogen resistance in common bean plants by inoculation with *Rhizobium etli*. *Front. Plant Sci.* 10, 1–19. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01317>
- Dong X, Hong Z, Sivaramakrishnan M, Mahfouz M, Verma DPS. 2005. Callose synthase (*CalS5*) is required for exine formation during microgametogenesis and for pollen viability in *Arabidopsis*. *Plant J.* 42, 315–328. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02379.x>
- Drábková LZ, Honys D. 2017. Evolutionary history of callose synthases in terrestrial plants with emphasis on proteins involved in male gametophyte development. *PLoS One* 12, 1–24. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187331>
- Drs M, Krupař P, Škrabálková E, Haluška S, Müller K, Potocká A, Brejšková L, Serrano N, Voxeur A, Vernhettes S, Ortmannová J, Caldarescu G, Fendrych M, Potocký M, Žárský V, Pečenková T. 2024. Chitosan stimulates root hair callose deposition, endomembrane dynamics, and inhibits root hair growth. *Plant Cell Environ.* <https://doi.org/10.1111/pce.15111>
- Ellinger D, Glöckner A, Koch J, Naumann M, Stürtz V, Schütt K, Manisseri C, Somerville SC, Voigt CA. 2014. Interaction of the *Arabidopsis* GTPase RabA4c with its effector PMR4 results in complete penetration resistance to powdery mildew. *Plant Cell* 26, 3185–3200. <https://doi.org/10.1105/tpc.114.127779>
- Ellinger D, Voigt CA. 2014. Callose biosynthesis in *Arabidopsis* with a focus on pathogen response: What we have learned within the last decade. *Ann. Bot.* 114, 1349–1358. <https://doi.org/10.1093/aob/mcu120>
- Enns LC, Kanaoka MM, Torii KU, Comai L, Okada K, Cleland RE. 2005. Two callose synthases, *GSL1* and *GSL5*, play an essential and redundant role in plant and pollen development and in fertility. *Plant Mol. Biol.* 58, 333–349. <https://doi.org/10.1007/s11103-005-4526-7>
- Evans N, Hoyne P, Stone B. 1984. Characteristics and specificity of the interaction of a fluorochrome from aniline blue (sirofluor) with polysaccharides. *Carbohydr. Polym.* 4, 215–230. [https://doi.org/10.1016/0144-8617\(84\)90012-2](https://doi.org/10.1016/0144-8617(84)90012-2)
- Feng J, Chen Y, Xiao X, Qu Y, Li P, Lu Q, Huang J. 2021. Genome-wide analysis of the *CalS* gene family in cotton reveals their potential roles in fiber development and responses to stress. *PeerJ* 9, 1–21. <https://doi.org/10.7717/peerj.12557>
- Galway ME, Eng RC, Schiefelbein JW, Wasteneys GO. 2011. Root hair-specific disruption of cellulose and xyloglucan in *AtCSLD3* mutants, and factors affecting the post-rupture resumption of mutant root hair growth. *Planta* 233, 985–999. <https://doi.org/10.1007/s00425-011-1355-6>
- Gaudioso Pedraza R, Beck M, Frances L, Kirk P, Ripodas C, Niebel A, Oldroyd GED, Benitez Alfonso Y, de Carvalho Niebel F. 2018. Callose-regulated symplastic communication coordinates symbiotic root nodule development. *Curr. Biol.* 28, 3562–3577.e6. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.09.031>
- Granato LM, Galdeano DM, D’Alessandre NDR, Breton MC, Machado MA. 2019. Callose synthase family genes plays an important role in the Citrus defense response to *Candidatus Liberibacter asiaticus*. *Eur. J. Plant Pathol.* 155, 25–38. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01747-6>
- Gutjahr C. 2018. Symbiosis: plasmodesmata link root-nodule organogenesis with infection. *Curr. Biol.* 28, R1400–R1403. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.11.013>
- Han X, Hyun TK, Zhang M, Kumar R, Koh E ji, Kang BH, Lucas WJ, Kim JY. 2014. Auxin-callose-mediated plasmodesmal gating is essential for tropic auxin gradient formation and signaling. *Dev. Cell* 28, 132–146. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2013.12.008>
- Harrison MJ, Ivanov S. 2017. Exocytosis for endosymbiosis: membrane trafficking pathways for development of symbiotic membrane compartments. *Curr. Opin. Plant Biol.* 38, 101–108. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2017.04.019>

- Hong Z, Delauney AJ, Verma DPS. 2001. A cell plate-specific callose synthase and its interaction with phragmoplastin. *Plant Cell* 13, 755–768. <https://doi.org/10.1105/tpc.13.4.755>
- Hong Z, Zhang Z, Olson JM, Verma DPS. 2001. A novel UDP-glucose transferase is part of the callose synthase complex and interacts with phragmoplastin at the forming cell plate. *Plant Cell* 13, 769–779. <https://doi.org/10.1105/tpc.13.4.769>
- Huang L, Chen XY, Rim Y, Han X, Cho WK, Kim SW, Kim JY. 2009. *Arabidopsis* glucan synthase-like 10 functions in male gametogenesis. *J. Plant Physiol.* 166, 344–352. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2008.06.010>
- Jacobs AK, Lipka V, Burton RA, Panstruga R, Strizhov N, Schulze Lefert P, Fincher GB. 2003. An *Arabidopsis* callose synthase, *GSL5*, is required for wound and papillary callose formation. *Plant Cell* 15, 2503–2513. <https://doi.org/10.1105/tpc.016097>
- Kankanala P, Czymmek K, Valent B. 2007. Roles for rice membrane dynamics and plasmodesmata during biotrophic invasion by the blast fungus. *Plant Cell* 19, 706–724. <https://doi.org/10.1105/tpc.106.046300>
- Kauss H, Jeblick W. 1991. Induced Ca²⁺ uptake and callose synthesis in suspension-cultured cells of *Catharanthus roseus* are decreased by the protein phosphatase inhibitor okadaic acid. *Physiol. Plant.* 81, 309–312. <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1991.tb08737.x>
- Kulich I, Vojtková Z, Sabol P, Ortmannová J, Neděla V, Tihlaříková E, Zárský V. 2018. Exocyst subunit EXO70H4 has a specific role in callose synthase secretion and silica accumulation. *Plant Physiol.* 176, 2040–2051. <https://doi.org/10.1104/pp.17.01693>
- Li N, Lin Z, Yu P, Zeng Y, Du S, Huang LJ. 2023. The multifarious role of callose and callose synthase in plant development and environment interactions. *Front. Plant Sci.* 14, 1–9. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1183402>
- Liu F, Zou Z, Dilantha Fernando WG. 2018. Characterization of callose deposition and analysis of the callose synthase gene family of brassica napus in response to *leptosphaeria maculans*. *Int. J. Mol. Sci.* 19. <https://doi.org/10.3390/ijms19123769>
- Mbiza NIT, Hu Z, Zhang H, Zhang Y, Luo X, Wang Yuxue, Wang Yi, Liu T, Li J, Wang X, Zhang J, Yu Y. 2022. *GhCalS5* is involved in cotton response to aphid attack through mediating callose formation. *Front. Plant Sci.* 13, 1–10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.892630>
- McFarlane HE, Döring A, Persson S. 2014. The cell biology of cellulose synthesis. *Annu. Rev. Plant Biol.* 65, 69–94. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050213-040240>
- Nishikawa S, Zinkl GM, Swanson RJ, Maruyama D, Preuss D. 2005. Callose (β -1,3 glucan) is essential for *Arabidopsis* pollen wall patterning, but not tube growth. *BMC Plant Biol.* 5, 22. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-5-22>
- Nishimura MT, Stein M, Hou BH, Vogel JP, Edwards H, Somerville SC. 2003. Loss of a callose synthase results in salicylic acid-dependent disease resistance. *Science.* 301, 969–972. <https://doi.org/10.1126/science.1086716>
- O’Lexy R, Kasai K, Clark N, Fujiwara T, Sozzani R, Gallagher KL. 2018. Exposure to heavy metal stress triggers changes in plasmodesmatal permeability via deposition and breakdown of callose. *J. Exp. Bot.* 69, 3715–3728. <https://doi.org/10.1093/jxb/ery171>
- Okada K, Yachi K, Nguyen TAN, Kanno S, Tateda C, Lee TH, Nguyen U, Miyashima S, Hiruma K, Miwa K, Maekawa T, Notaguchi M, Saijo Y. 2023. Defense-related callose synthase PMR4 promotes root hair callose deposition and adaptation to phosphate deficiency in *Arabidopsis thaliana*. *bioRxiv* 547890. <https://doi.org/10.1111/tpj.17134>
- Oldroyd GED. 2013. Speak, friend, and enter: Signalling systems that promote beneficial symbiotic associations in plants. *Nat. Rev. Microbiol.* 11, 252–263. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2990>
- Paul Barratt DH, Kölling K, Graf A, Pike M, Calder G, Findlay K, Zeeman SC, Smith AM. 2011. Callose synthase *GSL7* is necessary for normal phloem transport and inflorescence growth in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 155, 328–341. <https://doi.org/10.1104/pp.110.166330>

- Pérez De Luque A, Tille S, Johnson I, Pascual Pardo D, Ton J, Cameron DD. 2017. The interactive effects of arbuscular mycorrhiza and plant growth-promoting rhizobacteria synergistically enhance host plant defences against pathogen. *Sci. Rep.* 7, 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-16697-4>
- Pozo MJ, Azcón Aguilar C, Dumas Gaudot E, Barea JM. 1999. β -1,3-Glucanase activities in tomato roots inoculated with arbuscular mycorrhizal fungi and/or *Phytophthora parasitica* and their possible involvement in bioprotection. *Plant Sci.* 141, 149–157. [https://doi.org/10.1016/S0168-9452\(98\)00243-X](https://doi.org/10.1016/S0168-9452(98)00243-X)
- Pozo MJ, Cordier C, Dumas Gaudot E, Gianinazzi S, Barea JM, Azcón Aguilar C. 2002. Localized versus systemic effect of arbuscular mycorrhizal fungi on defense responses to *Phytophthora* infection in tomato plants. *J. Exp. Bot.* 53, 525–534. <https://doi.org/10.1093/jexbot/53.368.525>
- Pu Y, Hou L, Guo Y, Ullah I, Yang Y, Yue Y. 2019. Genome-wide analysis of the callose enzyme families of fertile and sterile flower buds of the Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). *FEBS Open Bio* 9, 1432–1449. <https://doi.org/10.1002/2211-5463.12685>
- Richmond TA, Somerville CR. 2000. The cellulose synthase superfamily. *Plant Physiol.* 124, 495–498. <https://doi.org/10.1104/pp.124.2.495>
- Rounds CM, Bezanilla M. 2013. Growth mechanisms in tip-growing plant cells. *Annu. Rev. Plant Biol.* 64, 243–265. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120150>
- Sanmartín N, Sánchez Bel P, Pastor V, Pastor Fernández J, Mateu D, Pozo MJ, Cerezo M, Flors V. 2020. Root-to-shoot signalling Sarmiento López LG, López Meyer M, Sepúlveda Jiménez G, Cárdenas L, Rodríguez Monroy M., 2020. Photosynthetic performance and stevioside concentration are improved by the arbuscular mycorrhizal symbiosis in *Stevia rebaudiana* under different phosphate concentrations. *PeerJ* 8, e10173. <https://doi.org/10.7717/peerj.10173>
- Schneider R, Hanak T, Persson S, Voigt CA. 2016. Cellulose and callose synthesis and organization in focus, what's new?. *Curr. Opin. Plant Biol.* 34, 9–16. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2016.07.007>
- Schober MS, Burton RA, Shirley NJ, Jacobs AK, Fincher GB. 2009. Analysis of the (1,3)- β -d-glucan synthase gene family of barley. *Phytochemistry* 70, 713–720. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2009.04.002>
- Tenhaken R. 2015. Cell wall remodeling under abiotic stress. *Front. Plant Sci.* 5, 1–9. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00771>
- Thiele K, Wanner G, Kindzierski V, Jürgens G, Mayer U, Pachel F, Assaad FF. 2009. The timely deposition of callose is essential for cytokinesis in *Arabidopsis*. *Plant J.* 58, 13–26. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2008.03760.x>
- Ušák D, Haluška S, Pleskot R. 2023. Callose synthesis at the center point of plant development—An evolutionary insight. *Plant Physiol.* 193, 54–69. <https://doi.org/10.1093/plphys/kiad274>
- Vatén A, Dettmer J, Wu S, Stierhof YD, Miyashima S, Yadav SR, Roberts CJ, Campilho A, Bulone V, Lichtenberger R, Lehesranta S, Mähönen AP, Kim JY, Jokitalo E, Sauer N, Scheres B, Nakajima K, Carlsbecker A, Gallagher KL, Helariutta Y. 2011. Callose biosynthesis regulates symplastic trafficking during root development. *Dev. Cell* 21, 1144–1155. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2011.10.006>
- Verma DPS, Hong Z. 2001. Plant callose synthase complexes. *Plant Mol. Biol.* 47, 693–701. <https://doi.org/10.1023/A:1013679111111>
- Voigt CA. 2014. Callose-mediated resistance to pathogenic intruders in plant defense-related papillae. *Front. Plant Sci.* 5, 1–6. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00168>
- Voiniciuc C. 2022. Modern mannan: a hemicellulose's journey. *New Phytol.* 234, 1175–1184. <https://doi.org/10.1111/nph.18091>
- Vu MH, Hyun TK, Bahk S, Jo Y, Kumar R, Thirupathi D, Iswanto ABB, Chung WS, Shelake RM, Kim JY. 2023. ROS-mediated plasmodesmal regulation requires a network of an *Arabidopsis* receptor-like kinase, calmodulin-like proteins, and callose synthases. *Front. Plant Sci.* 13, 1–13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1107224>

- Wang B, Andargie M, Fang R. 2022. The function and biosynthesis of callose in high plants. *Heliyon* 8, e09248. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09248>
- Wang C, Li C, Duan G, Wang Y, Zhang Y, Yang J. 2019. Overexpression of *Magnaporthe Oryzae* systemic defense trigger 1 (*MoSDT1*) confers improved rice blast resistance in rice. *Int. J. Mol. Sci.* 20, 1–14. <https://doi.org/10.3390/ijms20194762>
- Wang X, Sager R, Cui W, Zhang C, Lu H, Lee JY. 2013. Salicylic acid regulates plasmodesmata closure during innate immune responses in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 25, 2315–2329. <https://doi.org/10.1105/tpc.113.110676>
- Wang Y, Li X, Fan B, Zhu C, Chen Z. 2021. Regulation and function of defense-related callose deposition in plants. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 1–15. <https://doi.org/10.3390/ijms22052393>
- Wu J, Zhang Y, Wang L, Xie B, Wang H, Deng S. 2006. Visualization of single and aggregated hulless oat (*Avena nuda* L.) (1→3),(1→4)-β-D-glucan molecules by atomic force microscopy and confocal scanning laser microscopy. *J. Agric. Food Chem.* 54, 925–934. <https://doi.org/10.1139/V06-101>
- Wu SW, Kumar R, Iswanto ABB, Kim JY. 2018. Callose balancing at plasmodesmata. *J. Exp. Bot.* 69, 5325–5339. <https://doi.org/10.1093/jxb/ery317>
- Xie B, Wang X, Zhu M, Zhang Z, Hong Z. 2011. *CalS7* encodes a callose synthase responsible for callose deposition in the phloem. *Plant J.* 65, 1–14. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04399.x>
- Yan D, Yadav SR, Paterlini A, Nicolas WJ, Petit JD, Brocard L, Belevich I, Grison MS, Vaten A, Karami L, el Showk S, Lee J Y, Murawska GM, Mortimer J, Knoblauch M, Jokitalo E, Markham JE, Bayer EM, Helariutta Y. 2019. Sphingolipid biosynthesis modulates plasmodesmal ultrastructure and phloem unloading. *Nat. Plants* 5, 604–615. <https://doi.org/10.1038/s41477-019-0429-5>
- Yi G, Wu W, Wei T. 2021. Delivery of rice gall dwarf virus into plant phloem by its *Leafhopper* vectors activates callose deposition to enhance viral transmission. *Front. Microbiol.* 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.662577>
- Zaynab M, Xu ZS, Yad HA, Hussain A, Sharif Y, Al Yahyai R, Sadder M, Aloufi AS, Li S. 2024. Genome-wide analysis and expression profiling of *CalS* genes in *Glycine max* revealed their role in development and salt stress. *J. King Saud Univ. - Sci.* 36, 103049. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2023.103049>
- Zhang H, Shi WL, You JF, Bian M Di, Qin XM, Yu H, Liu Q, Ryan PR, Yang ZM. 2015. Transgenic *Arabidopsis thaliana* plants expressing a β-1,3-glucanase from sweet sorghum (*Sorghum bicolor* L.) show reduced callose deposition and increased tolerance to aluminium toxicity. *Plant Cell Environ.* 38, 1178–1188. <https://doi.org/10.1111/pce.12472>
- Zhang M, Cheng W, Wang J, Cheng T, Lin X, Zhang Q, Li C. 2023. Genome-wide identification of callose synthase family genes and their expression analysis in floral bud development and hormonal responses in *Prunus mume*. *Plants* 12. <https://doi.org/10.3390/plants12244159>
- Zhang Y, Yu J, Wang X, Durachko DM, Zhang S, Cosgrove D J. 2021b. Molecular insights into the complex mechanics of plant epidermal cell walls. *Science.* 372,706–711. <https://doi.org/10.1126/science.abf2824>
- Zou K, Liu Y, Wang T, Guan M, Li X, Li J, Yu H, Wu D, Du J. 2024. Genomic identification of callose synthase (*CalS*) gene family in sorghum (*Sorghum bicolor*) and comparative *in silico* expression analysis under aphid (*Melanaphis sacchari*) infestation. *Agronomy* 14. <https://doi.org/10.3390/agronomy14071393>

Ciencias ómicas: Herramienta para la bioprospección de microorganismos benéficos para una agricultura sostenible

Amelia C. Montoya-Martínez¹, Ixchel Campos-Avelar¹, Valeria Valenzuela-Ruíz¹, Fannie I. Parra-Cota², Sergio de los Santos-Villalobos¹♦

¹ Instituto Tecnológico de Sonora, Laboratorio de Biotecnología del Recurso Microbiano, Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Cajeme, MX.

² Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Norman E. Borlaug, Centro de Investigación Regional Noroeste, Cajeme, MX.

♦ Correspondencia: sergio.delossantos@itson.edu.mx

Área Temática:

Ciencias de las Plantas

Recibido: 18 de diciembre 2024

Aceptado: 13 de enero 2025

Publicado: 27 de enero 2025

Cita: Montoya-Martínez AC, Campos-Avelar I, Valenzuela-Ruíz V, Parra-Cota FI y de los Santos-Villalobos S. 2025. Las ciencias ómicas: Herramienta para la bioprospección de microorganismos benéficos para una agricultura sostenible. *Bioc Scientia* 1(1).

<https://doi.org/10.63622/RBS.2501>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: El uso de microorganismos benéficos en la agricultura ha cobrado gran importancia como una opción sostenible al uso de fertilizantes y plaguicidas sintéticos, fomentando prácticas agrícolas más amigables con el ambiente. No obstante, su efectividad en campo puede verse influenciada por factores como el clima, el tipo de suelo y la presencia de microorganismos autóctonos, lo que resalta la necesidad de investigación y pruebas previas. Las ciencias ómicas, como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica, ofrecen herramientas avanzadas para un estudio integral de estos microorganismos. La genómica permite identificar y predecir las funciones microbianas, facilitando la selección de cepas con aplicaciones agrobiotecnológicas, mientras tanto, la metagenómica analiza comunidades microbianas completas en su entorno natural. Por otro lado, la transcriptómica examina la expresión génica para comprender las interacciones entre plantas y microorganismos, en determinadas condiciones. La proteómica estudia las proteínas producidas, revelando mecanismos clave para el crecimiento vegetal y el control biológico, y la metabolómica se centra en los metabolitos implicados en estas interacciones. Estas disciplinas, combinadas, contribuyen a optimizar el uso de microorganismos benéficos, impulsando prácticas agrícolas más efectivas y sostenibles. En esta revisión, se abordarán estos temas, discutiendo las aplicaciones de las ciencias ómicas en la investigación de microorganismos promotores de crecimiento vegetal (MPCV) y ejemplos de éxito en agricultura sostenible.

Palabras clave: genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, MPCV.

Abstract: The use of beneficial microorganisms in agriculture has gained great importance as a sustainable option to the use of synthetic fertilizers and pesticides, promoting more environmentally friendly agricultural practices. However, its effectiveness in the field can be influenced by factors such as climate, soil type, and the presence of native microorganisms, which highlights the need for research and prior testing. Omic sciences, such as genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics, offer advanced tools for a comprehensive study of these microorganisms. Genomics allows the identification and prediction of microbial functions, facilitating the selection of strains with agrobiotechnological applications, meanwhile, metagenomics analyzes complete microbial communities in their natural environment. On the other hand, transcriptomics examines gene expressions to understand the interactions between plants and microorganisms, under certain conditions. Proteomics studies the proteins produced, revealing key mechanisms for plant growth and biological control, and metabolomics focuses on the metabolites involved in these interactions. These disciplines, combined, contribute to optimize the use of beneficial microorganisms, promoting more effective and sustainable agricultural practices. In this review, these topics will be addressed, discussing the applications of omics sciences in the research of plant growth-promoting microorganisms (PGPM) and examples of success in sustainable agriculture.

Keywords: genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, PGPM.

INTRODUCCIÓN

Hoy en día, el uso de microorganismos benéficos para la agricultura se ha incrementado a nivel mundial, ya que esta es una alternativa sostenible al uso de fertilizantes y plaguicidas sintéticos. Los microorganismos benéficos tienen la capacidad de promover el crecimiento de las plantas a través de mecanismos como la producción de fitohormonas, sideróforos y la solubilización de compuestos minerales del suelo; además, éstos pueden competir con otros microorganismos y así proteger a las plantas del ataque de patógenos (de los Santos-Villalobos et al., 2021).

Sin embargo, el éxito de la aplicación de estos microorganismos en campo, se puede ver afectada negativamente debido a diferentes factores como el clima, el tipo de suelo, la humedad y los microorganismos nativos que se encuentran en la zona de aplicación. Es por esto que el estudio y la investigación previa de estos microorganismos es de vital importancia, para poder comprender a profundidad las interacciones y los efectos que se puedan observar una vez en campo.

En este sentido, el uso de las ciencias ómicas ha brindado poderosas herramientas para el estudio de los microorganismos benéficos, sus interacciones, respuestas al medio ambiente y efectos en el agroecosistema. Las ciencias ómicas son un conjunto de disciplinas que estudian los diferentes tipos de moléculas que componen a los organismos, como lo son el ADN y ARN, las proteínas y los metabolitos, así como las redes de interacciones de las mismas, de una manera integral y masiva (Campos-Avelar et al., 2023). El término “ómica” proviene del inglés “omic” y se utiliza para referirse al estudio de la totalidad o del conjunto de algo.

Así, el objetivo de esta revisión es describir las ciencias ómicas más utilizadas y como se pueden aplicar en el campo de la agrobiotecnología para la obtención, producción y aplicación de microorganismos benéficos para la agricultura sostenible.

CIENCIAS ÓMICAS

Como se mencionó anteriormente, las ciencias ómicas estudian las moléculas que componen a los organismos de forma holística. Estas ciencias se dividen según la molécula en la cual enfocan su estudio, ya sean las proteínas, los ácidos nucleicos, los metabolitos, entre otras (Figura 1).

Genómica

La genómica, es la primera que fue reconocida como ciencia ómica y se trata sobre el estudio de los genomas. Esto significa que el trabajo de la genómica es estudiar todo el material genético de un organismo, utilizando tecnologías como la secuenciación (lecturas del genoma nucleótido por nucleótido), la bioinformática (análisis de información biológica por medio de informática y computación) y sus diversas herramientas basadas en algoritmos que permiten analizar características

o genes de interés específicos (Morales-Sandoval et al., 2021). La genómica tiene gran utilidad en la búsqueda o bioprospección de microorganismos benéficos para la agricultura, ya que a través de ella es posible identificar taxonómicamente (identificar el género y especie) a los microorganismos de interés y a su vez predecir sus potenciales funciones y capacidades. Por ejemplo, los estudios genómicos han facilitado la selección de microorganismos benéficos con capacidades de control biológico y promoción de crecimiento vegetal, a través de la anotación del genoma y la minería genómica (Campos-Avelar et al., 2023; Sekurova et al., 2019). Gracias a estas herramientas es posible determinar si una cepa bacteriana tiene el potencial de controlar a otros microorganismos a través de mecanismos como la producción de metabolitos antimicrobianos (Valenzuela-Ruiz et al., 2022; Villa-Rodriguez et al., 2021) o de promover el crecimiento vegetal a través de mecanismos como la solubilización de nutrientes (Morales-Sandoval et al., 2024) (Cuadro 1).

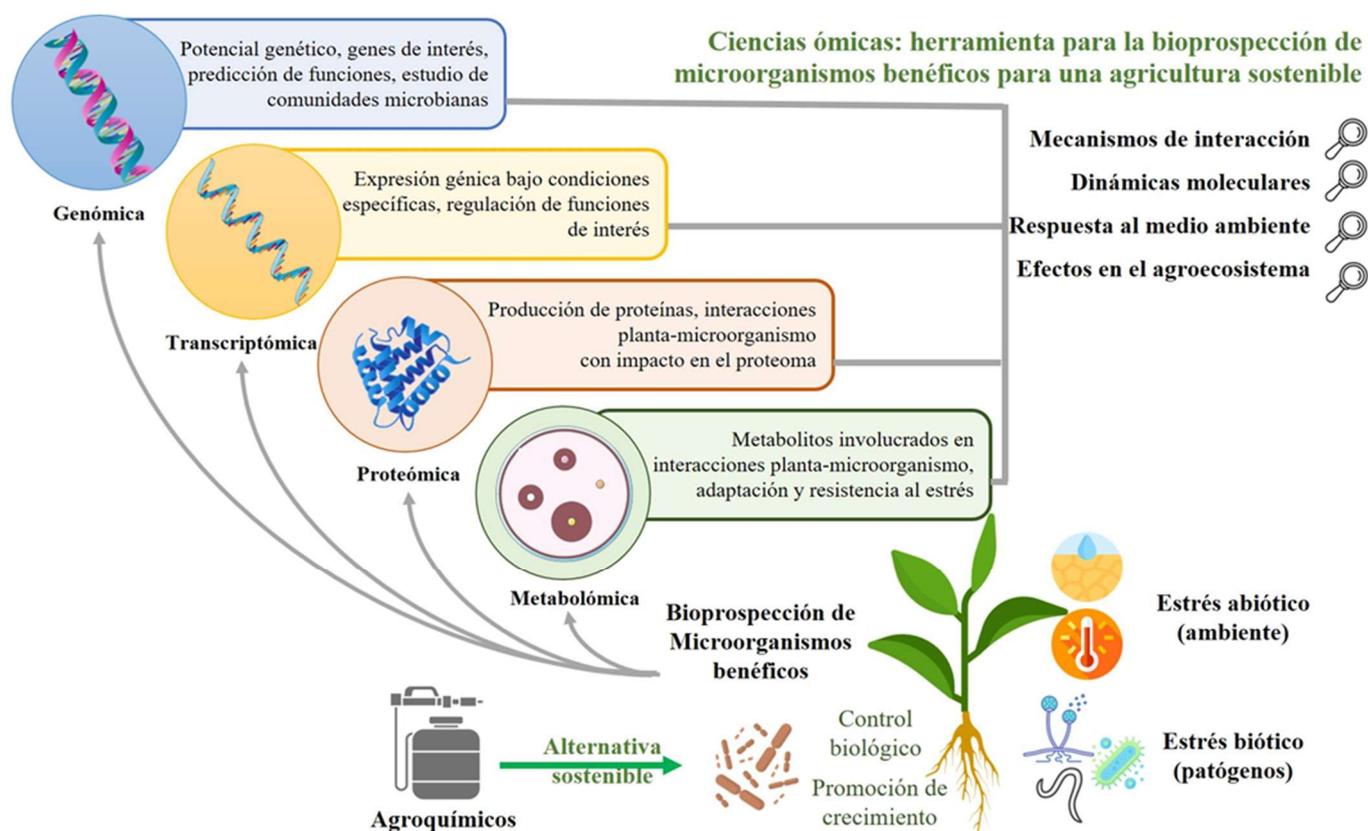


Figura 1. Resumen de las ciencias ómicas, sus objetos de estudio y aplicaciones en la agricultura.

Cuadro 1. Ejemplos de genes involucrados en mecanismos de promoción de crecimiento y biocontrol en la agricultura sostenible.

Genes	Microorganismo	Función	Referencia
<i>phoA, phoD, phoX</i>	<i>Pseudomonas, Ochrobactrum, Acinetobacter</i>	Producción de fosfatasa alcalinas, promoción de la solubilización del fósforo inorgánico y orgánico.	Pan y Cai, 2023
<i>ipdC</i>	<i>Azospirillum brasilense, Pseudomonas agglomerans</i>	Producción de indolpiruvato decarboxilasa, parte de la ruta de biosíntesis de ácido indolacético.	Patten et al., 2013
<i>urfA-A-D</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del lipopéptido surfactina.	Ongena y Jacques, 2008
<i>ppsA-D</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del lipopéptido plipastatina.	Ongena y Jacques, 2008
<i>dhbA, dhbB, dhbC, dhbE, y dhbF</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del sideróforo bacilibactina.	May et al., 2001
<i>paeG, paeA, paeC, paeE, paeB, paeF</i>	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Biosíntesis del sideróforo paenibactina.	Wen et al., 2011

Esta herramienta ha sido utilizada en diversas cepas de especies del género *Bacillus*. En un estudio de 2023, Montoya-Martínez et al. analizaron el genoma de la bacteria *B. cabrialesii* subsp. *tritici* TSO2^T para encontrar los mecanismos de acción involucrados en el control biológico de *Fusarium* causante de marchitez en Chile. A través de minería genómica, se encontró que TSO2^T posee clústeres de genes biosintéticos para la producción de los lipopéptidos fengicina y surfactina, reportados con actividad antimicrobiana (Ongena y Jacques, 2008), además de otros grupos de genes que codifican para el sideróforo bacilibactina, la proteasa subtilisina A, entre otros potenciales metabolitos (Montoya-Martínez et al., 2023). La bioactividad de estos potenciales metabolitos fue probada en un ensayo *in vitro* contra el patógeno de Chile *Fusarium languescens*, donde se usó el sobrenadante libre de células de TSO2^T para biocontrolar al hongo. Los resultados demostraron que éste fue capaz de reducir la biomasa fúngica en hasta un 30% (Montoya-Martínez et al., 2023). De manera similar al ejemplo anterior, la genómica ha sido utilizada para elucidar mecanismos de acción en especies del género *Pseudomonas*, por ejemplo, en un estudio de 2020, Chlebek et al. analizaron la actividad de biocontrol de *Pseudomonas fluorescens* BRZ63 aislado de *Brassica napus* (canola), contra *Rhizoctonia solani*, *Colletotrichum dematium*, *Sclerotinia sclerotiorum* y *Fusarium avenaceum*; en pruebas *in vitro*, *P. fluorescens* BRZ63 mostró una importante inhibición del crecimiento de estos hongos y mejoró la germinación y crecimiento de plántulas de canola. Al realizar una minería de su genoma, se encontró que éste contiene genes cruciales para la biosíntesis de fenanzina y genes implicados en la síntesis de acetoína y butanodiol, que actúan como factores promotores del crecimiento y aumentan la resistencia de las plantas contra patógenos. Además, el análisis del genoma de la cepa BRZ63 también reveló la presencia de varios

genes involucrados en la producción y el transporte de sideróforos, junto con genes que codifican bacterioferritina, enterobactina y pioverdina. Este estudio dilucidó los potenciales mecanismos de acción involucrados en la promoción de crecimiento y biocontrol observados en las pruebas *in vitro* (Chlebek et al., 2020).

Una variante de la genómica es la metagenómica, la cual analiza el conjunto de genomas presentes en una muestra ambiental. Esto significa que permite analizar una comunidad completa de microorganismos. Aplicada a la agricultura, la metagenómica permite estudiar el microbioma de las plantas identificando qué microorganismos están presentes y qué funciones están desempeñando, lo que puede proporcionar información valiosa para mejorar las prácticas agrícolas, como el uso de biofertilizantes o el control biológico (Lutz et al., 2020). Los estudios metagenómicos han permitido elucidar el papel que juega el microbioma en la respuesta de las plantas a los estreses bióticos y abióticos, ya que éstos pueden generar alteraciones en los exudados de raíces y hojas y, a su vez, modifican la comunidad microbiana asociada a la planta. Evidencias emergentes demuestran que estos cambios, especialmente el aumento en la abundancia de microbios comensales tras situaciones de estrés, pueden ser benéficos para la supervivencia de la planta. En este sentido, Dindhoria et al. (2024) analizaron el potencial de tolerancia a la sal y promoción del crecimiento vegetal en dos ecosistemas hipersalinos con concentraciones mayores a 32,900 ppm iones de Na^+ , reconstruyendo un total de 67 genomas ensamblados metagenómicamente. Se identificaron géneros como *Salinarchaeum*, *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Spiribacter* y *Longimonas*, entre otros, los cuales presentaron en sus genomas varias características promotoras del crecimiento vegetal, como la solubilización de fosfatos y la producción de ácido indol-3-acético (AIA). Por otro lado, características como la adquisición de hierro y la solubilización de potasio se observaron en una mayoría sustancial. Este estudio sugiere que el microbioma hipersalino puede ser utilizado como agentes biofertilizantes en prácticas agrícolas en áreas salinizadas, aliviando los estreses prevalentes (Dindhoria et al., 2024).

La genómica ha demostrado ser de gran utilidad para la identificación taxonómica de microorganismos benéficos para la agricultura y la elucidación de sus potenciales mecanismos de acción con el fin de aprovecharlos de una manera eficiente; sin embargo, por sí sola, esta tecnología no permite ver el panorama completo de las interacciones planta-microorganismo, por lo que suele ser complementada con otras ciencias ómicas, de las cuales se hablará a continuación.

Transcriptómica

La transcriptómica es una disciplina que se enfoca en el estudio del ácido ribonucleico (ARN), particularmente del ARN mensajero (ARNm), que contiene la información necesaria para la síntesis proteica. Este campo se fundamenta en el principio de que el ADN se transcribe en ARNm, el cual regula la traducción de

proteínas esenciales para las funciones celulares. Mediante el análisis transcriptómico, es posible investigar el ARNm para identificar los mecanismos moleculares subyacentes a la producción de proteínas y las condiciones específicas que modulan estos procesos.

Los estudios transcriptómicos, como el análisis de expresión diferencial de genes, permiten la comparación y caracterización de las condiciones que regulan funciones biológicas específicas en un organismo. Bajo el enfoque de la bioprospección de microorganismos benéficos, herramientas como la transcriptómica son esenciales para comprender las interacciones planta-microorganismo. Esta disciplina permite analizar los genes expresados en las plantas durante su interacción con microorganismos, sean benéficos o patógenos, revelando señales moleculares clave y sus impactos en la fisiología y los mecanismos de defensa de la planta hospedera (Plett y Martin, 2018; Tao et al., 2023). Por ejemplo, un estudio realizado por Caradonia et al. (2022) en hojas de plántulas de tomate (*Solanum lycopersicum*) injertadas, tras la inoculación de raíces con *Paraburkholderia graminis* y *Azospirillum baldaniorum*, reveló que las interacciones planta-microorganismo son específicas de cada especie. Cada microorganismo activó diferentes vías y mecanismos en la planta, sin embargo, ambos tratamientos estimularon rutas relacionadas con la absorción de agua y nutrientes, respuestas de defensa al estrés biótico y abiótico, y la regulación hormonal de la maduración del fruto. El tratamiento con *A. baldaniorum* indujo principalmente genes asociados con factores de transcripción MYB, asociados a respuestas al estrés, mientras que *P. graminis* reguló positivamente genes relacionados con proteínas de resistencia al tizón tardío. Estos hallazgos destacan la importancia de comprender los mecanismos moleculares de las interacciones planta-microbio para optimizar el uso de microorganismos benéficos en la agricultura. Otro ejemplo es el estudio realizado por Chaparro-Encinas et al. (2022), donde se analizó el transcriptoma de plántulas de trigo inoculadas con *Bacillus paralicheniformis*. Los resultados mostraron que esta interacción regula el crecimiento celular multidimensional, suprime los mecanismos de defensa, induce receptores de estímulos centrales, y promueve el metabolismo de carbohidratos y el transporte relacionado con fitohormonas. Esto sugiere que *B. paralicheniformis* es un bioinoculante prometedor para mejorar el crecimiento y desarrollo del trigo al reprogramar simultáneamente las respuestas resistencia sistémica inducida (ISR) y resistencia sistémica adquirida (ASR), suprimiendo la defensa e induciendo respuestas a estímulos centrales.

Asimismo, la transcriptómica permite caracterizar las interacciones entre microorganismos benéficos y patógenos, analizando la expresión de genes involucrados en la síntesis de metabolitos antimicrobianos que contribuyen a la defensa del hospedero o a la competencia microbiana permitiendo evaluar su potencial metabólico bajo condiciones definidas (Shaw et al., 2021). Por ejemplo, el estudio de transcriptomas ha revelado genes que codifican enzimas líticas en hongos como *Trichoderma*, conocidos por su capacidad para degradar materia orgánica y biocontrolar enfermedades en plantas (Atanasova et al., 2013). Otro ejemplo de esto

es el estudio realizado por Tian et al. (2021) donde se señala que la bioactividad antifúngica de *Bacillus amyloliquefaciens* contra la marchitez causada por *Fusarium oxysporum* está relacionada con grupos de genes asociados con la producción de difucidina, bacilibactina y bacilisina, los cuales se encontraron significativamente regulados de manera positiva. Esta información es crucial porque permite un entendimiento profundo de los mecanismos moleculares que subyacen al biocontrol, lo que es fundamental para diseñar estrategias más precisas, sostenibles y efectivas en la gestión de enfermedades agrícolas. Por otro lado nos permite analizar interacciones específicas en relación a escenarios futuros, por ejemplo, en un estudio realizado por Chaparro-Encinas et al. (2021) se analizó la regulación transcripcional de procesos metabólicos y celulares en trigo duro (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) bajo estrés térmico, identificando los principales mecanismos de aclimatación molecular. Estos incluyen la regulación de la fotosíntesis mediante la acumulación de ATPasas, la biosíntesis de lípidos para reforzar la pared celular y ajustar la fluidez de la membrana, y la actividad de peroxidasa a través de la expresión de citocromo P450. Estos procesos facilitan la adaptación y tolerancia de las plantas al aumento de temperatura. Asimismo, se observó un mayor transporte de biomasa hacia las raíces como estrategia de protección.

La transcriptómica emerge como una herramienta fundamental para comprender y optimizar las interacciones entre organismos en diversos contextos biológicos y ambientales. Su capacidad para revelar los mecanismos moleculares subyacentes a procesos clave, como la defensa vegetal, la promoción del crecimiento o la adaptación al estrés, permite no solo un entendimiento más profundo de estos fenómenos, sino también el diseño de estrategias innovadoras y sostenibles en campos como la agricultura y la biotecnología. Al integrar este conocimiento con tecnologías avanzadas como RNA-seq, es posible abordar desafíos actuales y futuros relacionados con la producción agrícola, el biocontrol y la adaptación al cambio climático, contribuyendo al desarrollo de soluciones más eficientes y sostenibles.

Proteómica

La proteómica, como su nombre sugiere, se dedica al estudio del conjunto de proteínas que son producidas por un organismo. Estos estudios incluyen la estructura, función, localización, expresión y modificaciones de las proteínas, y tiene como objetivo tener una visión global de los procesos celulares y biológicos. La proteómica puede tener un papel crucial en la bioprospección de microorganismos benéficos, especialmente en el contexto de la agricultura sostenible y la biotecnología. Ésta permite identificar y caracterizar proteínas que están asociadas con funciones de interés agrícola como la producción de enzimas degradadoras, la promoción del crecimiento vegetal, o el control de fitopatógenos (Wang et al., 2021). De la misma forma explora cómo un organismo interactúa con su entorno, incluyendo

su capacidad para sobrevivir en condiciones extremas, lo que es vital para seleccionar microorganismos que puedan ser efectivos en ambientes agrícolas adversos. Además, a través de la proteómica es posible analizar las respuestas de los cultivos a diferentes condiciones y comprender las interacciones que suceden durante la colonización por microorganismos promotores del crecimiento vegetal. (Rodríguez-Vázquez y Mesa-Marín, 2023).

En este sentido, cambios proteómicos asociados con la mejora del crecimiento vegetal después de la inoculación de microorganismos benéficos se han observado en maíz, arroz, chícharo, tabaco, lechuga, tomate, entre otras plantas modelo (Rodríguez-Vázquez y Mesa-Marín, 2023). Por ejemplo, cuando se inoculó *Priestia megaterium* y *Enterobacter* sp. C7 en plantas de tomate se observó un aumento en el crecimiento de las plantas y un cambio en el perfil proteómico, modificando los niveles de proteínas relacionadas con estrés, contenido de antioxidantes y capacidad de adquisición de fósforo; con la inoculación de *P. megaterium* se observó que 21 proteínas fueron inducidas y 18 fueron reprimidas, y con *Enterobacter* sp. C7, 11 proteínas fueron inducidas y 18 fueron reprimidas en comparación con los controles; estos cambios afectaron significativamente la ruta de detoxificación mediada por glutionato (Ibort et al., 2018).

La proteómica también permite elucidar los mecanismos de las interacciones planta-patógeno, con un enfoque en las proteínas asociadas con defensa. Diversos estudios proteómicos se han realizado en maíz tratando de explicar estas interacciones. Éstos han encontrado grupos de proteínas que comúnmente responden cuando el maíz está en interacción con patógenos como *Aspergillus flavus*, *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum*, *Curvularia lunata*, el virus del enanismo de estrías negras del arroz (RBSVD) o el virus del mosaico de la caña de azúcar (SCMV) (Pechanova y Pechan, 2015). En la revisión de estudios proteómicos realizada por Pechanova y Pechan (2015) se encontró que la respuesta del maíz a estos patógenos tenía en común: i) proteínas relacionadas a patógenos como quitinasas y glucanasas (Chen et al., 2006); ii) enzimas detoxificantes como la superóxido desmutasa (SOD), catalasa y antioxidante peroxirredoxina (PER) (Pechanova et al., 2011); iii) proteínas relacionadas con metabolismo secundario como la fenilalanina amoniaco-liasa (PAL), cafeoil-CoA-3-O-metiltransferasa y calcona-flavonona isomerasa (Wu et al., 2013); iv) proteínas relacionadas con las rutas de producción de energía como la GAPDH y ADP-glucosa pirofosforilasa (Mohammadi et al., 2011); v) proteínas relacionadas con síntesis, plegamiento y estabilización de proteínas como chaperoninas (Huang et al., 2009; Pechanova y Pechan, 2015).

El estudio del proteoma puede ser una tecnología útil para elucidar los mecanismos clave en las respuestas de las plantas a la inoculación con microorganismos promotores de crecimiento vegetal. Sin embargo, el análisis proteómico en las interacciones planta-microorganismo es un campo en el que aún queda mucho por hacer para llegar a conclusiones sólidas.

Metabolómica

Finalmente, la metabolómica, estudia integralmente los metabolitos producidos por las células, su dinámica y composición. Ésta permite elucidar los mecanismos de acción involucrados en las interacciones entre organismos, como aquellas entre microorganismos benéficos y patógenos, descifrando con precisión aquellos metabolitos y compuestos involucrados en la inhibición y competencia (Villa-Rodríguez et al., 2021). La metabolómica, como ciencia ómica multidisciplinaria, se centra en la detección cualitativa y cuantitativa de los metabolitos producidos dentro de un sistema biológico, así como en el estudio integral de su composición y dinámica (Yan et al., 2022). Las técnicas empleadas para el estudio de dichos metabolitos incluyen principalmente la espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN), las cromatografías líquida y de gases con espectrometría de masas (LC-MS y GC-MS, respectivamente) y la electroforesis capilar (CE-MS), las cuales se basan en la separación de los distintos metabolitos en función de sus propiedades fisicoquímicas (Alawiye y Babalola, 2021). El conjunto de metabolitos (aminoácidos, aminas, lípidos, carbohidratos, vitaminas, hormonas, etc.) primarios y secundarios resultantes de los distintos procesos biológicos se conoce como metaboloma; éste se interpreta como el lenguaje químico del metabolismo y constituye el mejor acercamiento ómico de la caracterización fenotípica (Nephali et al., 2020). A su vez, el metaboloma es afectado por factores genéticos y ambientales, siendo altamente sensible a cambios en el flujo metabólico y la actividad enzimática dentro del sistema. Por ende, los cambios en el metaboloma juegan un papel fundamental durante los procesos de adaptación y resistencia al estrés (Choudhury et al., 2021).

Como mencionado previamente, la genómica, transcriptómica y proteómica aplicadas a la producción agrícola permiten estudiar cómo los factores bióticos y abióticos alteran la expresión génica de la planta (Tyagi et al., 2022). Sin embargo, no todos los genes son expresados y no todos los incrementos en mRNA resultan en el aumento de una proteína, así como no todas las proteínas traducidas son activas enzimáticamente. Por lo anterior, el complemento que aporta la metabolómica es crucial, ya que refleja el estatus bioquímico de la planta ante la influencia de factores que regulan su metabolismo, así como la subsecuente reprogramación molecular necesaria para mantener el equilibrio celular (Nephali et al., 2020). Así pues, un enfoque que involucre de forma integral al conjunto de ciencias ómicas permite un mejor entendimiento y aprovechamiento de los procesos bioquímicos tripartitas (organismo benéfico-planta-agente de estrés) que definen el bienestar de los cultivos (Adeniji et al., 2020). En un estudio realizado por Villa-Rodríguez et al. (2021), en el cual combinaron genómica y metabolómica, se encontró que el efecto antifúngico de *Bacillus cabrialesii* TE3^T contra *Bipolaris sorokiniana*, patógeno causante de la mancha borrosa en trigo, era producido por un complejo lipopéptidos de surfactina y un homólogo de la fengicina, ambos compuestos antifúngicos (Villa-Rodríguez et al., 2021).

Una gran diversidad de metabolitos está involucrada en las interacciones entre la planta hospedera y los microorganismos asociados a ésta, las cuales pueden ser

tanto benéficas como perjudiciales. Mediante estudios metabolómicos, se pueden descifrar los mecanismos de inmunidad y defensa de las plantas contra patógenos y condiciones ambientales adversas (Carrera et al., 2021). Por ejemplo, en un estudio metabolómico no dirigido, Zeiss et al. (2019) demostraron que durante la infección de plantas de tomate por la bacteria fitopatogena *Ralstonia solanacearum*, ésta produce la poliamina putrescina, la cual acelera el proceso infeccioso. Por su parte, la planta contra ataca produciendo ácidos químicos y flavonoides con capacidad antimicrobiana (Zeiss et al., 2019). Por otro lado, la metabolómica permite identificar biomarcadores que generen efectos bioestimulantes para el cultivo, entre los que destacan la mejora en su aprovechamiento de recursos, crecimiento, rendimiento y/o calidad, así como el incremento de su resistencia a diversas fuentes de estrés (Nephali et al., 2020). Un ejemplo de esto fue un estudio realizado por Gundaraniya et al. (2020) en plantas de cacahuete (*Arachis hypogaea*), en donde se encontró que diversos metabolitos fueron producidos por la planta bajo condiciones de estrés hídrico, principalmente alcoholes y azúcares tales como: pentitol, fitol, ácido xilónico, D-xilopiranososa, ácido esteárico y D-ribosa. Además de dos poliaminas: agmatina y cadaverina, las cuales fueron asociadas a la resistencia al estrés hídrico de una variedad de cacahuete tolerante a las sequías (Gundaraniya et al., 2020). Así pues, la información proporcionada por los perfiles metabolómicos de diversos cultivos puede ser empleada durante los procesos de selección de variedades mejoradas y más resistentes (Al-Khayri et al., 2023). Tal fue el caso de un estudio realizado por Shi et al. (2020) en el que analizaron la relación entre los niveles de distintos metabolitos y los rasgos agronómicos deseables en plantas de trigo. En dicho estudio, se encontró que un gen modulador de la producción de auxina podía tener un impacto en el número de granos por espiga. De igual forma, se descubrió una fuerte relación entre la cantidad de betaína y la altura de la planta, lo que posiciona esta molécula como un bioindicador eficaz para predecir este rasgo biométrico en las plantas de trigo seleccionadas (Shi et al., 2020).

Los estudios metabolómicos enfrentan distintos retos, siendo los principales la identificación de compuestos desconocidos y la distinción entre los metabolitos producidos por cada uno de los integrantes de un sistema biológico en interacción (Castro-Moretti et al., 2020). Por esta razón, actualmente se estudian diversos puntos de mejora, desde una correcta planeación del diseño del estudio hasta la interpretación biológica de los resultados. Los puntos críticos incluyen principalmente i) los métodos de extracción y análisis de los metabolitos (mediante marcado isotópico, por ejemplo), así como ii) la selección de datos apropiados entre la gran cantidad de datos obtenidos, y por último, la interpretación e integración de los resultados complementados por otras ciencias ómicas (Nephali et al., 2020). Por consiguiente, la optimización de los análisis metabolómicos y su combinación con el resto de ciencias ómicas facilitará un mejor entendimiento de las interacciones entre la planta y su entorno y contribuirá a la formulación de estrategias innovadoras para mejorar la calidad y rendimiento de los cultivos de forma sostenible (Adeniji et al., 2020).

CONCLUSIONES

Las ciencias ómicas ofrecen herramientas poderosas para explorar y comprender profundamente las dinámicas moleculares de los microorganismos benéficos. Al integrar disciplinas como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica, es posible no solo identificar y caracterizar microorganismos prometedores, sino también optimizar su uso en la agricultura sostenible. Estas disciplinas permiten un enfoque integral y masivo, elucidando las complejas interacciones entre microorganismos, plantas y su entorno, facilitando así el desarrollo de soluciones biotecnológicas más eficientes y adaptadas a las necesidades específicas de cada agroecosistema.

Contribución de los autores

A.C.M.-M., S.dI.S.-V. Conceptualización; A.C.M.-M., I.C.-A., V.V.-R., F.I.P.-C., S.dI.S.-V. Preparación del manuscrito, edición y revisión, S.dI.S.-V. Aprobación de la versión final del manuscrito.

Agradecimientos

Los autores agradecen a los miembros del Laboratorio de Biotecnología del Recurso Microbiano, del Instituto Tecnológico de Sonora ITSON. A.C.M.-M., I.C.-A. y V.V.-R. agradecen al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT), por las becas otorgadas (CVU: 440879, número de solicitud posdoctoral: 2306476; CVU: 840486, número de solicitud posdoctoral: 3813573; CVU: 924892, número de beca de doctorado: 712969, respectivamente).

Conflicto de interés

Los autores declaran que la investigación se llevó a cabo sin ninguna relación comercial o financiera que pudiera interpretarse como un posible conflicto de intereses.

REFERENCIAS

- Adeniji AA, Babalola OO, Loots DT. 2020. Metabolomic applications for understanding complex tripartite plant-microbes interactions: Strategies and perspectives. *Biotechnology Reports* 25:e00425). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2020.e00425>
- Al-Khayri JM, Rashmi R, Toppo V, Chole PB, Banadka A, Sudheer WN, Nagella P, Shehata WF, Al-Mssallem MQ, Alessa FM, Almaghasla MI, Rezk AAS. 2023. Plant Secondary Metabolites: The Weapons for Biotic Stress Management. *Metabolites* 13(6):716. <https://doi.org/10.3390/metabo13060716>
- Alawiye TT, Babalola OO. 2021. Metabolomics: current application and prospects in crop production. *Biologia*, 76(1):227–239. <https://doi.org/10.2478/S11756-020-00574-Z/METRICS>
- Atanasova L, Crom S. Le, Gruber S, Culpier F, Seidl-Seiboth V, Kubicek CP, Druzhinina IS. 2013. Comparative transcriptomics reveals different strategies of *Trichoderma* mycoparasitism. *BMC Genomics*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-121>
- Campos-Avelar I, Montoya-Martínez AC, Villa-Rodríguez ED, Valenzuela-Ruiz V, Ayala Zepeda M, Parra-Cota FI, de los Santos Villalobos S. 2023. The Mitigation of Phytopathogens in Wheat under Current and Future Climate Change Scenarios: Next-Generation Microbial Inoculants. *Sustainability* 15(21). <https://doi.org/10.3390/su152115250>
- Caradonia F, Buti M, Flore A, Gatti R, Morcia C, Terzi V, Ronga D, Moulin L, Francia E, Milc JA. 2022. Characterization of Leaf Transcriptome of Grafted Tomato Seedlings after Rhizospheric Inoculation with *Azospirillum baldaniorum* or *Paraburkholderia graminis*. *Agronomy*, 12(10). <https://doi.org/10.3390/agronomy12102537>

- Carrera FP, Noceda C, Maridueña-Zavala MG, Cevallos-Cevallos JM. 2021. Metabolomics, a powerful tool for understanding plant abiotic stress. *Agronomy* 11(5):824. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050824>
- Castro-Moretti FR, Gentzel IN, Mackey D, Alonso AP. 2020. Metabolomics as an emerging tool for the study of plant–pathogen interactions. *Metabolites* 10(2). <https://doi.org/10.3390/metabo10020052>
- Chaparro-Encinas LA, Parra-Cota FI, Cruz-Mendivil A, Santoyo G, Peña-Cabriales JJ, Castro-Espinoza L, de los Santos-Villalobos S. 2022. Transcriptional regulation of cell growth and reprogramming of systemic response in wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) seedlings by *Bacillus paralicheniformis* TRQ65. *Planta*, 255(3). <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03837-y>
- Chaparro-Encinas LA, Santoyo G, Peña-Cabriales JJ, Castro-Espinoza L, Parra-Cota FI, de los Santos-Villalobos S. 2021. Transcriptional regulation of metabolic and cellular processes in durum wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) in the face of temperature increasing. *Plants*, 10(12). <https://doi.org/10.3390/plants10122792>
- Chen ZY, Brown RL, Rajasekaran K, Damann KE, Cleveland TE. 2006. Identification of a maize kernel pathogenesis-related protein and evidence for its involvement in resistance to *Aspergillus flavus* infection and aflatoxin production. *Phytopathology*, 96(1), 87–95. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-96-0087>
- Chlebek D, Pinski A, Žur J, Michalska J, Hupert-Kocurek K. 2020. Genome mining and evaluation of the biocontrol potential of *Pseudomonas fluorescens* BRZ63, a new endophyte of oilseed rape (*Brassica napus* L.) against fungal pathogens. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(22), 1–21. <https://doi.org/10.3390/ijms21228740>
- Choudhury S, Sharma P, Moulick D, Mazumder MK. 2021. Unrevealing metabolomics for abiotic stress adaptation and tolerance in plants. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 24(5):479–493. Springer. <https://doi.org/10.1007/s12892-021-00102-8>
- de los Santos-Villalobos S, Díaz-Rodríguez AM, Ávila-Mascareño MF, Martínez-Vidales AD, Parra-Cota FI. 2021. Colmena: A culture collection of native microorganisms for harnessing the agro-biotechnological potential in soils and contributing to food security. *Diversity* 13(8). <https://doi.org/10.3390/d13080337>
- Dindhorja K, Kumar R, Bhargava B, Kumar R. 2024. Metagenomic assembled genomes indicated the potential application of hypersaline microbiome for plant growth promotion and stress alleviation in salinized soils. *MSystems*, 9(3). <https://doi.org/10.1128/msystems.01050-23>
- Gundaraniya SA, Ambalam PS, Tomar RS. 2020. Metabolomic Profiling of Drought-Tolerant and Susceptible Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Genotypes in Response to Drought Stress. *ACS Omega*, 5(48):31209–31219. <https://doi.org/10.1021/acsomega.0c04601>
- Huang X, Liu L, Chen J, Zhai Y. 2009. Comparative proteomic analysis of the response in resistant and susceptible maize inbred lines to infection by *Curvularia lunata*. *Progress in Natural Science*, 19(7):845–850. <https://doi.org/10.1016/j.pnsc.2008.07.024>
- Ibort P, Imai H, Uemura M, Aroca R. 2018. Proteomic analysis reveals that tomato interaction with plant growth promoting bacteria is highly determined by ethylene perception. *Journal of Plant Physiology*, 220:43–59. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2017.10.008>
- Lutz S, Thuerig B, Oberhaensli T, Mayerhofer J, Fuchs JG, Widmer F, Freimoser FM, Ahrens CH. 2020. Harnessing the Microbiomes of Suppressive Composts for Plant Protection: From Metagenomes to Beneficial Microorganisms and Reliable Diagnostics. *Frontiers in Microbiology* 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01810>
- May JJ, Wendrich TM, Marahiel MA. 2001. The *dhb* Operon of *Bacillus subtilis* Encodes the Biosynthetic Template for the Catecholic Siderophore 2,3-Dihydroxybenzoate-Glycine-Threonine Trimeric Ester Bacillibactin. *Journal of Biological Chemistry*, 276(10):7209–7217. <https://doi.org/10.1074/jbc.M009140200>
- Mohammadi M, Anoop V, Gleddie S, Harris LJ. 2011. Proteomic profiling of two maize inbreds during early gibberella ear rot infection. *Proteomics*, 11(18):3675–3684. <https://doi.org/10.1002/pmic.201100177>
- Montoya-Martínez AC, Figueroa-Brambila KM, Escalante-Beltrán A, López-Montoya ND, Valenzuela-Ruiz V, Parra-Cota FI, Estrada Alvarado MI, de los Santos-Villalobos S. 2023. Biological Control Mechanisms of *Bacillus cabrialesii* subsp. *tritici* TSO2T against *Fusarium languescens*, the Causal Agent of Wilt in Jalapeño Peppers. *Horticulturae*, 9(9). <https://doi.org/10.3390/horticulturae9090964>
- Morales-Sandoval PH, Valenzuela-Ruiz V, Ortega-Urquieta ME, Martínez-Vidales AD, Félix-Pablos CM, Chávez-Luzanía RA, Parra-Cota FI, de los Santos-Villalobos S. 2021. Taxonomía bacteriana basada en índices relacionados al genoma completo. *La Sociedad Académica*, 58:39–50. https://www.itson.mx/publicaciones/sociedad-academica/Documents/LSA_58_compressed.pdf#page=41
- Morales-Sandoval PH, Valenzuela-Ruiz V, Santoyo G, Hyder S, Mitra D, Zelaya-Molina LX, Ávila-Alistac N, Parra-Cota FI, Santos-Villalobos SDL. 2024. Draft genome of a biological control agent against *Bipolaris sorokiniana*, the causal phytopathogen of spot blotch in wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum*): *Bacillus inaquosorum* TSO22. *Open Agriculture*, 9(1). <https://doi.org/10.1515/opag-2022-0309>
- Nephali L, Piater LA, Dubery IA, Patterson V, Huyser J, Burgess K, Tugizimana F. 2020. Biostimulants for plant growth and mitigation of abiotic stresses: A metabolomics perspective. *Metabolites* 10(12):1–26. <https://doi.org/10.3390/metabo10120505>
- Ongena M, Jacques P. 2008. *Bacillus* lipopeptides: versatile weapons for plant disease biocontrol. *Trends in Microbiology* 16(3):115–125. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2007.12.009>

- Pan L, Cai B. 2023. Phosphate-Solubilizing Bacteria: Advances in Their Physiology, Molecular Mechanisms and Microbial Community Effects. *Microorganisms*, 11(12). <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122904>
- Patten CL, Blakney AJC, Coulson TJD. 2013. Activity, distribution and function of indole-3-acetic acid biosynthetic pathways in bacteria. *Critical Reviews in Microbiology*, 39(4):395–415. <https://doi.org/10.3109/1040841X.2012.716819>
- Pechanova O, Pechan T. 2015. Maize-pathogen interactions: An ongoing combat from a proteomics perspective. *International Journal of Molecular Sciences*, 16(12):28429–28448. <https://doi.org/10.3390/ijms161226106>
- Pechanova O, Pechan T, Williams WP, Luthe DS. 2011. Proteomic analysis of the maize rachis: Potential roles of constitutive and induced proteins in resistance to *Aspergillus flavus* infection and aflatoxin accumulation. *Proteomics*, 11(1):114–127. <https://doi.org/10.1002/pmic.201000368>
- Plett JM, Martin FM. 2018. Know your enemy, embrace your friend: using omics to understand how plants respond differently to pathogenic and mutualistic microorganisms. *Plant Journal*, 93(4):729–746. <https://doi.org/10.1111/tpj.13802>
- Rodríguez-Vázquez R, Mesa-Marín J. 2023. Plant responses to plant growth promoting bacteria: Insights from proteomics. *Journal of Plant Physiology*, 287. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2023.154031>
- Sekurova ON, Schneider O, Zotchev SB. 2019. Novel bioactive natural products from bacteria via bioprospecting, genome mining and metabolic engineering. *Microbial Biotechnology* 12(5):828–844. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13398>
- Shaw R, Tian X, Xu J. 2021. Single-Cell Transcriptome Analysis in Plants: Advances and Challenges. *Molecular Plant*, 14(1):115–126. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.10.012>
- Shi T, Zhu A, Jia J, Hu X, Chen J, Liu W, Ren X, Sun D, Fernie AR, Cui F, Chen W. 2020. Metabolomics analysis and metabolite-agronomic trait associations using kernels of wheat (*Triticum aestivum*) recombinant inbred lines. *The Plant Journal*, 103(1): 279–292. <https://doi.org/10.1111/TPJ.14727>
- Tao F, Fan C, Liu Y, Sivakumar S, Kowalski KP, Golenberg EM. 2023. Optimization and application of non-native *Phragmites australis* transcriptome assemblies. *PLoS ONE*, 18:1–28. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0280354>
- Tian D, Song X, Li C, Zhou W, Qin L, Wei L, Di W, Huang S, Li B, Huang Q, Long S, He Z, Wei S. 2021. Antifungal mechanism of *Bacillus amyloliquefaciens* strain GKT04 against *Fusarium* wilt revealed using genomic and transcriptomic analyses. *MicrobiologyOpen*, 10(3). <https://doi.org/10.1002/mbo3.1192>
- Tyagi P, Singh D, Mathur S, Singh A, Ranjan R. 2022. Upcoming progress of transcriptomics studies on plants: An overview. *Frontiers in Plant Science* 13:1030890). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1030890>
- Valenzuela-Ruiz V, Parra-Cota FI, Santoyo G, de los Santos-Villalobos S. 2022. Potential biocontrol mechanisms of *Bacillus* sp. TSO2 against *Bipolaris sorokiniana*, spot blotch in wheat. *Revista Mexicana de Fitopatología, Mexican Journal of Phytopathology*, 40(2). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2201-1>
- Villa-Rodríguez E, Moreno-Ulloa A, Castro-Longoria E, Parra-Cota F., de los Santos-Villalobos S. 2021. Integrated omics approaches for deciphering antifungal metabolites produced by a novel *Bacillus* species, *B. cabrialesii* TE3T, against the spot blotch disease of wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum*). *Microbiological Research*, 251. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126826>
- Wang Z, Zhong T, Chen K, Du M, Chen G, Chen X, Wang K, Zalán Z, Takács K, Kan J. 2021. Antifungal activity of volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* ZX and potential biocontrol of blue mold decay on postharvest citrus. *Food Control*, 120. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107499>
- Wen Y, Wu X, Teng Y, Qian C, Zhan Z, Zhao Y, Li O. 2011. Identification and analysis of the gene cluster involved in biosynthesis of paenibactin, a catecholate siderophore produced by *Paenibacillus elgii* B69. *Environmental Microbiology*, 13(10):2726–2737. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02542.x>
- Wu L, Han Z, Wang S, Wang X, Sun A, Zu X, Chen Y. 2013. Comparative proteomic analysis of the plant-virus interaction in resistant and susceptible ecotypes of maize infected with sugarcane mosaic virus. *Journal of Proteomics*, 89:124–140. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.06.005>
- Yan S, Bhawal R, Yin Z, Thannhauser TW, Zhang S. 2022. Recent advances in proteomics and metabolomics in plants. *Molecular Horticulture* 2(1):1–38. *BioMed Central*. <https://doi.org/10.1186/s43897-022-00038-9>
- Zeiss DR, Mhlongo MI, Tugizimana F, Steenkamp PA, Dubery IA. 2019. Metabolomic profiling of the host response of tomato (*Solanum lycopersicum*) following infection by *Ralstonia solanacearum*. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(16):3945. <https://doi.org/10.3390/ijms20163945>

Impacto de la disponibilidad de fosfato en la simbiosis entre leguminosas y bacterias fijadoras de nitrógeno

Ana B. Mendoza-Soto¹, Rocío Reyero-Saavedra², Oswaldo Valdés-López^{1,♦}

¹Laboratorio de Genómica Funcional de Leguminosas, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Tlalnepantla 54090, México.

²Programa de Genómica Funcional de Eucariotas, Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca 65211, México.

♦ Correspondencia: oswaldovaldesl@unam.mx

Área Temática:

Ciencias de las Plantas

Recibido: 30 Noviembre, 2024

Aceptado: 18 de Enero, 2025

Publicado: 27 de Enero de 2025

Cita: Mendoza-Soto AB, Reyero-Saavedra R y Valdés-López O. 2025. Impacto de la disponibilidad de fosfato en la simbiosis entre leguminosas y bacterias fijadoras de nitrógeno. *Bioc Scientia* 1(1): 2502.



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: La simbiosis entre leguminosas y bacterias fijadoras de nitrógeno, comúnmente nombrados rizobios, es fundamental para proveer de nitrógeno asimilable a la cadena alimenticia. Durante dos décadas se han estudiado intensivamente los mecanismos genéticos que controlan el establecimiento y funcionamiento de esta simbiosis, la cual es afectada por la disponibilidad de fosfato. Estudios en diferentes leguminosas indican que la deficiencia de fosfato reduce significativamente la fijación simbiótica de nitrógeno. A pesar de estos avances, se desconocen los mecanismos genéticos que controlan el establecimiento y funcionamiento de esta simbiosis en condiciones de deficiencia de fosfato. Actualmente se empiezan a conocer parte de los mecanismos genéticos que controlan esta simbiosis en condiciones de deficiencia de fosfato. Conocer estos mecanismos es fundamental para seguir aprovechando los beneficios ecológicos de la simbiosis leguminosa-rizobio. Por lo anterior, el objetivo de esta revisión es discutir los avances recientes sobre el control genético de esta simbiosis en condiciones deficientes de fosfato.

Palabras clave: deficiencia de fosfato, rizobia, nódulos, fijación simbiótica de nitrógeno, leguminosas, señalización molecular

Abstract: The symbiosis between legumes and nitrogen-fixing bacteria, collectively named rhizobia, is fundamental to feeding the food chain with fixed nitrogen. Significant progress has been made in the past two decades in understanding the genetic mechanisms underlying the establishment and functioning of this symbiosis. The legume-rhizobia symbiosis is negatively impacted by phosphate availability. Phosphate deficiency significantly reduces the nitrogen-fixing activity in diverse legumes. Despite this knowledge, the genetic mechanisms that control the establishment and functioning of the legume-rhizobia symbiosis remain elusive. However, the recent progress in identifying these genetic mechanisms, particularly in the past five years, has opened up new possibilities and instilled a sense of hope and optimism in the field. Knowing the genetic mechanisms that control the legume-rhizobia symbiosis under phosphate-deficient conditions is crucial to better harnessing this symbiosis's ecological benefits. Therefore, in this review, we discuss the available knowledge on the genetic control of the legume-rhizobia symbiosis under phosphate-scarcity conditions.

Keywords: phosphate deficiency, rhizobia, nodules, symbiotic nitrogen fixation, legumes, signal transduction.

INTRODUCCIÓN

El nitrógeno (N) y fósforo (P) son dos elementos fundamentales en la biosíntesis de diversas biomoléculas, incluyendo los ácidos nucleicos, proteínas, y metabolitos secundarios. Aunque el N es abundante en la atmósfera y el P en el suelo, ambos elementos no pueden ser metabolizados directamente por la mayoría de los seres vivos. Ellos pueden únicamente metabolizar formas asimilables de estos elementos. Por ejemplo, aminoácidos para obtener N, y fosfato inorgánico (Pi) para adquirir P (Vance et al., 2003; Zhong et al., 2023). Las plantas también pueden obtener N en forma de nitrato, mientras que el Pi es la única forma que ellas pueden obtener el P del suelo. Sin embargo, tanto el nitrato como el Pi son escasos en el suelo, lo cual impacta negativamente en el crecimiento, desarrollo, y productividad de las plantas.

Los fertilizantes sintéticos han sido por décadas la principal estrategia para incrementar la productividad agrícola. Desafortunadamente, su uso excesivo ha salinizado los suelos y contaminado cuerpos de agua. Además, la roca fosfórica, principal fuente para adicionar Pi a los fertilizantes sintéticos, es un recurso no renovable que está pronosticado a agotarse en menos de treinta años (Brown, 2022). Por lo que es imperante modificar las prácticas agrícolas para reducir los impactos negativos al ambiente. El aprovechamiento de las endosimbiosis entre plantas y microorganismos del suelo representa una estrategia sostenible para reducir nuestra dependencia de los fertilizantes sintéticos (Singh et al., 2023). Por ejemplo, las leguminosas establecen simbiosis con bacterias fijadoras de nitrógeno, las cuales son conocidas como rizobios. Las leguminosas “hospedan” a los rizobios dentro de raíces laterales modificadas denominadas nódulos, dentro de los cuales los rizobios transforman el nitrógeno atmosférico (N_2) en formas asimilables, principalmente amonio (NH_4^+) a través de la actividad del complejo nitrogenasa (Roy et al., 2020). Las leguminosas obtienen N asimilable a través de esta simbiosis, mejorando significativamente su crecimiento y desarrollo en suelos deficientes de N, además, esta simbiosis funciona como biofertilizante natural. A cambio, los rizobios obtienen carbohidratos como fuente de carbono, así como diferentes nutrientes minerales, incluyendo P (Roy et al., 2020). Al igual que el 80% de las plantas vasculares, las leguminosas también pueden establecer simbiosis con hongos micorrícicos, y a través de esta simbiosis obtienen diversos nutrientes minerales, siendo P el principal de ellos (Zhong et al., 2023).

El primer paso para establecer una simbiosis exitosa con rizobios es el reconocimiento molecular de estos microorganismos por parte de la planta hospedera. Una vez que esto ocurre, en la leguminosa se llevan a cabo diversos eventos moleculares que le permiten desarrollar nódulos y albergar a los rizobios en ellos (Roy et al., 2020). Uno de estos eventos son las rápidas y constantes oscilaciones de calcio nuclear y perinuclear denominados “*spiking* de calcio” (Roy et al., 2020). La decodificación de estas firmas de calcio activa la transcripción de una serie de factores de transcripción, entre ellos “*Nodule Inception*” (NIN) (Schauster et al., 1999). NIN regula la expresión de genes que participan en

diferentes etapas de esta simbiosis, incluyendo la infección rizobial, la organogénesis, el funcionamiento y control de número de nódulos, el metabolismo y la senescencia (Schauster et al., 1999, Marsh et al., 2007, Breakspear et al., 2014, Liu et al., 2019, Feng et al. 2021).

Las leguminosas que se desarrollan en asociación simbiótica con rizobios requieren más P que aquellas que son fertilizadas artificialmente. Incluso se ha estimado que alrededor del 30% del P total de la planta es canalizado hacia el nódulo (Suleiman y Tran, 2015). Esta alta demanda de P por parte de los nódulos es fundamental para asegurar una eficiente fijación de nitrógeno (Kouas et al., 2005). Debido a la importancia del P en la fijación simbiótica de nitrógeno, las leguminosas regulan finamente su transporte y homeostasis para asegurar las concentraciones necesarias para mantener su crecimiento y el buen funcionamiento de la simbiosis con rizobios. Defectos en el transporte u homeostasis del P puede comprometer el establecimiento y funcionamiento de la simbiosis leguminosa-rizobio.

El Pi es escaso en la mayoría de los suelos arables del mundo; por lo que la deficiencia de Pi es uno de los principales factores que limita el crecimiento, desarrollo, y producción de las plantas de interés agronómico (Vance et al., 2003). En el caso particular de las leguminosas, la deficiencia de Pi reduce significativamente la formación de nódulos y la fijación simbiótica de nitrógeno en diferentes especies de leguminosas (Isidra-Arellano et al. 2021). Este impacto negativo de la deficiencia de Pi no solo afecta el crecimiento y productividad de las leguminosas, sino que también se afecta el flujo de N asimilable en la cadena alimenticia. Por lo que es imperante entender como la disponibilidad de Pi regula genéticamente el establecimiento y funcionamiento de la simbiosis leguminosa-rizobio. Debido a la importancia del P en esta simbiosis, en los años recientes se han hecho avances que permitirán entender su control genético acorde a los niveles de Pi. Por lo que en esta revisión resumimos y discutimos el conocimiento disponible sobre como los niveles de Pi regulan genéticamente la simbiosis leguminosa-rizobio.

Establecimiento de la simbiosis leguminosa-rizobio

Bajos niveles de N es un requisito indispensable para que las leguminosas establezcan simbiosis con rizobios. Ante esta condición nutrimental, las leguminosas liberan flavonas a la rizósfera, en donde son reconocidos por los rizobios compatibles. En respuesta, los rizobios producen lipo-quitoo-oligosacáridos conocidos como Factores de Nodulación (FN) (Figura 1) (Roy et al., 2020). La leguminosa detecta los FN a través de receptores tipo cinasa ubicados en la membrana plasmática de la punta del pelo radicular denominados “Nod Factor Receptor 5” (NFR5) y NFR1 en la leguminosa modelo *Lotus japonicus* (Madsen et al., 2003, Radutoiu et al., 2003). NFR5 y NFR1 forman un complejo proteico para detectar a los FNs, la formación de este complejo proteico es mediada por la proteína “Rhizobia infection Receptor-

like Kinase 1” (RinRK1) en *L. japonicus* (Figura 1) (Zhou et al., 2024). La detección de los FNs promueve la reubicación y compartimentalización del complejo NFR5/NFR1 junto a “Flotillin 1” (Flot1) en nanodominios que se ubican en la membrana plasmática de los pelos radiculares (Zhou et al., 2024).

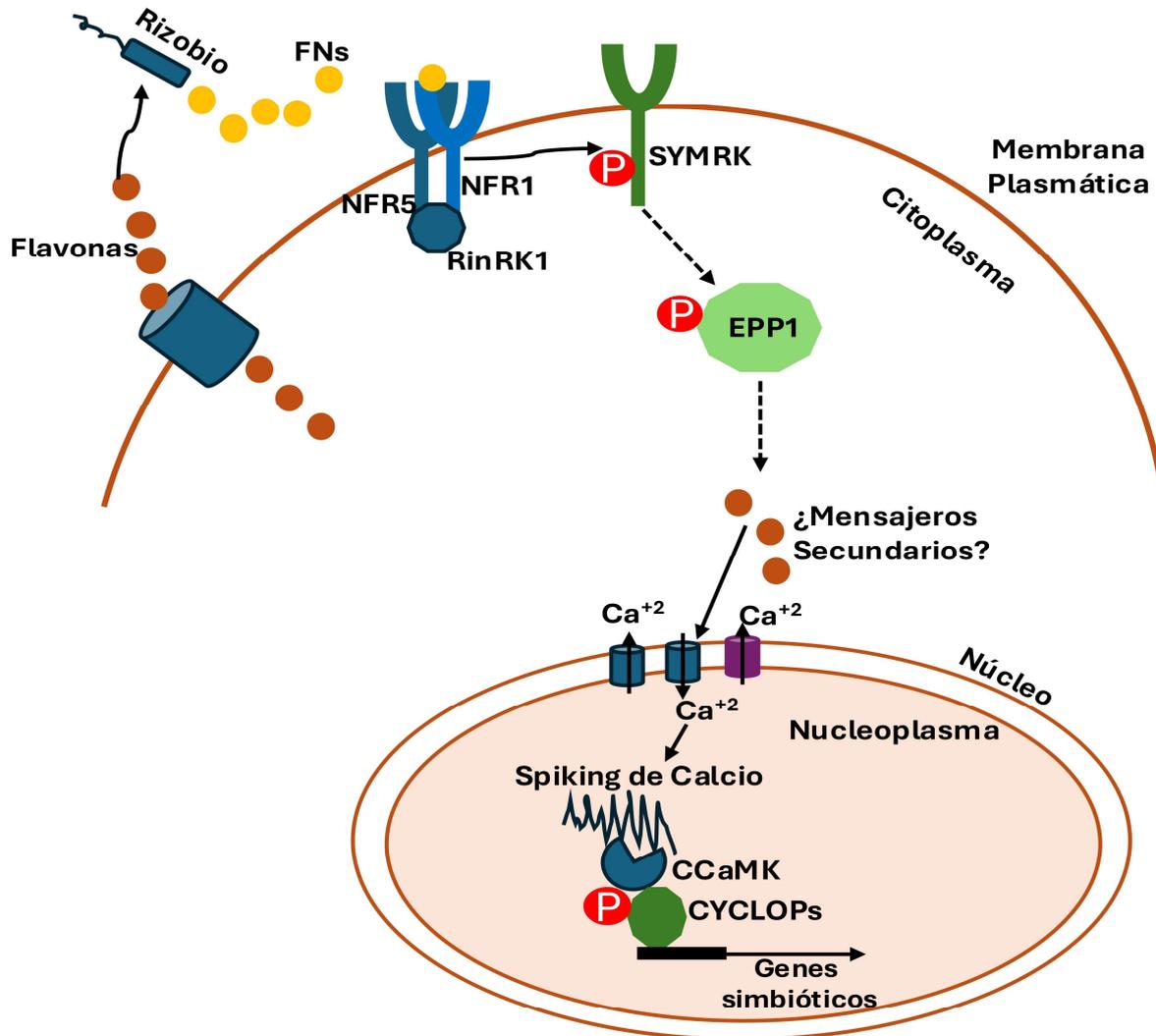


Figura 1. Diálogo molecular entre leguminosas y rizobios. En condiciones de deficiencia de N, las leguminosas sintetizan y excretan flavonas a la rizosfera. Las flavonas son detectadas por rizobios compatibles, y en respuesta sintetizan y excretan Factores de Nodulación (FNs). Los FNs son detectados por la leguminosa mediante los receptores “Nod Factor Receptor 5” (NFR5) y NFR1, los cuales forman un complejo proteico. La formación del complejo NFR5/NFR1 es mediado por la proteína “Rhizobia infection Receptor-like Kinase 1” (RinRK1). Para continuar con la decodificación de señal simbiótica, el co-receptor “Symbiosis Receptor-like Kinase” (SYMRK) es fosforilado (representado con un círculo rojo con la letra P). Una vez activo, SYMRK interacciona con la proteína “Early Phosphorylated Protein 1” (EPP1) y la fosforila. Se ha especulado que EPP1 participa en la biosíntesis de mensajeros secundarios para activar los “spiking” de calcio. Los “spiking” de calcio son decodificados por la proteína cinasa “Ca²⁺/calmodulin-dependent protein kinase” (CCaMK), para lo cual, CCaMK fosforila al factor de transcripción CYCLOPS, el cual, a su vez, activa la transcripción de diversos genes simbióticos requeridos para la infección rizobial y formación del nódulo.

NFR5 y NFR1 decodifican la señal simbiótica a través del co-receptor “Symbiosis Receptor-like Kinase” (SYMRK) (Stracke et al., 2002). Para este propósito, cuatro residuos de serina, localizados en el motivo alfa-I de SYMRK, son fosforilados, lo cual es fundamental para propagar la señal simbiótica hacia el núcleo de las células de la raíz (Figura 1) (Abel et al., 2024). Una vez que SYMRK es activado, interacciona con diversas proteínas y las fosforila (Roy et al., 2020). Una de estas proteínas es “Early Phosphorylated Protein 1 (EPP1), la cual es fundamental para activar los “*spiking* de calcio” (Figura 1) (Ferrer-Orgaz et al., 2024). La proteína cinasa “Ca²⁺/calmodulin-dependent protein kinase” (CCaMK) decodifica los “*spiking* de calcio”, para lo cual, CCaMK fosforila al factor de transcripción CYCLOPS, el cual, a su vez, activa la transcripción de *NIN* (Figura 1) (Singh y Parniske, 2012; Singh et al., 2014).

El factor de transcripción *NIN* activa la expresión de diversos genes que son esenciales para la infección rizobial y la formación del nódulo (Soyano et al., 2014; Roy et al., 2020). *NIN* también controla la maduración del nódulo para que este órgano radicular pueda llevar a cabo la fijación simbiótica de N (Feng et al., 2021). La transición a nódulos funcionales es mediada por el complejo proteolítico DNF1 (Feng et al., 2021). DNF1 proteoliza a *NIN* y libera su carboxilo terminal, el cual posee el dominio de unión a DNA requerido para la activación de la expresión de un conjunto de genes necesarios para la formación de simbiosomas y activar la fijación de nitrógeno (Feng et al., 2021).

En los últimos 20 años se han hecho avances significativos para entender cómo las leguminosas traducen la señal simbiótica. Este conocimiento ha ayudado a avanzar con el objetivo de que plantas monocotiledóneas (i.e., maíz) puedan fijar N₂ en simbiosis con rizobios. Sin embargo, aún existen vacíos conceptuales que necesitan nuestra atención. Uno de ellos es el impacto que tiene los niveles celulares de Pi en las células radiculares en las que se lleva a cabo la decodificación de los FNs. En particular se desconoce si los bajos niveles de Pi afectan la decodificación de la señal simbiótica. Esta hipótesis está fundamentada por el hecho de que la fosforilación de diversas proteínas es crucial para decodificar la señal de los FNs. Por lo que investigar los efectos de la deficiencia de Pi en etapas tempranas de la simbiosis leguminosa-rizobio es clave para entender el impacto que tiene este estrés abiótico en el establecimiento de la simbiosis entre leguminosas y rizobios.

Regulación genética de la organogénesis del nódulo

Diversas fitohormonas participan en la organogénesis del nódulo, incluyendo pequeños péptidos con actividad hormonal (Roy et al., 2020). Por ejemplo, los péptidos “C-terminal Encoded Peptides” (CEPs) son esenciales para activar la organogénesis del nódulo (Taleski et al., 2018). La biosíntesis de estos péptidos ocurre en respuesta a la deficiencia de N o a la presencia de rizobios (Figura 2A) (Imin et al., 2013, Laffont et al., 2020, Ivanovici et al., 2023). Por ejemplo, la expresión de *CEP1* es incrementada en condiciones deficientes de N (Imin et al., 2013). El péptido CEP1 es transportado vía xilema de las raíces a los tallos donde es detectado por el receptor “Compact Root Architecture 2” (CRA2) (Haul et al., 2014;

Mohd-Radzman et al., 2016). La percepción de CEP1 mediada por CRA2 activa la biosíntesis del microRNA miR2111, el cual es transportado a la raíz, donde promueve la degradación del regulador negativo de la formación de nódulos “*Too Much Love*” (*TML*) (Figura 2A) (Nishimura et al., 2002, Takahara et al., 2013; Tsikou et al., 2018; Gautrat et al., 2020). La degradación de *TML* es fundamental para que las leguminosas sean susceptibles a desarrollar nódulos en respuesta a rizobios (Figura 2A) (Imin et al., 2013). El péptido CEP7 también es esencial para activar la organogénesis del nódulo. A diferencia de CEP1, la expresión de *CEP7* es incrementada en respuesta a rizobios y su expresión es regulada por NIN (Laffont et al., 2020; Ivanovici et al., 2023). Interesantemente, CEP1 and CEP7 también participan en la percepción de niveles de N y en activar las respuestas de las plantas a la deficiencia de N, incluyendo la formación de raíces laterales (Taleski et al. 2018). Por lo que las leguminosas han adoptado vías de señalización relacionadas a la percepción de N para promover la formación de nódulos y adaptarse a suelos deficientes de este nutrimento mineral (Taleski et al. 2018).

Obtener N asimilable a través de la simbiosis con rizobios es energéticamente costoso para la leguminosa hospedera. Para evitar un desbalance energético que comprometa su desarrollo, la leguminosa regula de forma estricta el número de nódulos que desarrolla en su sistema radicular (Ferguson et al., 2019). Las leguminosas han desarrollado un complejo sistema de señalización que actúa tanto a nivel local como sistémico, el cual es denominado como Autorregulación de la Nodulación (AON, por sus siglas en inglés) (Ferguson et al., 2019). La AON inicia con la síntesis de los péptidos CLE “CLE-Related-Root Signal 1” (CLE-RS1) y CLE-RS2, los cuales son producidos durante la primera división celular de células del córtex inducida por rizobios (Ferguson et al., 2019). Al igual que los péptidos CEP, la expresión de *CLE-RS1* y *CLE-RS2* es regulada por NIN (Soyano et al., 2014). Los péptidos CLE-RS1 y CLE-RS2 son transportados vía xilema al tallo donde son detectados por el receptor tipo cinasa “Hypernodulation and Aberrant Root formation 1” (HAR1) (Figura 2B). La percepción de estos péptidos CLE activa otra vía de señalización cuya función es sintetizar moléculas señal que son transportadas a la raíz para inhibir la formación de nódulos, como la regulación de la expresión de miR2111 la cual controla el número de nódulos acorde a la disponibilidad de N (Figura 2B) (Tsikou et al., 2018, Ferguson et al., 2019, Gautrat et al., 2020).

La disponibilidad o exceso de N inhibe la simbiosis con rizobios, y ante este escenario las leguminosas emplean mecanismos no simbióticos para obtener el N del suelo. Las leguminosas también han desarrollado una vía de señalización para inhibir la formación de nódulos cuando existe N asimilable (i.e., nitrato) en el suelo. En esta vía de señalización participan dos proteínas “NIN-Like” (NLP), NLP1 y NLP4, las cuales regulan la expresión de genes que responden a la disponibilidad de nitrato (Lin et al., 2018; Nishida et al., 2020). En condiciones óptimas de N, NLP1 y NLP4 son translocadas al núcleo en donde interactúan con NIN, lo cual impide que NIN active la expresión de genes que participan en la organogénesis del nódulo y en la infección rizobial (Lin et al., 2018; Nishida et al., 2020).

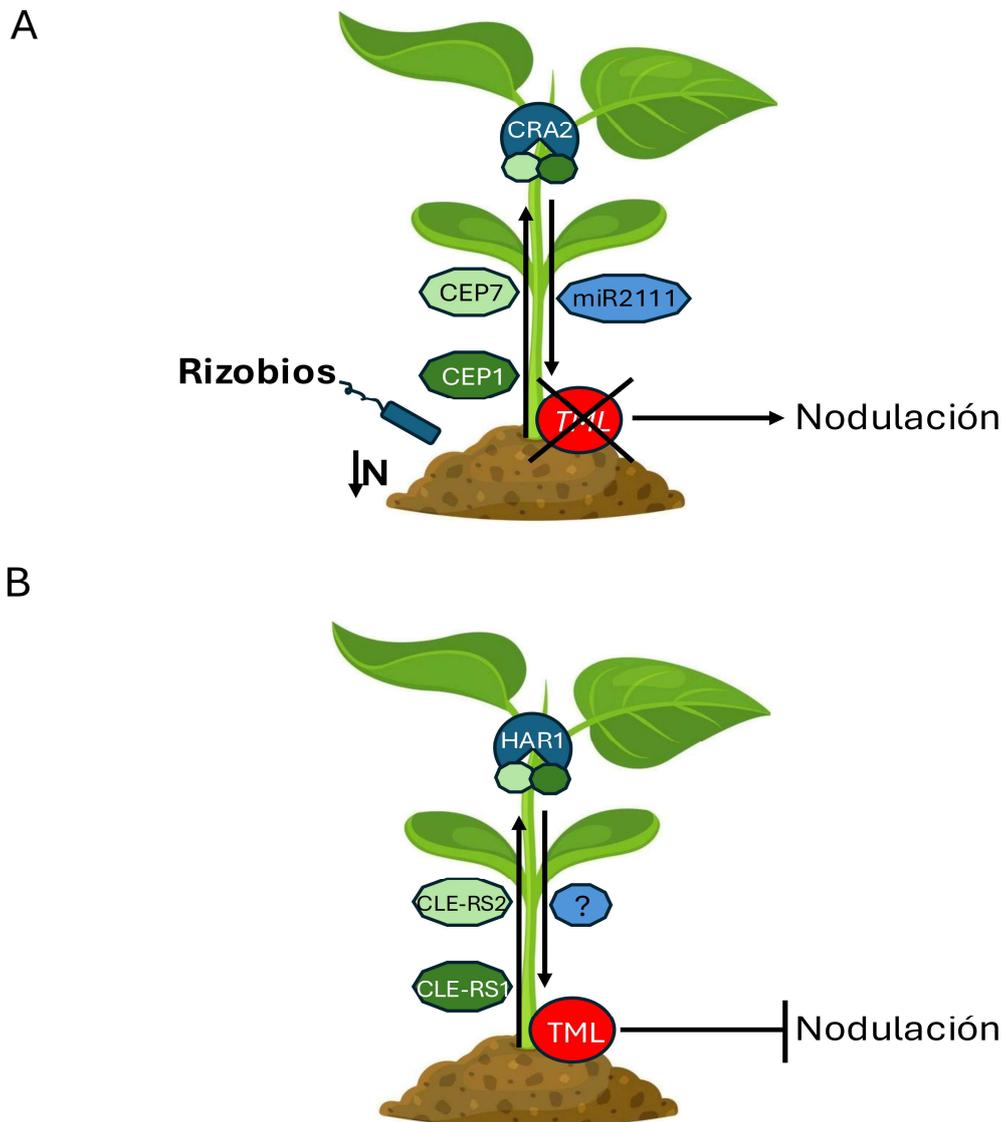


Figura 2. Regulación genética de la formación de nódulos. (A) Ante la deficiencia de N y presencia de rizobios se sintetizan los péptidos “C-terminal Encoded Peptides” (CEPs) CEP1 y CEP7. Estos péptidos son transportados vía xilema a la parte aérea de la planta, donde son detectados por el receptor “Compact Root Architecture 2” (CRA2). Posterior a la percepción de los péptidos, se sintetiza el microRNA miR2111, el cual es transportado vía floema a las raíces, donde promueve la degradación del transcrito de “Too Much Love” (TML), lo cual permite a las leguminosas prepararse para formar nódulos y albergar a los rizobios. (B) Después de la primera división de las células corticales inducida por rizobios, se producen los péptidos “CLE-Related-Root Signal 1” (CLE-RS1) y CLE-RS2, los cuales son transportados vía xilema a la parte aérea de la planta, donde son detectados por el receptor “Hypernodulation and Aberrant Root formation 1” (HAR1). Posterior a la percepción de los péptidos CLE-RS1 y CLE-RS2 se genera moléculas señales de identidad desconocida (representada con un signo de interrogación). Esta molécula señal es transportada vía floema a la raíz, donde inhibe la degradación de TML. TML a través de un proceso aún no descrito bloquea la formación de nódulos.

Esta información sobre los diferentes mecanismos de regulación de la organogénesis del nódulo, indica que las leguminosas han desarrollado mecanismos para reducir los costos energéticos asociados a la formación de nódulos y la fijación de N_2 . Es posible que estas vías de señalización o parte de ellas sean utilizadas en condiciones ambientales en las que el costo energético de la simbiosis con rizobios comprometa el crecimiento y desarrollo de las leguminosas. Esta hipótesis ha

sido evaluada experimentalmente en condiciones de deficiencia nutrimental, particularmente en deficiencia de Pi e hierro (Isidra-Arellano et al., 2020; Ito et al., 2024). Datos recientes indican que la deficiencia de Pi e hierro activa parte de la vía AON para regular el número de nódulos en esta condición nutrimental.

Homeostasis y transporte de Pi en condiciones simbióticas con rizobios

Además de percibir y decodificar de forma correcta la señal simbiótica, el éxito de una simbiosis con rizobios también depende de un eficiente intercambio de nutrientes minerales entre ambos simbioses. Por ejemplo, cuando el rizobio deja de enviar N₂ asimilable, la leguminosa hospedera termina con la simbiosis. De igual forma, si la planta no envía la concentración adecuada de Pi a los nódulos, el rizobio deja de fijar N (Udvardi y Poole, 2013). Debido a la importancia del Pi en el funcionamiento del nódulo, la leguminosa regula finamente los procesos de toma, translocación, y homeostasis de Pi.

Las leguminosas han adaptado sus sistemas intrínsecos de transporte y homeostasis de Pi para sostener la formación y funcionamiento del nódulo. Inclusive, el sistema de respuesta a deficiencia de Pi denominado “Phosphate Starvation Response System” (PSR) se activa en condiciones óptimas de Pi para que los nódulos puedan recibir las concentraciones adecuadas de Pi (Isidra-Arellano et al., 2021). Asimismo, se ha documentado que el factor de transcripción “Phosphate Starvation Response 1” (PHR1), que es un regulador maestro de las respuestas a la deficiencia de Pi, se encuentra activo en los nódulos, lo que permite la activación del PSR y a su vez asegurar un aporte constante de Pi a estos órganos especializados (Isidra-Arellano et al., 2021). PHR1 es un activador crucial de la vía de señalización de Pi, ya que modula directamente la expresión de transportadores de Pi como “*Phosphate transporter traffic facilitator*” (PHF1) y “*Ribonuclease I*” (RNS1) regulando de esta forma la captación y redistribución de Pi (Isidra-Arellano et al., 2021).

Mantener el transporte y homeostasis de Pi es fundamental para evitar defectos en el desarrollo de la leguminosa y en el funcionamiento del nódulo. En este respecto, la sobreexpresión de genes que codifican para transportadores de alta afinidad por Pi incrementa el tamaño del nódulo y la actividad de fijación de nitrógeno (Lu et al., 2020). Sin embargo, la sobreexpresión de estos genes reduce el número de nódulos (Lu et al., 2020). De forma similar, la sobreexpresión de *PHR1* reduce el número de nódulos, mientras que su silenciamiento génico lo incrementa (Lu et al., 2020). Estas evidencias confirman la importancia del Pi en la simbiosis leguminosa-rizobio. Asimismo, estas evidencias indican que mantener niveles óptimos de Pi es fundamental para que el nódulo se forme y funcione adecuadamente. Finalmente, estos estudios proponen que las leguminosas han adaptado sus circuitos genéticos para asegurar que el nódulo reciba la concentración adecuada de Pi.

Efectos de la deficiencia de Pi en el establecimiento de la simbiosis leguminosa-rizobio

Como hemos mencionado en los apartados anteriores, el Pi es un nutriente fundamental para el funcionamiento óptimo del nódulo. Sin embargo, evidencias recientes sugieren que la disponibilidad de Pi también puede modular el establecimiento de la simbiosis leguminosa-rizobio. Esta hipótesis es apoyada por el hecho de que la disponibilidad de Pi reduce significativamente el número de nódulos en diversas leguminosas (Cabeza et al., 2014; Isidra-Arellano et al., 2020). Asimismo, estudios recientes han identificado parte de los mecanismos genéticos que controlan el establecimiento de esta endosimbiosis en condiciones deficientes de Pi. Por ejemplo, los bajos niveles de Pi reducen la expresión de genes esenciales en la biosíntesis de flavonas, las cuales son fundamentales para iniciar la simbiosis con rizobios (Cabeza et al., 2014). De forma similar, la deficiencia de Pi también reduce la expresión de genes importantes en el proceso de infección rizobial, incluyendo *NIN* (Isidra-Arellano et al., 2018). Estas evidencias apoyan la hipótesis de que los niveles de Pi son fundamentales en la decodificación exitosa de la señal simbiótica.

Estudios genéticos en *Glycine max* y *Phaseolus vulgaris* han revelado que el factor de transcripción PHR1 es fundamental en la regulación del programa genético encargado de la formación y desarrollo del nódulo (Isidra-Arellano et al. 2020). Plantas de *G. max* que sobreexpresan *PHR1* desarrollan menos nódulos que las plantas silvestres. En contraste, plantas con bajos niveles de transcritos de *PHR1* no muestran reducción de nódulos en condiciones de deficiencia de Pi (Lu et al., 2020). Además, componentes genéticos de la AON (i.e. *NIN* y *TML*) contienen al menos un elemento regulatorio P1BS, al cual PHR1 se une, en sus regiones promotoras (Isidra-Arellano et al., 2020). Asimismo, plantas mutantes del receptor NARK no muestran reducción en el número de nódulos cuando crecen en condiciones de deficiencia de Pi (Isidra-Arellano et al., 2020). En conjunto estas evidencias experimentales indican que los niveles de Pi de la planta hospedera modulan la activación de la vía de señalización AON para controlar el número de nódulos en condiciones de deficiencia de Pi, así como PHR1 juega un papel fundamental en la activación de la vía de señalización AON acorde a los niveles de Pi de la planta hospedera. Estas evidencias recientes sugieren que además de ser un regulador maestro de las respuestas de las plantas a la deficiencia de Pi, PHR1 es un elemento genético clave en la simbiosis entre leguminosas y rizobios. Esta aseveración es apoyada por su papel positivo en garantizar un aporte adecuado y constante de Pi a los nódulos, y por su papel negativo en la formación de nódulos cuando los niveles de Pi celulares son bajos. Sin embargo, aún falta más experimentación para entender cómo se regula estas dos funciones de PHR1 acorde a los niveles de Pi de la planta hospedera.

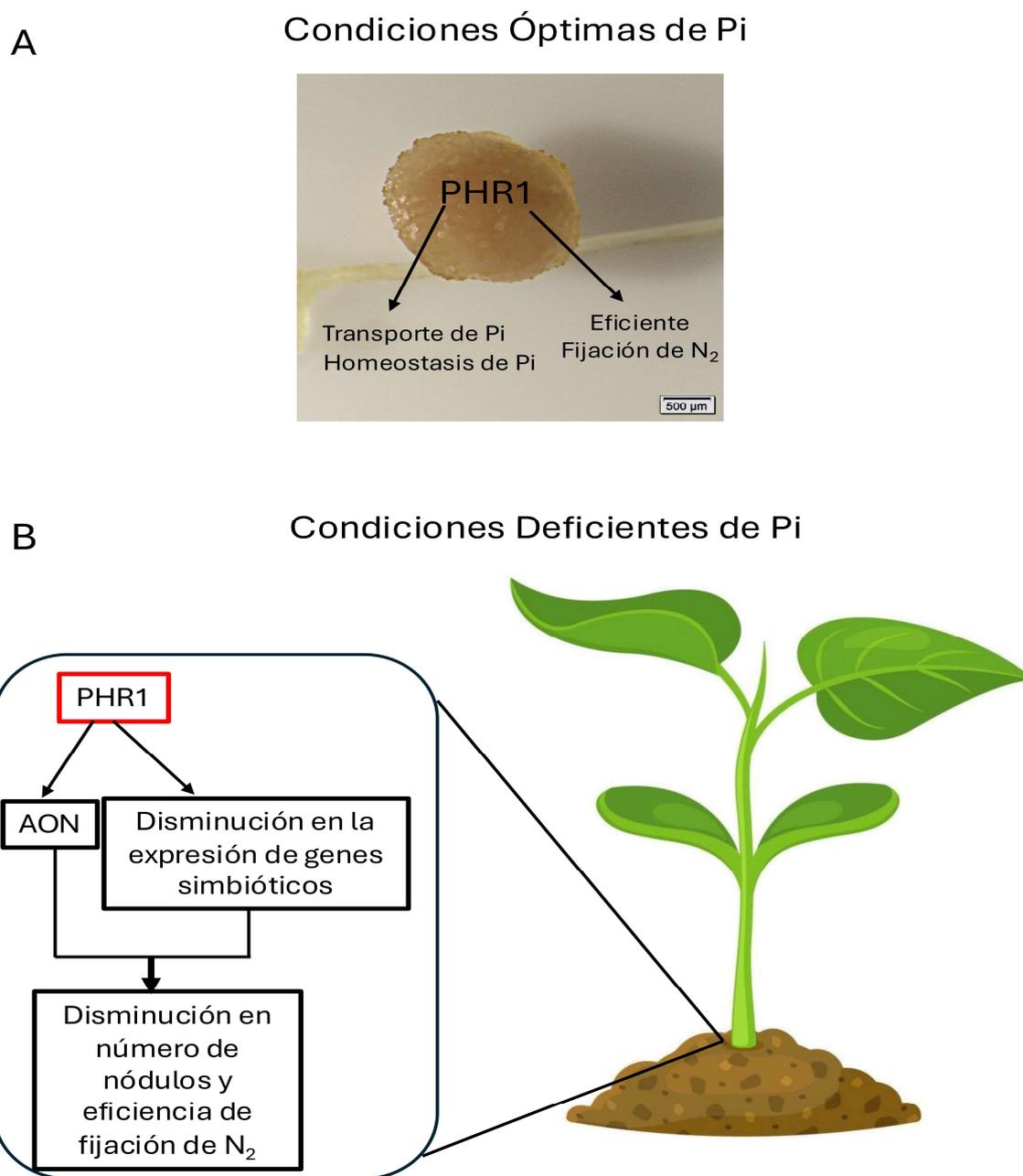


Figura 3. PHR1, un regulador fundamental en la simbiosis entre leguminosas y rizobios. (A) En condiciones óptimas de fosfato (Pi), PHR1 se encuentra activo en los haces vasculares de los nódulos maduros. PHR1 promueve la activación de transportadores y translocadores de Pi, lo que permite un suministro adecuado y constante de Pi al nódulo. El mantenimiento del transporte y homeostasis de Pi es crucial para mantener una eficiente fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico (N_2). (B) En condiciones deficientes de Pi, PHR1 puede activar la vía de señalización de Autorregulación de la Nodulación (AON) y disminuir la expresión de genes simbióticos. Estas dos respuestas a la deficiencia de Pi mediadas por PHR1 conlleva a la reducción del número de nódulos y en la tasa de fijación de N_2 , probablemente para evitar un desbalance energético en condiciones deficientes de Pi.

PERSPECTIVAS Y CONCLUSIONES

Durante más de 20 años de investigación se ha logrado entender como la leguminosa detecta y decodifica la señal simbiótica, así como la regulación de los programas genéticos necesarios para la formación y funcionamiento del nódulo. También se ha avanzado en entender como las leguminosas restringen la simbiosis con rizobios cuando hay N asimilable disponible. Aunque se ha reconocido la importancia del Pi en el funcionamiento de la fijación simbiótica de N, la investigación sobre cómo los niveles de Pi de la planta hospedera impactan en el establecimiento de la simbiosis y formación del nódulo ha sido poco estudiada. La información disponible indica que el factor de transcripción PHR1 es fundamental para regular genéticamente esta simbiosis (Figura 3). Las evidencias disponibles sugieren que, en condiciones de deficiencia de Pi, PHR1 activa la AON para reducir el número de nódulos y así evitar un desbalance energético en la planta hospedera. De forma interesante, cuando la planta crece en condiciones óptimas de Pi, PHR1 se comporta como un regulador positivo favoreciendo el transporte de Pi hacia los nódulos. Estos datos indican que PHR1 puede comportarse como regulador positivo o negativo acorde a los niveles de Pi de la planta hospedera. El siguiente paso en la investigación sobre los efectos de la deficiencia de Pi en el establecimiento de la simbiosis leguminosa-rizobio es entender la regulación genética de las dos funciones que juega PHR1 en esta simbiosis. También será necesario determinar si el promotor de PHR1 contiene elementos regulatorios que controlen su actividad espaciotemporal acorde a los niveles de Pi. Manipular la actividad de PHR1 podría representar un avance para hacer más eficiente la fijación de nitrógeno en condiciones deficientes de Pi. Finalmente, también es imperante demostrar experimentalmente si la deficiencia de Pi afecta la comunicación molecular entre leguminosas y bacterias fijadoras de nitrógeno. Contar con esta información será fundamental para aprovechar al máximo los beneficios ecológicos de esta simbiosis aún en condiciones adversas que ya son comunes en los tiempos actuales.

Agradecimientos

La investigación en el Laboratorio de Genómica Funcional de Leguminosas es financiada por el Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT: DU2025-IN200523). Ana Belén Mendoza-Soto y Rocío Reyero-Saavedra son Investigadoras Postdoctorales financiadas por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (CVU: 336932 y 347027, respectivamente).

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Abel NB, Nørgaard MMM, Hansen SB, *et al.* 2024. Phosphorylation of the alpha-I motif in SYMRK drive root nodule organogenesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. Doi: 10.1073/pnas.2311522121.
- Breakspear A, Liu C, Roy S, *et al.* 2014. The root hair “infectome” of *Medicago truncatula* uncovers changes in cell cycle genes and reveals a requirement for auxin signaling in rhizobial infection. *The Plant Cell*. Doi: 10.1105/tpc.114.133496.
- Brown RM. 2022. Approaching peak phosphorus. *Nature Plants*. Doi: 10.1038/s41477-022-01247-2.

- Ferguson BJ, Mens C, Hastwell AH, Zhang M, Su H, Jones CH, Chu X, Gresshoff PM. 2019. Legume nodulation: the host controls the party. *Plant Cell & Environment*. Doi: 10.1111/pce.13348.
- Feng J, Lee T, Schiessl K, Oldroyd GED. 2021. Processing of NODULE INCEPTION controls the transition to nitrogen fixation in root nodules. *Science*. Doi: 10.1126/science.abg2804.
- Ferrer-Orgaz S, Tiwari M, Isidra-Arellano MC, et al. 2024. Early phosphorylated protein 1 is required to activate the early rhizobial infection program. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.19423.
- Gautrat P, Laffont C, Frugier F. 2020. Compact Root Architecture 2 promotes root competence for nodulation through the miR2111 systemic effector. *Current Biology*. Doi: 10.1016/j.cub.2020.01.084.
- Hault E, Laffont C, Wen J, Mysore KS, Ratet P, Duc G, Frugier F. 2014. Local and systemic regulation of plant root system architecture and symbiotic nodulation by a receptor-like kinase. *PLoS Genetics*. Doi: 10.1371/journal.pgen.1004891.
- Imin N, Mohd-Radzman NA, Ogilvie HA, Djordjevic MA. 2013. The peptide-encoding CEP1 gene modulates lateral root and nodule numbers in *Medicago truncatula*. *Journal of Experimental Botany*. Doi: 10.1093/jxb/ert369.
- Isidra-Arellano MC, Delaux PM, Valdés-López O. 2021. The phosphate starvation response system: its role in the regulation of plant-microbe interactions. *Plant & Cell Physiology*. Doi: 10.1093/pcp/pcab016.
- Isidra-Arellano MC, Pozas-Rodríguez EA, Reyero-Saavedra MDR, et al. 2020. Inhibition of legume nodulation by Pi deficiency is dependent on the autoregulation of nodulation (AON) pathway. *The Plant Journal*. Doi: 10.1111/tbj.14789.
- Ito M, Tajima Y, Ogawa-Ohnishi M, et al. 2024. IMA peptides regulate root nodulation and nitrogen homeostasis by providing iron according to internal nitrogen status. *Nature Communications*. Doi: 10.1038/s41467-024-44865-4.
- Ivanovici A, Laffont C, Larrainzar E, Patel N, Winning CS, Lee HC, Imin N, Frugier F, Djordjevic MA. 2023. The Medicago SymCEP7 hormone increase nodule number via shoots without compromising lateral root number. *Plant Physiology*. Doi: 10.1093/plphys/kiad012.
- Kouas S, Labidi N, Debez A, Abdelly C. 2005. Effect of P on nodule formation and N fixation in bean. *Agronomy Sustainability and Development*. Doi: 10.1051/agro.2005034.
- Laffont C, Ivanovici A, Gautrat P, Brault M, Djordjevic MA, Frugier F. The NIN transcription factor coordinates CEP and CLE signaling peptides that regulate nodulation antagonistically. *Nature Communications*. Doi: 10.1038/s41467-020-16968-1.
- Lin JS, Li XL, Luo ZP, Mysore KS, Wen J, Xie F. 2018. NIN interacts with NLPs to mediate nitrate inhibition of nodulation in *Medicago truncatula*. *Nature Plants*. Doi: 10.1038/s41477-018-0261-3.
- Liu CW, Breakspear A, Guan D, et al. NIN acts as a network hub controlling a growth module required for rhizobial infection. *Plant Physiol*. Doi: 10.1104/pp.18.01572.
- Lu M, Cheng Z, Zhang X, et al. 2020. Spatial divergence of *PHR-PHT1* modules maintains phosphorus homeostasis in soybean nodules. *Plant Physiology*. Doi: 10.1104/pp.19.01209.
- Madsen EB, Madsen LH, Radutoiu S, Olbryt M, et al. A receptor kinase gene of LysM type is involved in legume perception of rhizobial signals. *Nature*. Doi: 10.1038/nature01231.
- Marsh JF, Rakocevic A, Mitra RM, Brocard L, Sun J, Eschstruth A, Long SR, Schultze M, Ratet P, Oldroyd GED. 2007. *Medicago truncatula* NIN is essential for rhizobial-independent nodule organogenesis induced by autoactive calcium/calmodulin-dependent protein kinase. *Plant Physiology*. Doi: 10.1104/pp.106.093021.
- Mohd-Radzman NA, Laffont C, Ivanovici A, Patel N, Ried D, Stougaard J, Frugier F, Imin N, Djordjevic MA. 2016. Different pathways act downstream of the CEP peptide receptor CRA2 to regulate lateral root and nodule development. *Plant Physiology*. Doi: 10.1104/pp.16.00113.
- Nishida H, Nosaki S, Suzuki, T, et al. 2020. Different DNA-binding specificities of NLP and NIN transcription factors underlie nitrate-induced control of root nodulation. *The Plant Cell*. Doi: 10.1093/plcell/koab103.
- Nishimura R, Hayashi M, Wu GJ, et al. 2002. HAR1 mediates systemic regulation of symbiotic organ development. *Nature*. Doi: 10.1038/nature01231.
- Radutoiu S, Madsen LH, Madsen EB, et al. 2003. Plant recognition of symbiotic bacteria requires two LysM receptor-like kinases. *Nature*. Doi: 10.1038/nature02039.
- Roy S, Griffiths M, Torres-Jerez I, et al. 2020. Celebrating 20 years of genetic discoveries in legume nodulation and symbiotic nitrogen fixation. *The Plant Cell*. Doi: 10.1105/tpc.19.00279.
- Schauster L, Roussis A, Stiller J, Stougaard J. 1999. A plant regulator controlling development of symbiotic root nodules. *Nature*. Doi: 10.1038/46058.
- Singh J, Isidra-Arellano MC, Valdés-López O. 2023. Harnessing the potential of symbiotic associations of plants in phosphate-deficient soil for sustainable agriculture. *Plant & Cell Physiology*. Doi: 10.1093/pcp/pcad059.
- Singh S, Katzer K, Lambert J, Cerri M, Parniske, M. 2014. CYCLOPS, a DNA-binding transcriptional activator, orchestrates symbiotic root nodule development. *Cell Host & Microbe*. Doi: 10.1016/j.chom.2014.01.011.
- Singh S, Parniske, M. 2012. Activation of calcium- and calmodulin-dependent protein kinase (CCaMK), the central regulator of plant root endosymbiosis. *Current Opinion in Plant Biology*. Doi: 10.1016/j.pbi.2012.04.002.
- Soyano T, Hirakawa H, Sato S, Hayashi M, Kawaguchi M. 2014. NODULE INCEPTION creates a long-distance negative feedback loop involved in homeostasis regulation of nodule organ production. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. Doi: 10.1073/pnas.1412716111.
- Stracke S, Kistner C, Yoshida S, et al. 2002. A plant receptor-like kinase required for both bacterial and fungal symbiosis. *Nature*. Doi: 10.1038/nature00841.

- Sulieman S, Tran LSP. 2015. Phosphorus homeostasis in legume nodules as an adaptative strategy to phosphorus deficiency. *Plant Sciences*. Doi: 10.1016/j.plantsci.2015.06.018.
- Tsikou D, Yan Z, Holt D, Abel N, Reid DE, Madsen LH, Bhasin H, Sexauer M, Stougaard J, Markmann K. 2018. Systemic control of legume susceptibility to rhizobial infection by a mobile microRNA. *Science*. Doi: 10.1126/science.aat6907.
- Udvardi M, and Poole PS. 2013. Transport and metabolism in legume-rhizobia symbiosis. *Annual Review in Plant Biology*.
- Vance CP, Uhde-Stone C, Allan DL. 2003. Phosphorus acquisition and use: critical adaptation by plants for securing a nonrenewable resource. *New Phytologist*. Doi:10.1046/j.1469-8137.2003.00695.x
- Zhong Y, Tian J, Liao H. 2023. Cooperative interactions between nitrogen fixation and phosphorus nutrition in legumes. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.18593.
- Zhou N, Li X, Zheng Z, Liu J, Downie JA, Xie F. 2024. RinRK1

Artículo de revisión

Hongos causantes de enfermedades en cultivos de importancia económica en Sinaloa: Una lista actualizada

Juan M. Tovar-Pedraza¹, Elizabeth García-León²✦

¹ Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Coordinación Regional Culiacán, Laboratorio de Fitopatología, Culiacán, 80110, Sinaloa, México

² Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle del Fuerte, Laboratorio de Fitopatología, Juan José Ríos, 81386, Sinaloa, México

✦ Correspondencia: garcia.elizabeth@inifap.gob.mx

Área Temática:

Ciencias de las plantas

Recibido: 18 diciembre, 2024

Aceptado: 21 enero, 2025

Publicado: 27 enero, 2025

Cita: Tovar-Pedraza JM y García-León E. 2025. Hongos causantes de enfermedades en cultivos de importancia económica en Sinaloa: Una lista actualizada. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2505>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: Sinaloa es uno de los estados más importantes en la producción agrícola de México, reconocido por la diversidad, calidad y volumen de sus cultivos. Su clima favorable, suelos fértiles y el uso de tecnologías avanzadas en la agricultura han permitido que se posicione como un líder nacional en la producción de alimentos. Sin embargo, la productividad y sustentabilidad de sus sistemas agrícolas enfrentan un desafío constante: la incidencia de enfermedades causadas por hongos fitopatógenos, los cuales generan importantes pérdidas económicas y afectan la calidad de los productos agrícolas. Este artículo de revisión ofrece una lista actualizada de los principales hongos causantes de enfermedades en cultivos de alto valor económico en el estado de Sinaloa. La identificación de estos patógenos se ha realizado a través de estudios que combinan métodos tradicionales basados en caracteres morfológicos, así como técnicas moleculares, como el análisis de secuencias de ADN. Este enfoque integrado ha permitido una caracterización más precisa de las especies presentes en el estado. Entre los hongos fitopatógenos de mayor relevancia en los cultivos de Sinaloa se encuentran *Fusarium* spp. y *Neocosmospora* spp., asociados principalmente con necrosis vascular y pudrición de raíces; *Lasiodiplodia* spp., que causa muerte descendente de ramas en árboles frutales; *Alternaria* spp., conocidas por provocar manchas foliares y pudrición de frutos en diversos cultivos hortícolas; y *Colletotrichum* spp., como agentes causales de antracnosis en frutas y manchas foliares en diversos cultivos. Otros patógenos significativos incluyen a *Macrophomina phaseolina*, responsable de la pudrición carbonosa; *Agroathelia rolfii* y *Sclerotinia sclerotiorum*, que afectan los tallos y bases de las plantas; y *Rhizoctonia solani*, un hongo que provoca enfermedades en raíces, tallos y hojas. Además, se destacan las royas, causadas por miembros de la familia Pucciniaceae, y las cenicillas, producidas por hongos de la familia Erysiphaceae, que afectan cereales, cucurbitáceas, solanáceas, leguminosas y frutales.

Palabras clave: enfermedades, hongos, fitopatógenos, filogenia, morfología.

Abstract: Sinaloa is one of Mexico's most important agricultural states, renowned for the diversity, quality, and volume of its crops. Its favorable climate, fertile soils, and the application of advanced agricultural technologies have positioned it as a national leader in food production. However, the productivity and sustainability of its agricultural systems face a constant challenge: the incidence of diseases caused by plant pathogenic fungi, which result in significant economic losses and negatively impact the quality of agricultural products. This review article provides an updated checklist of the major fungal pathogens causing diseases in economically important crops in the state of Sinaloa. Identifying these pathogens has been achieved through studies combining traditional methods based on morphological characteristics with molecular techniques, such as DNA sequence analysis. This integrated approach has enabled a more precise characterization of the fungal species present in the region. Among the most relevant plant pathogenic fungi affecting Sinaloa's crops are *Fusarium* spp. and *Neocosmospora* spp., primarily associated with vascular necrosis and root rot; *Lasiodiplodia* spp., which causes branch dieback in fruit trees; *Alternaria* spp., known for inducing leaf spots and fruit rot in various horticultural crops; and *Colletotrichum* spp., which acts as causal agents of anthracnose in fruits and leaf spots in multiple crops. Other significant pathogens include *Macrophomina phaseolina*, responsible for charcoal rot; *Agroathelia rolfii* and *Sclerotinia sclerotiorum*, which affect plant stems and basal structures; and *Rhizoctonia solani*, a polyphagous fungus causing diseases in roots, stems, and leaves. Additionally, rusts caused by members of the Pucciniaceae family and powdery mildews produced by fungi of the Erysiphaceae family are highlighted, impacting cereals, cucurbits, solanaceous, legumes, and fruits.

Keywords: diseases, fungi, plant pathogens, phylogeny, morphology.

INTRODUCCIÓN

Sinaloa es uno de los estados más relevantes en la producción agrícola de México, conocido por la diversidad, calidad y volumen de sus cultivos. Este estado se ha consolidado como un modelo de alta productividad bajo regímenes tanto de riego como de temporal, gracias a su infraestructura, innovación tecnológica y prácticas agrícolas avanzadas (Mancera-González, 2023). En el ámbito nacional, Sinaloa ocupa el primer lugar en la producción de cultivos estratégicos como maíz (6,590,097 t), garbanzo (88,155 t), chile verde (751,839 t) y pepino (226,452 t), además del segundo lugar en frijol (92,747 t) (SIAP, 2023).

A pesar de este panorama favorable, las enfermedades de origen fúngico representan uno de los principales desafíos para la sostenibilidad y productividad agrícola en el estado (Figuras 1-3). Estos patógenos afectan una amplia variedad de cultivos y se presentan invariablemente en cada ciclo agrícola (Figuras 1-3). Su incidencia y severidad están estrechamente relacionadas con factores ambientales como la temperatura, la humedad y la radiación, lo que genera pérdidas significativas en la producción (Félix-Gastélum et al., 2017).

La recurrencia de estas enfermedades en los cultivos de Sinaloa está influenciada por factores como el monocultivo, el uso excesivo de agroquímicos, y la variabilidad climática, que ha favorecido el aumento de su frecuencia y severidad. Esta situación subraya la importancia de desarrollar estrategias de manejo integrado de enfermedades, combinando enfoques como la utilización de variedades resistentes, prácticas culturales sostenibles, métodos de control biológico y aplicaciones químicas estratégicas (Peinado-Fuentes et al., 2017). La implementación de estas estrategias no solo contribuirá a mitigar las pérdidas económicas, sino también a promover sistemas agrícolas más resilientes y sustentables en el estado.

Es importante destacar que existen pocos caracteres morfológicos capaces de discriminar entre especies dentro de ciertos géneros de hongos, lo que dificulta su identificación. Además, algunos caracteres morfológicos de los patógenos varían según el hospedante, las condiciones ambientales y condiciones de cultivo, lo que complica aún más una identificación precisa. Esto sugiere que las secuencias de ADN constituyen una herramienta adecuada y eficaz para diferenciar especies y poblaciones de hongos, independientemente de su plasticidad morfológica, su capacidad para ser cultivados o sus interacciones patógeno-hospedante. Sin embargo, esto no significa que los marcadores moleculares sustituyan los métodos de diagnóstico clásicos, ya que los datos genotípicos sin un contexto biológico tienen un valor limitado. Por lo tanto, ambos enfoques deben considerarse como herramientas complementarias para el diagnóstico y los estudios evolutivos de hongos fitopatógenos (Tovar-Pedraza et al., 2024).

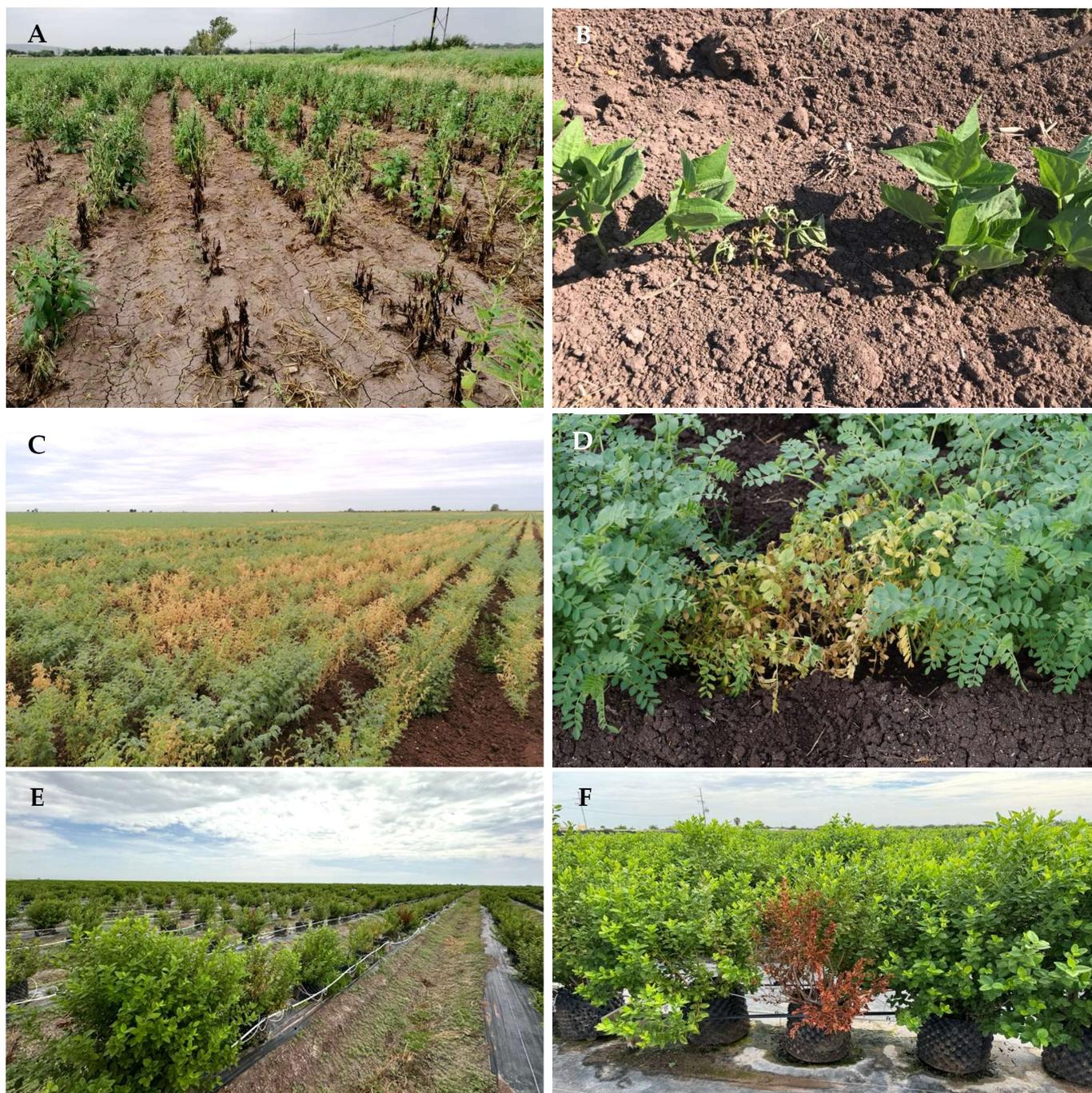


Figura 1. Campos agrícolas en Sinaloa afectados por enfermedades causadas por complejos de hongos fitopatógenos. A) Lote con plantas de ajonjolí afectadas por *Macrophomina phaseolina* y *Fusarium* spp. B) Lote con plantas de frijol muertas por *Fusarium* spp., *Macrophomina phaseolina* y *Rhizoctonia solani*. C-D) Lotes con cultivo de garbanzo afectadas severamente por *Fusarium* spp., *Neocosmospora falciformis* y *Macrophomina phaseolina*. E-F) Campos con plantas de arándano con síntomas de muerte descendente y tizón de tallos causados por especies de hongos del orden Botryosphaerales

En el caso de estudios moleculares, el análisis de la región de los espaciadores internos transcritos (ITS, por sus siglas en inglés) del ADN ribosomal se ha utilizado ampliamente para distinguir y separar especies de hongos. No obstante, se ha observado que la región ITS no siempre proporciona una resolución adecuada a nivel especie, aunque casi siempre ofrece suficiente precisión para respaldar la asig-

nación de especies dentro de un complejo de especies. Por ello, actualmente se emplean múltiples genes, que suelen incluir una combinación de genes mitocondriales, nucleares, ribosomales y codificadores de proteínas. Estos se analizan mediante distintos enfoques o criterios, como Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud y/o Inferencia Bayesiana, con el propósito de determinar las relaciones filogenéticas de algunos de los principales géneros de hongos fitopatógenos (Tovar-Pedraza et al., 2024).



Figura 2. Síntomas ocasionados por los principales hongos fitopatógenos con origen en el suelo presentes en campos agrícolas de Sinaloa, México. A) Pudrición de raíz en plantas de frijol causada por *Fusarium nygamai*. B) Pudrición carbonosa de frijol inducida por *Macrophomina phaseolina*. C) Moho blanco en frijol ocasionada por *Sclerotinia sclerotiorum*. D) Pudrición de tallo en guar ocasionado por *Agroathelia rolfsii*. E) Pudrición de tallo y raíz de tomate causada por *Agroathelia rolfsii*. F) Pudrición carbonosa del tallo de ajonjolí inducida por *Macrophomina phaseolina*. G) Pudrición carbonosa de raíz y tallo de cártamo causada por *Macrophomina phaseolina*. H) Pudrición basal del tomate ocasionada por *Neocosmospora solani*.

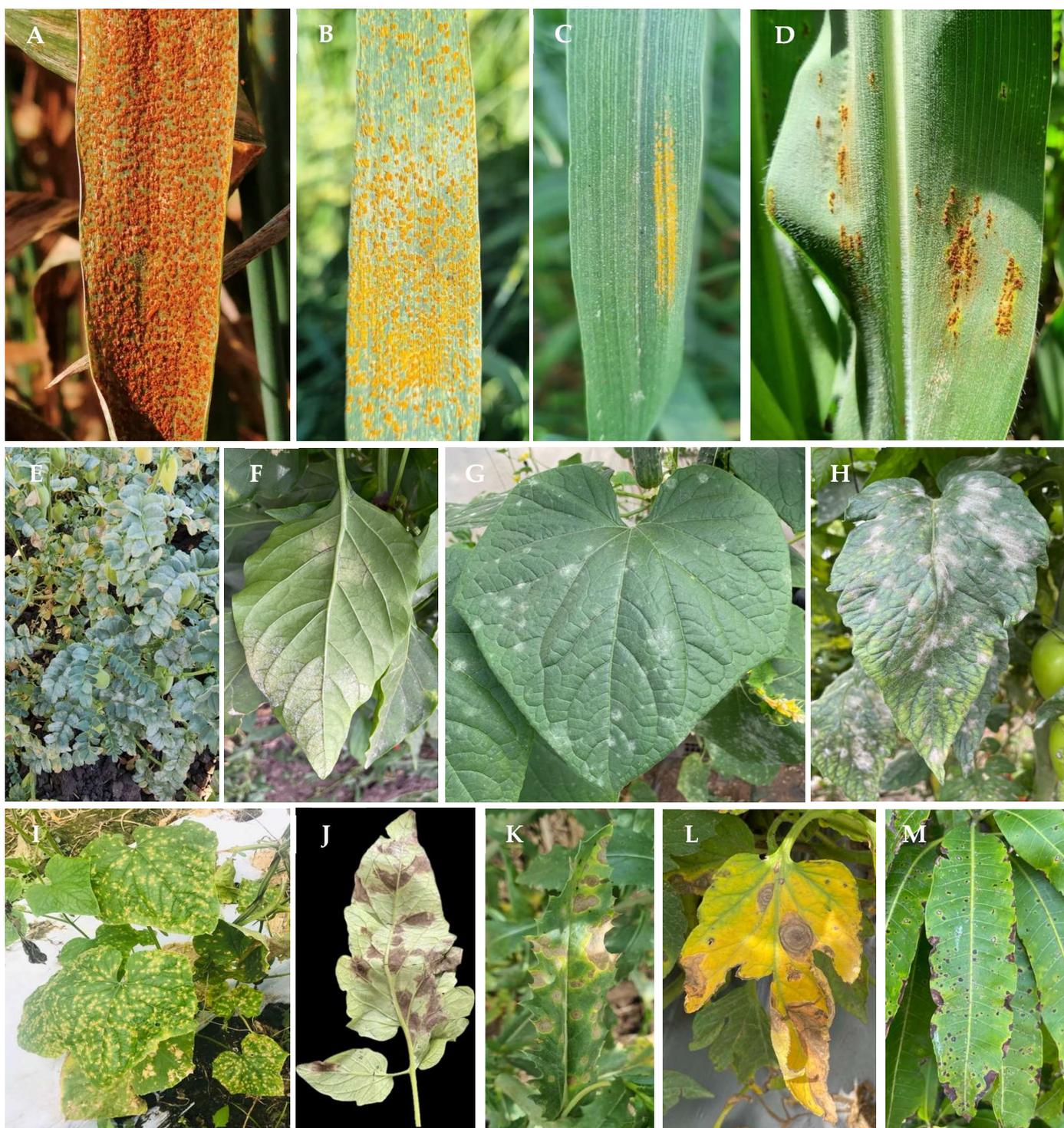


Figura 3. Hongos fitopatógenos causantes de enfermedades foliares en cultivos en Sinaloa. A–B) Roya en hoja de trigo causada por *Puccinia triticina*. C) Roya lineal amarilla en trigo provocado por *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*. D) Roya común en maíz causada por *P. sorghi*. E) Cenicilla del garbanzo causada por *Leveillula* sp. F) Cenicilla en chile causada por *Leveillula taurica*. G) Cenicilla en pepino causada por *Podosphaera xanthii*. H) Cenicilla en tomate provocada por *Erysiphe neolycopersici*. I) Mancha foliar en pepino inducida por *Corynespora cassicola*. J) Cenicilla en tomate causada por *Fulvia fulva*. K) Falsa cenicilla en cártamo inducida por *Ramularia carthami*. L) Tizón temprano en tomate causado por *Alternaria alternata*. M) Antracnosis en hojas de mango causadas por *Colletotrichum asianum*.

La distribución y prevalencia de hongos fitopatógenos, como *Fusarium* spp., *Neocosmospora* spp., *Lasiodiplodia* spp., *Alternaria* spp., *Colletotrichum* spp., *Macrophomina phaseolina*, *Agroathelia rolfii*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Rhizoctonia*

solani, así como royas, cenicillas y carbones, no solo impactan la calidad y el rendimiento de los cultivos, sino que también representan un reto crítico para mantener la estabilidad económica de los productores locales. Este artículo revisa los principales hongos fitopatógenos que afectan cultivos de importancia económica en Sinaloa, incluyendo el maíz (*Zea mays*), frijol (*Phaseolus vulgaris*), tomatillo (*Physalis ixocarpa*), tomate (*Solanum lycopersicum*), garbanzo (*Cicer arietinum*), trigo (*Triticum spp.*), chile (*Capsicum annuum*), papa (*Solanum tuberosum*), ajonjolí (*Sesamum indicum*), cártamo (*Carthamus tinctorius*), berenjena (*Solanum melongena*), guar (*Cyamopsis tetragonoloba*), sorgo (*Sorghum bicolor*), cacahuete (*Arachis hypogaea*), cebolla (*Allium cepa*), esparrago (*Asparagus officinalis*), pepino (*Cucumis sativus*), melón (*Cucumis melo*), sandía (*Citrullus lanatus*), soya (*Glycine max*), mango (*Mangifera indica*), fresa (*Fragaria x ananassa*), papayo (*Carica papaya*), cítricos (*Citrus spp.*), guanábana (*Annona muricata*), pitahaya (*Hylocereus spp.*), arándano (*Vaccinium corymbosum*), guayaba (*Psidium guajava*), y rosál (*Rosa spp.*). Las características biológicas, síntomas asociados y hospedantes de los principales hongos fitopatógenos presentes en los campos agrícolas de Sinaloa, se describen a continuación:

Fusarium spp.

Las especies de *Fusarium* son un grupo vasto y diverso de hongos filamentosos ascomicetos (orden Hypocreales, familia Nectriaceae) que han recibido considerable atención, principalmente como patógenos de plantas y saprófitos del suelo. Este grupo de hongos es altamente adaptable, lo que les permite prosperar en una amplia gama de nichos y ambientes. Los aislados fitopatógenos de *Fusarium* suelen estar presentes en suelos húmedos, ya sea como hifas asociadas a restos de plantas en descomposición, fragmentos de hifas o como esporas de resistencia (clamidosporas). Muchas especies producen esporas dispersadas por aire (macro- y microconidios) y/o agua, facilitando tanto los ciclos de infección en los hospedantes como su transferencia a nichos no patogénicos adicionales (Armer et al., 2024).

Las estrategias de infección empleadas por *Fusarium* generan una amplia gama de amenazas a los hospedantes, presentándose a manera de síntomas como marchitez, pudriciones en la base del tallo, raíces y/o frutos, tizones florales, y pudriciones de mazorca (Armer et al., 2024). Además, tienen la capacidad para permanecer en estado latente en el suelo durante décadas como esporas sexuales (ascosporas), clamidosporas o la presencia de hifas en restos de cultivos enterrados que se descomponen lentamente, dificultando su eliminación mediante prácticas como la rotación de cultivos. Estas esporas pueden permanecer inactivas por largos periodos, incluso décadas, y muchas especies son capaces de mantenerse asintomáticas en plantas no hospedantes hasta que un hospedante adecuado esté disponible para su reproducción (Armer et al., 2024).

En el caso de Sinaloa, se han reportado diversas especies de *Fusarium* con base en la combinación de estudios morfológicos y filogenéticos (Cuadro 1). Sin embargo, aún existe una gran diversidad de especies de *Fusarium* causantes de enfermedades en hospedantes que no se han estudiado.

Cuadro 1. Lista de hongos fitopatógenos identificados mediante análisis morfo-moleculares y reportados en cultivos producidos en Sinaloa, México.

Especie	Hospedante	Síntoma	Referencia
<i>Agroathelia</i>			
<i>Ag. rolfsii</i>	Frijol	Pudrición blanca de raíz, tallo, hojas y vainas	Cota-Rodríguez, 2020
<i>Ag. rolfsii</i>	Guar	Pudrición blanca de tallos y órganos reproductivos	García-León et al., 2022
<i>Ag. rolfsii</i>	Frijol	Pudrición de raíz y tallo	Rodríguez-Cota et al., 2022
<i>Ag. rolfsii</i>	Papa	Amarillamiento, marchitez	Irazoqui-Acosta et al., 2021
<i>Alternaria</i>			
<i>Al. alternata</i>	Tomate	Pudrición blanda, lesiones hundidas en frutos	Félix-Gastélum y Gálvez-Figueroa, 2002
<i>Al. alternata</i>	Jatropha	Tizón de inflorescencias	Espinoza-Verduzco et al., 2012
<i>Al. alternata</i>	Guar	Mancha foliar	García-León et al., 2024
<i>Al. spp.</i>	Ajonjolí	Mancha foliar	García-Espinoza, 2022
<i>Al. spp.</i>	Chile	Pudrición de fruto	Guerrero-Santana y Vega-Camargo, 2024
<i>Ceratobasidium</i>			
<i>Ce. sp. AG-A y G</i>	Frijol	Pudrición de raíz y cancro del tallo	Rábago-Zavala et al., 2023
<i>Ce. sp. AG-A</i>	Papa	Cancro del tallo	López-Corrales et al., 2024
<i>Ce. sp. AG-F</i>	Espárrago	Pudrición de raíz	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>Choanephora</i>			
<i>Ch. cucurbitarum</i>	Calabaza	Tizón de flores y pudrición de frutos	García-Estrada et al., 2023
<i>Clonostachys</i>			
<i>Cl. chloroleuca</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz y marchitez	Cota-Barreras et al., 2022
<i>Colletotrichum</i>			
<i>Co. asianum</i>	Mango	Antracnosis de frutos y hojas	Tovar-Pedraza et al., 2020
<i>Co. coccodes</i>	Papa	Paño o punteado	Pérez-Mora et al., 2020
<i>Co. gloeosporioides</i>		Antracnosis de flores y frutos	Pérez-Mora et al., 2021
<i>Co. siamense</i>	Mango	Antracnosis de frutos y hojas	Tovar-Pedraza et al., 2020
<i>Co. siamense</i>		Antracnosis de flores y frutos	Pérez-Mora et al., 2021
<i>Co. siamense</i>	Guayaba	Antracnosis en fruto	Rodríguez-Palafox et al., 2021
<i>Co. siamense</i>	Guanábana	Mancha foliar	Beltrán-Peña et al., 2023
<i>Co. tropicale</i>	Mango	Antracnosis de frutos y hojas	Tovar-Pedraza et al., 2020
<i>Co. tropicale</i>	Pitahaya	Antracnosis en fruto	Núñez-García et al., 2023
<i>Co. truncatum</i>	Guar	Antracnosis en hojas y vainas	García-León et al., 2022
<i>Co. truncatum</i>	Ajonjolí	Mancha foliar	Solano-Báez et al., 2023
<i>Co. truncatum</i>	Espárrago	Pudrición de corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>Curvularia</i>			
<i>Cu. muelhenbeckiae</i>	Guar	Mancha foliar	Tovar-Pedraza et al., 2023
<i>Cu. pisi</i>	Guar	Mancha foliar	Tovar-Pedraza et al., 2023
<i>Cu. ahvazensis, Cu. muelhenbeckiae, Cu. spicifera y Cu. sp.</i>	Soya	Mancha foliar	González-Molotla et al., 2021
<i>Erysiphe</i>			
<i>Er. diffusa</i>	Frijol	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2017
<i>Er. quercicola</i>	Mango	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2013
<i>Exserohilum</i>			
<i>Ex. turcicum</i>	Maíz	Tizón foliar	Felix-Gastélum et al., 2018; Muñoz-Zavala et al., 2023
<i>Fusarium</i>			

<i>F. annulatum</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>F. brachygibbosum</i>	Cebolla	Pudrición basal	Tirado-Ramírez et al., 2023
<i>F. incarnatum</i>	Pepino	Pudrición de fruto	García-Estrada et al., 2021
<i>F. incarnatum</i>	Frijol	Pudrición de raíz y marchitez	Patiño-Espejel, 2021
<i>F. keratoplasticum</i>	Fresa	Pudrición de raíz	Vega-Gutiérrez et al., 2023
<i>F. languescens</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz y marchitez	Cota-Barreras et al., 2024
<i>F. languescens</i>	Ajonjolí	Pudrición de raíz	Aguilar-Pérez, 2022
<i>F. nanum</i>	Ajonjolí	Pudrición de raíz	Aguilar-Pérez, 2022
<i>F. nanum</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>F. neocosmosporie- llum</i>	Mango	Malformación floral	Molina-Cárdenas et al., 2021
<i>F. nirenbergiae</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz y marchitez	Cota-Barreras et al., 2024
<i>F. nygamai</i>	Tomatillo	Amarillamiento y marchitez	Ayala-Armenta et al., 2020
<i>F. nygamai</i>	Frijol	Pudrición de raíz y marchitez	Patiño-Espejel, 2021
<i>F. nygamai</i>	Frijol	Pudrición de raíz y marchitez	Vega-Gutiérrez et al., 2022
<i>F. nygamai</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>F. oxysporum</i>	Tomatillo	Amarillamiento y marchitez	Ayala-Armenta et al., 2020
<i>F. oxysporum</i>	Frijol	Pudrición de raíz y marchitez	Patiño-Espejel, 2021
<i>F. oxysporum</i>	Chile	Necrosis vascular y marchitez	Velarde-Félix et al., 2018
<i>F. pernambucanum</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>F. proliferatum</i>	Mango	Malformación floral	Molina-Cárdenas et al., 2023
<i>F. sulawense</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>F. thapsinum</i>	Sorgo	Tizón	Félix-Gastélum et al., 2022
<i>F. verticillioides</i>	Frijol	Pudrición de raíz y marchitez	Patiño-Espejel, 2021
<i>F. verticillioides</i>	Pepino	Pudrición de fruto	Cruz-Lachica et al., 2022
<i>F. verticillioides</i>	Sorgo	Tizón	Félix-Gastélum et al., 2022
<i>F. verticillioides</i>	Cártamo	Pudrición de raíz	Tirado-Ramírez et al., 2023
<i>F. verticillioides</i>	Papaya	Pudrición de tallo y raíz	Vega-Gutiérrez et al., 2023
<i>F. verticillioides</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz y marchitez	Cota-Barreras et al., 2024
Gilbertella			
<i>G. persicaria</i>	Pitahaya	Pudrición de flores y frutos	Carrillo-Fasio et al., 2022
Lasiodopodia			
<i>L. brasiliense</i>	Limón Persa	Muerte descendente y cancos	Nuñez-García et al., 2024
<i>L. iraniensis</i>	Limón Persa	Muerte descendente y cancos	Nuñez-García et al., 2024
<i>L. pseudotheobromae</i>	Limón Persa	Muerte descendente y cancos	Nuñez-García et al., 2024
<i>L. subglobosa</i>	Limón Persa	Muerte descendente y cancos	Nuñez-García et al., 2024
Leveillula			
<i>L. taurica</i>	Pepino	Cenicilla	Beltrán-Peña et al., 2018
Macrophomina			
<i>M. phaseolina</i>	Frijol	Pudrición carbonosa de raíz y tallo	Rodríguez-Palafox, 2020
<i>M. phaseolina</i>	Tomatillo	Pudrición carbonosa de raíz y tallo	Ayala-Armenta et al., 2020
<i>M. phaseolina</i>	Garbanzo	Pudrición carbonosa de raíz y tallo	Cota-Barreras et al., 2022
<i>M. phaseolina</i>	Ajonjolí	Pudrición carbonosa de raíz y tallo	Cota-Barreras et al., 2022
<i>M. phaseolina</i>	Esparrago	Pudrición carbonosa de raíz	Sánchez-Gutiérrez, 2024
Neocosmospora			
<i>N. falciformis</i>	Cebolla	Pudrición basal	Tirado-Ramírez et al., 2018
<i>N. falciformis</i>	Tomate	Pudrición de pie y marchitez	Vega-Gutiérrez et al., 2019
<i>N. falciformis</i>	Papaya	Pudrición de raíz y tallo	Vega-Gutiérrez et al., 2019
<i>N. falciformis</i>	Maíz	Pudrición de mazorca	Douriet-Angulo et al., 2019
<i>N. falciformis</i>	Frijol	Pudrición de raíz	Patiño-Espejel, 2021
<i>N. falciformis</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz	Velarde-Félix et al., 2022
<i>N. falciformis</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz y marchitez	Cota-Barreras et al., 2022

<i>N. falciformis</i>	Esparrago	Pudrición de raíz y corona	Sánchez-Gutiérrez, 2024
<i>N. falciformis</i>	Fresa	Pudrición de raíz y marchitez	Payán-Arzapalo et al., 2024
<i>N. solani</i>	Tomate	Pudrición basal y cancro del tallo	López-López et al., 2021
<i>Paramyrothecium</i>			
<i>Pa. foliicola</i>	Sandía	Cancro del tallo y mancha foliar	Cruz-Lachica et al., 2021
<i>Podosphaera</i>			
<i>Po. pannosa</i>	Rosal	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2014
<i>Po. xanthii</i>	Melón	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2005
<i>Po. xanthii</i>	Sandía	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2005
<i>Po. xanthii</i>	Pepino	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2005
<i>Po. xanthii</i>	Calabaza	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2005
<i>Po. xanthii</i>	Tomatillo	Cenicilla	Félix-Gastélum et al., 2017
<i>Puccinia</i>			
<i>Pu. carthami</i>	Cártamo	Roya	Borbón-Gracia y Cortez-Mondaca, 2015
<i>Pu. sorghi</i>	Maíz	Roya	Orduño-Cota et al., 2008
<i>Pu. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	Trigo	Roya	León-Gallegos y Cummins 1981; Llaven-Valencia et al., 2021; Calderón-García, 2021
<i>Pu. triticina</i>	Trigo	Roya	León-Gallegos y Cummins 1981; Rodríguez-García et al., 2020; Llaven-Valencia et al., 2021
<i>Ramularia</i>			
<i>Ra. carthami</i>	Cártamo	Falsa cenicilla	Borbón-Gracia y Cortez-Mondaca, 2015
<i>Rhizoctonia</i>			
<i>R. solani</i> AG-7	Papa	Cancro del tallo	López-Corrales et al., 2023
<i>R. solani</i> AG3 y AG4	Papa	Costra negra y cancro del tallo	López-Corrales et al., 2024
<i>R. solani</i>	Garbanzo	Pudrición de raíz	Eliassaint et al., 2024
<i>R. solani</i> AG-4	Tomatillo	Pudrición de raíz	Ayala-Armenta et al., 2020
<i>Sclerotinia</i>			
<i>S. sclerotiorum</i>	Tomatillo	Pudrición de raíz y tallo (moho blanco)	Apodaca-Sánchez et al., 2008
<i>S. sclerotiorum</i>	Frijol	Lesiones acuosas en tallos, hojas y vainas (moho blanco)	Rodríguez-Cota et al., 2022
<i>S. sclerotiorum</i>	Ajonjolí	Pudrición de tallos y órganos reproductivos (moho blanco)	Aguilar-Pérez, 2023
<i>S. sclerotiorum</i>	Berenjena	Pudrición y marchitez	Félix-Gastélum et al., 2024
<i>S. sclerotiorum</i>	Papa	Lesiones acuosas en tallos y hojas y tubérculos (moho blanco)	Félix-Gastélum et al., 2024
<i>Setophoma</i>			
<i>Se. terrestris</i>	Tomate	Pudrición rosada y corchosa de las raíces	López-López et al. 2020; 2024
<i>Uromyces</i>			
<i>U. appendiculatus</i>	Frijol	Amarillamiento, pústulas	León-Gallegos y Cummins 1981; Salinas-Pérez et al., 2011

***Neocosmospora* spp.**

El género *Neocosmospora* (complejo de especies de *Fusarium solani*) incluye saprófitos, endófitos de plantas y patógenos de gran importancia económica, así como patógenos oportunistas de animales. Los avances en el reconocimiento biológico y filogenético de especies han revelado una rica diversidad específica que,

en gran medida, ha permanecido poco estudiada. Estos hongos están ampliamente distribuidos, y se encuentran comúnmente en el suelo, como patógenos oportunistas de plantas, restos vegetales, material vegetal vivo, aire y agua. Las especies incluidas han sido registradas en casi 500 hospedantes vegetales diferentes, abarcando más de 100 familias (Sandoval-Denis et al., 2019).

Estas especies han ganado relevancia debido a su impacto en cultivos de alto valor económico. Se caracterizan por producir microconidios, macroconidios y clamidosporas, similares a los de *Fusarium*, pero con diferencias taxonómicas y moleculares significativas. *Fusarium* y *Neocosmospora* se distinguen claramente tanto en sus formas sexuales como asexuales. *Neocosmospora* se caracteriza por formar peritecios de color naranja a marrón rojizo, de paredes lisas a rugosas, produciendo ascosporas globosas a elipsoidales, de 0 a 1 septo, con ornamentación distintiva (estriadas, cerebriformes a espinulosas), de color amarillo a marrón dorado. En contraste, las formas asexuales producen monofíalides aéreas distintivas, muy largas y estrechas. Por otro lado, las especies de *Fusarium* presentan peritecios de color azul oscuro a púrpura o negro, con reflejos brillantes y superficie rugosa; sus ascosporas son elipsoidales a fusiformes, rectas o curvadas, con (0–)1–3 septos y paredes lisas, de color marrón pálido. Las formas asexuales producen fíalides relativamente cortas, mono- o polifíalides, y pueden contener células conidiógenas holoblásticas que producen conidios solitarios (Sandoval-Denis et al., 2019).

En Sinaloa se han reportado especies de *Neocosmospora* en diversos cultivos (Cuadro 1), pero de la misma manera que *Fusarium* spp., existen cultivos agrícolas en los que no se ha explorado e investigado la diversidad de especies de este hongo fitopatógeno.

Macrophomina

Es hongo necrotrófico que causa la enfermedad denominada “pudrición carbonosa” en más de 700 especies de plantas, incluyendo hospedantes de importancia económica como soya, frijol, papa, maíz, sorgo, cacahuate, chile, garbanzo, algodón y canola. Además, puede invadir tejidos inmaduros, dañados o senescentes, con más frecuencia en condiciones cálidas y secas (Singleton et al., 1992; Babu et al., 2013).

Este patógeno tiene distribución mundial y su incidencia y prevalencia es mayor en regiones tropicales y subtropicales con climas áridos y semiáridos (Kaur et al., 2012). El hongo persiste en el suelo en forma de microesclerocios durante largos periodos de tiempo de hasta 15 años (Short et al., 1980). Los síntomas que induce *Macrophomina* van desde el tizón de las plántulas, el marchitamiento, la pudrición de la raíz y el tallo (Popovic et al., 2018). La abundante producción de diminutos esclerocios negros del hongo hace que los tejidos podridos se ennegrezcan y por esta razón se conocen como pudrición carbonosa (Wrather y Koening, 2010). Los síntomas en las raíces son necrosis de la raíz principal y las raíces laterales (Mengistu et al., 2007).

Los microesclerocios germinan al entrar en contacto con las raíces secundarias, donde inicia el crecimiento de las hifas en la superficie de las raíces, se lleva a cabo

la formación de apresorio hasta que penetra en la planta. El patógeno coloniza hasta alcanzar la raíz principal, donde causa la restricción del crecimiento de la planta, manifestado en clorosis, marchitamiento foliar y finaliza con la muerte. Al final del ciclo de la enfermedad se forman los microesclerocios, estructuras de resistencia de color negro en la corteza interior de las raíces y en la parte inferior del tallo. La planta muerta se descompone, los microesclerocios son liberados, y funcionan como inóculo en las nuevas plántulas.

Actualmente se conocen cinco especies de *Macrophomina* a nivel mundial, incluyendo a *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina*, *M. euphorbicola*, *M. vaccini* y *M. tecta*. No obstante, estudios realizados con aislados de *Macrophomina* obtenidos de hospedantes cultivados en Sinaloa, únicamente se ha detectado a *M. phaseolina* (Cuadro 1). Esta especie se encuentra ampliamente distribuida en los campos agrícolas del estado y afecta principalmente al frijol, maíz, ajonjolí, cártamo, garbanzo, soya, guar y cacahuate.

Sclerotinia sclerotiorum

Es un hongo ascomiceto (orden Helotiales, familia Sclerotiniaceae) ampliamente distribuido de algunas regiones del estado de Sinaloa. Este patógeno infecta a más de 500 especies hospedantes y presenta estilo de vida necrotrófico, causando la muerte celular del hospedante mediante la secreción de enzimas hidrolíticas para obtener los nutrientes de las células muertas, y además puede ser endófito en algunos cultivos de la familia Poaceae (Sharma et al., 2017; Tian et al., 2020; Félix-Gastélum et al., 2024).

Las colonias de *S. sclerotiorum* se caracterizan por ser color blanco a gris claro. El hongo produce esclerocios individuales de color negro envueltos en el micelio blanco, redondeados, semiesféricos e irregulares. En su fase sexual produce apotecios en forma de copa, de color café claro y varían en tamaño de diámetro (2-11 mm). Las ascas están dispuestas en la periferia del ascocarpo; las ascosporas son hialinas, elipsoidales con pared lisa (Bolton et al., 2006).

En condiciones de humedad (>90%) y bajas temperaturas (12-20°C), este hongo crece de manera rápida dentro del tejido infectado del hospedante y desarrolla síntomas de lesiones café y ahogamiento en la base del tallo, amarillamiento en las hojas y crecimiento de micelio blanco que conlleva a la necrosis, maduración prematura y marchitez del hospedante (Xia et al., 2020). Los esclerocios se forman de manera abundante sobre el tejido del hospedante y en las cavidades, restos de cosecha, y en el suelo, donde son capaces de permanecer viables hasta por ocho años (Willettts y Wong, 1980). En Sinaloa, se ha reportado solo a la especie *S. sclerotiorum* con base en análisis morfológicos y filogenéticos (Cuadro 1).

Agrothelia rolfii (sin: *Sclerotium rolfii*)

Hongo basidiomiceto (orden Agaricales, familia Typhulaceae) necrotrófico facultativo, que produce micelio en forma de abanico y presenta una alta capacidad de crecimiento saprofito. Forma esclerocios redondeados pequeños (como má-

ximo 1.5 mm de diámetro) que tienen una corteza de color marrón claramente diferenciada y que constituyen la forma de persistencia en el suelo. Este hongo fitopatógeno afecta a más de 500 especies de 100 familias de plantas entre monocotiledóneas y dicotiledóneas (Kwon et al., 2016).

Los síntomas iniciales de la enfermedad comprenden lesiones pequeñas de color café y acuosas en el tallo inferior o cerca de la superficie del suelo, seguidas de amarillamiento y marchitez de las ramas laterales, el tallo principal y por último el resto de la planta (Branch y Breneman, 2009). Los signos de diagnóstico del hongo incluyen característicos abanicos de micelio blanco y esclerocios marrones que se extienden en los tejidos infectados. Bajo ciertas condiciones favorables, el hongo puede causar pudrición en ramas, peciolo, flores y vainas (Rivera et al., 2018). Las lesiones se extienden rápido y el tejido xilemático no siempre llega a degradarse por completo, lo que determina que en el proceso infeccioso no siempre resulte la muerte de la planta o que plantas muertas permanezcan firmes (Almeida et al., 2001). Es característico observar abundante micelio blanco y esclerocios marrones en la superficie del suelo adyacente a la planta infectada (Kwon et al., 2016; Khatri et al., 2017). En los cultivos agrícolas en Sinaloa, *A. rolfsii* se ha reportado afectando algunos cultivos importantes y se presenta con mayor frecuencia en papa, garbanzo y frijol (Cuadro 1).

Rhizoctonia solani

Rhizoctonia es un basidiomiceto que habita en el suelo, conocido como un hongo estéril porque durante muchos años se pensó que solo producía esclerocios y era incapaz de producir esporas, ya sean sexuales o asexuales. Ahora se sabe que algunas especies del género producen basidiosporas como sus esporas sexuales. En cualquier caso, las esporas de *Rhizoctonia* se producen solo en condiciones especiales en el laboratorio o son extremadamente raras en la naturaleza y, por lo tanto, de poco valor para identificar el hongo (Oliver, 2024).

El género *Rhizoctonia* está formado por grupos de individuos relacionados, pero genéticamente distintos. La diferenciación de especies puede basarse en el número de núcleos por célula, morfología, grupo de anastomosis, características bioquímicas y moleculares (Lima et al., 2024). El micelio de *Rhizoctonia*, es incoloro cuando joven, pero se vuelve amarillento o marrón claro con la edad, además que está formado por células largas, produce ramas que crecen en ángulos rectos a la hifa principal, están ligeramente contraídas en la unión y tienen una pared transversal cerca de la unión (Yang et al., 2015). Las características de ramificación suelen ser las únicas disponibles para la identificación del hongo. Bajo ciertas condiciones, el hongo produce mechones de células cortas y anchas similares a esclerocios que funcionan como clamidosporas, o eventualmente los mechones se convierten en esclerocios bastante pequeños, de forma suelta, de color marrón a negro. Los basidios se producen en una capa membranosa de micelio y tienen cuatro esterigmas, cada uno con una basidiospora (Oliver, 2024).

El criterio más importante para distinguir entre sí a especies de *Rhizoctonia* es la diferenciación por grupos de anastomosis (AG, por sus siglas en inglés). El concepto de grupo de anastomosis se basa en la premisa de que las hifas de los aislados de la misma especie (independientemente de su capacidad para cruzarse entre sí) tienen la capacidad de reconocerse y fusionarse (Carling, 1996). Este concepto ha sido ampliamente aceptado en los últimos años para la identificación de aislados de *R. solani* y especies de *Ceratobasidium* (Lima et al., 2024). En Sinaloa, *R. solani* es un hongo causante de enfermedades principalmente en cultivos como papa, garbanzo, frijol, maíz, chile y tomatillo.

Colletotrichum spp.

El género *Colletotrichum* es un complejo de especies que se define como un grupo de especies que forman un clado monofilético y exhiben características compartidas (morfología conidial similar). El sistema de clasificación actual de *Colletotrichum* comprende 16 complejos de especies y 15 especies individuales (singletons) (Liu et al., 2022).

Las secuencias ITS son útiles para asignar especies de *Colletotrichum* a complejos de especies, pero se emplean diferentes loci (act, chs-1, gapdh, his3, tub2, apn2, Mat1/Apn2, sod2) para resolver los distintos complejos de especies. Basándose en estos análisis, se aceptan 280 especies con datos moleculares disponibles, de las cuales al menos 33 especies se han reportado como endófitos (Liu et al., 2022).

Colletotrichum es un género de importantes fitopatógenos que causan antracnosis en numerosos cultivos en todo el mundo. Este género comprende un grupo altamente diverso de patógenos que infectan una amplia gama de hospedantes vegetales. Los estilos de vida de las especies de *Colletotrichum* pueden clasificarse, en términos generales, como necrotrófico, hemibiotrófico, latente o quiescente, y endofítico; siendo el hemibiotrófico el más común. Las diferencias en los estilos de vida dependen de la especie, hospedante, estado fisiológico de madurez del hospedante y de las condiciones ambientales (De Silva et al., 2017).

El conocimiento sobre los estilos de vida de las especies de *Colletotrichum* permite el desarrollo de diagnósticos mejorados y la aplicación de métodos integrados de control de enfermedades para mitigar el riesgo de introducción de especies exóticas de *Colletotrichum* (De Silva et al., 2017). En Sinaloa, diversas especies de *Colletotrichum* están afectando cultivos como litchi, mango, arandano, guayaba, pitahaya, cucurbitáceas y papa. Sin embargo, se requiere estudiar a profundidad la diversidad de especies de *Colletotrichum* en la mayoría de estos cultivos.

Alternaria spp.

Hongo ascomiceto (orden Pleosporales, familia Pleosporaceae) de distribución cosmopolita que se compone de múltiples especies saprófitas, endófitas y patógenas. Este género se puede encontrar en diferentes sitios como semillas, cultivos

vegetales, productos agroalimentarios, suelo, materiales inertes, animales y la atmósfera (Woudenberg et al., 2015). *Alternaria* por lo general presenta colonias de color gris a negro o marrón, produce conidióforos con conidios simples o ramificados, los conidios se originan en cadenas, son largos, anchos, cortos, ovalados, multiselulados y regularmente piriformes (Simmons, 2007).

Los síntomas comienzan como pequeñas manchas café principalmente en las hojas inferiores y posteriormente se presentan condiciones de alta humedad y lluvias prolongadas, donde se incrementa su incidencia en la parte media y superior de la planta. Las manchas se disponen a manera de anillos concéntricos. Altas incidencias provocan defoliación en etapas tempranas, y como consecuencia pérdidas considerables en el rendimiento, si el cultivo se encuentra en floración y producción de vainas. Se propaga por el viento, salpique de agua y residuos de cosecha, malezas y la transmisión por semilla juega un papel primordial en la diseminación del hongo (Radchenko y Sokolova, 2018). Este patógeno tiene una amplia adaptabilidad a condiciones áridas y sequías prolongadas. Se sabe que existe variabilidad patogénica dentro de las especies.

En Sinaloa, *Alternaria* spp. afectan comúnmente la mayoría de los cultivos agrícolas, principalmente tomate, papa, berenjena, tomatillo, pepino, melón, sandía, calabaza, garbanzo, ajonjolí, cártamo, limón Persa, mango, pitahaya, arándano y cebolla.

Lasiodiplodia spp.

Lasiodiplodia (Familia Botryosphaeriaceae, Orden Botryosphaeriales) tiene una distribución global y se encuentra en una amplia variedad de hospedantes monocotiledóneas, dicotiledóneas y gimnospermas. La mayoría de las especies de *Lasiodiplodia* son patógenos que causan diversas enfermedades, como canchales del tallo, gomosis en tallos y ramas, marchitez de brotes y pudrición del pedúnculo de frutos. Además, las especies de *Lasiodiplodia* pueden encontrarse como endófitos y saprófitos. La combinación de cuatro loci, la región del espaciador transcrito interno (ITS), el gen del factor de elongación de traducción 1- α (*tef1- α*), el gen beta-tubulina (*tub2*) y la segunda subunidad más grande de la ARN polimerasa II (*rpb2*), proporcionan una resolución más confiable para este género a nivel de especie (Rathnayaka et al., 2023).

Entre sus especies, *L. theobromae* tiene una distribución mundial y afecta a un amplio rango de hospedantes, incluidos cultivos de importancia económica. La combinación de características morfológicas y filogenia es necesaria para una identificación taxonómica precisa de las especies de *Lasiodiplodia* (Rathnayaka et al., 2023).

La morfología sexual de las especies de *Lasiodiplodia* se caracteriza por ascomas globosos a subglobosos, a menudo ostiolados y uniloculares, y ascos clavados y estipitados con ascosporas hialinas a marrón oscuro, aseptadas. La morfología asexual se caracteriza por conidias estromáticas, inmersas o superficiales, globosas, uni o multiloculares, con un ostiolo papilado central y único. Los conidiófo-

ros generalmente están reducidos a células conidiógenas; si están presentes, se caracterizan por ser hialinos, cilíndricos, a veces septados y raramente ramificados, surgiendo de la capa interna. Las células conidiógenas son hialinas, cilíndricas a cónicas, holoblásticas y lisas, y se originan en la pared interna de los conidiomas (Rathnayaka et al., 2023).

Las especies de *Lasiodiplodia* tienen conidios subglobosos u ovalados, lisos, de paredes gruesas, que inicialmente son hialinos y se vuelven marrón oscuro y estriados al madurar. Los caracteres morfológicos de las ascosporas y los conidios se han utilizado para diferenciar géneros y familias dentro de Botryosphaeriaceae. *Lasiodiplodia* se distingue de otros géneros de Botryosphaeriaceae por tener conidios pigmentados, 1-septados, con estriaciones longitudinales y paráfisis picnidiales (Rathnayaka et al., 2023).

En Sinaloa, diversos cultivos como mango, lichi, arándano, frambuesa, zarzamora, papaya, guayaba, y cítricos son afectados por distintas especies de *Lasiodiplodia*.

Pucciniaceae

Las royas son el grupo más diverso y complejo de hongos fitopatógenos. La familia Pucciniaceae es una de las más importantes dentro del orden Pucciniales (royas), que comprende hongos parásitos obligados de amplia distribución mundial. Sus miembros son conocidos por causar enfermedades devastadoras en una gran variedad de plantas hospedantes, incluyendo cultivos de relevancia agrícola y especies silvestres (Huerta-Espino et al., 2014). Esta familia incluye géneros destacados como *Puccinia* y *Uromyces*, que se caracterizan por su complejidad en el ciclo de vida, que involucra frecuentemente múltiples etapas de desarrollo y, en muchos casos, hospedantes alternos (Aime et al., 2018).

La mayoría de los Pucciniales requieren dos hospedantes específicos, pero no relacionados para completar su ciclo de vida. Este ciclo de vida heteroécico puede resumirse en dos fases, cada una de las cuales ocurre en su hospedante asociado, conocidas como las etapas aecial y telial. La etapa aecial representa la parte del ciclo de vida de los Pucciniales donde los monocariones haploides (espermacios) se combinan a través de la fertilización (plasmogamia) para formar un dicarión. Posteriormente, se forman las eciósporas dicarióticas, que tienen la función de dispersar el dicarión al hospedante telial. En el hospedante telial, ocurre la propagación asexual mediante la producción de uredosporas. Finalmente, usualmente en respuesta a señales ambientales, el dicarión cesa la esporulación asexual y forma teliósporas. En esta etapa, se lleva a cabo la cariogamia, seguida de la meiosis. Las teliósporas germinantes producen basidiósporas haploides, que transportan el nuevo monocarión de regreso al hospedante aecial (Aime et al., 2018).

El género *Puccinia* es el más extenso dentro de la familia y del orden, abarcando más de 4,000 especies descritas. Por otro lado, el género *Uromyces*, aunque menos diverso, incluye patógenos relevantes como *Uromyces appendiculatus*, causante de la roya común del frijol, una enfermedad de gran impacto en leguminosas (Aime et al., 2018).

Los daños que provocan las royas en los hospedantes, son la reducción del área fotosintética, bloqueo en la traslocación de nutrimentos, muerte prematura lo que se traduce en bajos rendimientos y mala calidad del producto obtenido (Singh et al., 2002).

En el estado de Sinaloa la roya de la hoja (*P. triticina*) y roya lineal amarilla (*P. striiformis* f. sp. *tritici*) son las enfermedades más importantes y las principales limitantes de la producción del cultivo de trigo. Sin embargo, diversas especies de royas de los géneros *Uromyces* y *Puccinia* afectan cultivos como garbanzo, frijol, maíz, cebolla, espárrago, cacahuete y soya.

Erysiphaceae

Erysiphaceae (Helotiales, Leotiomycetes, Ascomycota) es una familia de parásitos obligados de plantas que incluye más de 900 especies distribuidas en 18 géneros (Braun y Cook, 2012). En México, se denomina comúnmente como “cenicilla” al síntoma y signo causado por las especies de la familia Erysiphaceae. Las cenicillas constituyen un grupo importante de hongos fitopatógenos que producen una película blanca y pulverulenta en hojas, tallos, flores y frutos de angiospermas (Schmidt y Braun, 2020). En total, las especies de Erysiphaceae infectan a 10,125 taxones hospedantes pertenecientes a 205 familias de plantas con flores. Los análisis filogenéticos moleculares realizados hasta la fecha indican que los miembros de la familia Erysiphaceae forman un grupo monofilético distinto (Takamatsu, 2013).

En Sinaloa existen diversas especies de cenicillas que se presentan comúnmente y que afectan principalmente a cultivos como tomate, chile, pepino, melón, sandía, calabazas, papaya, mango y garbanzo.

Otras especies de hongos fitopatógenos poco estudiadas

Además de los géneros descritos y reportados anteriormente como los principales hongos fitopatógenos presentes en cultivos agrícolas de Sinaloa, existen otras especies muy comunes que tienen un rango menor de hospedantes y que no han sido estudiados detalladamente con base en la combinación de estudios morfomoleculares. Estas especies se mencionan en el Cuadro 2.

CONCLUSIONES

Aunque los enfoques combinados de métodos morfológicos y herramientas moleculares han permitido una caracterización más precisa de los hongos fitopatógenos presentes en Sinaloa, aún existen cultivos y áreas donde la diversidad de patógenos no ha sido estudiada.

La prevalencia de hongos fitopatógenos como *Fusarium* spp., *Neocosmospora* spp., *Lasiodiplodia* spp., *Alternaria* spp., *Colletotrichum* spp., *Macrophomina phaseolina*, *Agroathelia rolfsii*, *Sclerotinia sclerotiorum* y *Rhizoctonia solani*; además de miembros de las familias Pucciniaceae (royas) y Erysiphaceae (cenicillas) afecta significativamente los cultivos de alto valor económico en Sinaloa, generando pérdidas económicas y comprometiendo la calidad y rendimiento de los productos

agrícolas. Además, prácticas como el monocultivo, el uso intensivo de agroquímicos, y la variabilidad climática han intensificado la incidencia de estos hongos patógenos, resaltando la necesidad de desarrollar estrategias de manejo integrado.

Cuadro 2. Lista de hongos fitopatógenos presentes, pero poco estudiados y caracterizados en Sinaloa, México.

Especie	Hospedante	Síntoma
<i>Alternaria</i> spp.	Cucurbitáceas	Mancha foliar
<i>Alternaria</i> spp.	Papa	Mancha foliar
<i>Botrytis</i> spp.	Arándano	Moho gris
<i>Botrytis</i> spp.	Frambuesa	Moho gris
<i>Botrytis</i> spp.	Zarzamora	Moho gris
<i>Cercospora</i> spp.	Cacahuete	Mancha foliar
<i>Cercospora</i> spp.	Esparrago	Mancha foliar
<i>Cercospora</i> spp.	Soya	Mancha foliar
<i>Claviceps</i> spp.	Sorgo	Ergot
<i>Colletotrichum</i> spp.	Cucurbitáceas	Lesiones en hojas y frutos
<i>Colletotrichum</i> spp.	Litchi	Antracnosis en frutos
<i>Corynespora cassicola</i>	Cucurbitáceas	Lesiones en hojas
<i>Entyloma australe</i>	Tomatillo	Carbón de la hoja
<i>Erysiphe neolycopersici</i>	Tomate	Cenicilla
<i>Fulvia fulva</i>	Tomate	Moho de las hojas
<i>Fusarium</i> spp.	Papa	Pudrición de tubérculo
<i>Fusarium</i> spp.	Zarzamora	Marchitez
<i>Lasiodiplodia</i> spp.	Litchi	Muerte de ramas
<i>Lasiodiplodia</i> spp.	Arándano	Tizón de ramas
<i>Leveillula taurica</i>	Tomate	Cenicilla
<i>Leveillula taurica</i>	Chile	Cenicilla
<i>Leveillula</i> sp.	Garbanzo	Cenicilla
<i>Macrophomina phaseolina</i>	Cacahuete	Pudrición carbonosa
<i>Neofusicoccum</i> spp.	Arándano	Tizón de ramas
<i>Neovossia indica</i>	Trigo	Carbón parcial
<i>Puccinia asparagi</i>	Esparrago	Roya
<i>Septoria lycopersici</i>	Tomate	Septoriosis de la hoja
<i>Setophoma terrestris</i>	Cebolla	Raíz rosada

PERSPECTIVAS

Es imperativo implementar enfoques de manejo integrado de enfermedades fúngicas, que incluyan el uso de variedades resistentes, control biológico, rotación

de cultivos, y aplicaciones estratégicas de fungicidas químicos. Estas estrategias contribuirán a reducir el impacto de las enfermedades fúngicas y a garantizar sistemas agrícolas más resilientes. Además, se deben priorizar estudios sobre la diversidad y dinámica de los hongos fitopatógenos en cultivos y regiones aún no caracterizadas en Sinaloa, lo que permitirá desarrollar planes de manejo específicos y efectivos. Asimismo, se debe considerar y estudiar la influencia de factores climáticos en la incidencia y severidad de las enfermedades fúngicas con la finalidad de integrar modelos predictivos que ayuden a mitigar los efectos adversos del cambio climático en la agricultura del estado.

Finalmente, se requiere establecer programas de monitoreo fitosanitario y capacitación para los agricultores que les permita una detección temprana y un manejo más eficiente de las enfermedades causadas por hongos fitopatógenos, reduciendo pérdidas económicas y fortaleciendo la seguridad alimentaria.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Aguilar-Pérez VH. 2022. Caracterización morfológica, patogénica y molecular de hongos causantes de enfermedades en ajonjolí (*Sesamum indicum* L.), tolerancia de variedades y manejo en el norte de Sinaloa. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autónoma de Occidente. 159 p.
- Aime MC, Bell CD, Wilson AW. 2018. Deconstructing the evolutionary complexity between rust fungi (Pucciniales) and their plant hosts. *Studies in Mycology* 89: 143–152. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2018.02.002>
- Aguilar-Pérez V.H, García-León E, Solano-Baez AR, Beltrán-Peña H, Tovar-Pedraza JM y Marquez-Licona G. 2023. First report of collar rot caused by *Sclerotinia sclerotiorum* on sesame (*Sesamum indicum* L.) in Mexico. *Plant Disease*. Vol. 107 (3). P. 957. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-22-1316-PDN>.
- Almeida AMR, Abdelnoor RV, Calvo ES, Tessman D, and Yorinori JT. 2001. Genotypic diversity among Brazilian isolates of *Sclerotium rolfii*. *Journal of Phytopathology* 149: 493–502. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2001.00651.x>
- Apodaca-Sánchez MA, Barreras-Soto MA, Cortez-Mondaca E, Quintero-Benitez JA. 2008. Enfermedades del Tomate de Cáscara en Sinaloa. Folleto técnico número 31. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle del Fuerte. <https://www.compucampo.com/tecnicos/enfermedades-tomatecascara-sin.pdf>
- Armer VJ, Kroll E, Darino M, Smith D, Urban M, Hammond-Kosack KE. 2024. Navigating the *Fusarium* species complex: Host-Range Plasticity and Genome Variations. *Fungal Biology*. 128 (8): 2439-2459. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2024.07.004>
- Ayala-Armenta QA., Tovar-Pedraza JM, Apodaca-Sánchez MA, Correia KC, Saucedo-Acosta CP, Camacho-Tapia M, Beltrán-Peña H. 2020. Phylogeny and pathogenicity of soilborne fungi associated with wilt disease complex of tomatillo (*Physalis ixocarpa*) in northern Sinaloa, Mexico. *European Journal of Plant Pathology* 157: 733–749. DOI:10.1007/s10658-020-02030-9
- Babu BK, Babu TK, and Sharma R. 2013. Molecular identification of microbes: I. *Macrophomina phaseolina*. In: Arora D., Das S., Sukumar M. (eds.). *Analyzing Microbes*. Springer Protocols Handbooks. Springer, Berlín, Heidelberg 93–97 pp. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-642-34410-7_6
- Beltrán-Peña H, Solano-Báez AR, Apodaca-Sánchez MA, Camacho-Tapia M, Félix-Gastélum R, Tovar-Pedraza JM. 2018. First report of *Leveillula taurica* causing powdery mildew on cucumber in Mexico. *Journal of Plant Pathology* 100(2):353. DOI: 10.1007/s42161-018-0061-7
- Beltrán-Peña H, Márquez-Licona G, García-León E, Aguilar-Pérez VH, and Solano-Báez AR. 2023. Occurrence of *Colletotrichum siamense* causing leaf spots on soursop (*Annona muricata*) in Mexico. *Plant Disease* 107(9): 2866. doi: 10.1094/PDIS-03-23-0592-PDN
- Branch WD, and Brenneman TB. 1996. Pod yield and stem rot evaluation of peanut cultivars treated with tebuconazole. *Agronomy Journal* 88: 933. DOI:10.2134/AGRONJ1996.00021962003600060014X
- Branch WD, and Brenneman TB. 2009. Field evaluation for the combination of white mould and tomato spotter wilt disease resistance among peanut genotypes. *Crop Protection*. 28 (7): 595-598. Doi:10.1016/j.cropro.2009.03.008m

- Braun U, Cook RTA. 2012. Taxonomic Manual of the Erysiphales (powdery mildews) (CBS biodiversity series No. 11). Utrecht: CBS-KNAWFungal Biodiversity Centre.
- Bolton MD, Thomma BPHJ and Nelson BD. 2006. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. *Molecular Plant Pathology* 7:1-16. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2005.00316.x>
- Borbón-Gracia A, Cortez-Mondaca EJA. 2015. Cártamo, en: Agenda Técnica Agrícola Sinaloa. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. 242 p. <https://es.scribd.com/document/360093931/Agenda-Agricola-Sinaloa-2015-pdf>
- Calderón-García LA. 2021. Susceptibilidad del trigo (*Triticum* spp.) a razas de roya lineal amarilla y roya de la hoja en Sinaloa. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autónoma de Occidente. 105 p. https://uadeo.mx/wp-content/uploads/2022/02/TESIS_LUIS_CALDERON.pdf
- Carling DE. 1996. Grouping in *Rhizoctonia solani* by hyphal anastomosis reaction. In *Rhizoctonia* species: taxonomy, molecular biology, ecology, pathology and disease control (pp. 37-47): Springer.
- Carrillo-Fasio JA, Nuñez-García PR, Salazar-Mesta RJ, Mora-Romero GA, Leyva-Madrigal KY, Cruz-Lachica I, and Tovar-Pedraza JM. 2022. First report of soft rot of pitahaya fruit caused by *Gilbertella persicaria* in Mexico. *Plant Disease* 106(12): 3218. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-22-0142-PDN>
- Cota-Barreras CI, García-Estrada RS, Valdez-Torres JB, León-Félix J, Valenzuela-Herrera V, Tovar-Pedraza JM. 2022. Molecular detection, virulence, and mycelial compatibility of *Macrophomina phaseolina* isolates associated with chickpea wilt in Sinaloa and Sonora, Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology* 44(6): 849-857. <https://doi.org/10.1080/07060661.2022.2084642>
- Cota-Barreras CI, García-Estrada RS, León-Félix J, Valenzuela-Herrera V, Mora-Romero GA, Leyva-Madrigal KY, Tovar-Pedraza JM. 2022. First report of *Clonostachys chloroleuca* causing chickpea wilt in Mexico. *New Disease Reports* 46(1): e12123. <https://doi.org/10.1002/ndr.12123>
- Cota-Barreras CI, García-Estrada RS, León-Félix J, Valenzuela-Herrera V, Mora-Romero GA, Leyva-Madrigal KY, and Tovar-Pedraza JM. 2024. Phylogeny, distribution, and pathogenicity of fusarioid fungi associated with chickpea wilt in Sinaloa and Sonora, Mexico. *Tropical Plant Pathology* 49:622-632. DOI: 10.1007/s40858-024-00663-3
- Cota-Rodríguez DA. 2020. Morfología, virulencia, compatibilidad vegetativa y sensibilidad a fungicidas de aislados de *Sclerotium rolfsii* de campos de frijol en el norte de Sinaloa, México. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autónoma de Occidente. 112 p. <https://uadeo.mx/wp-content/uploads/2021/06/TESIS-DAVID-COTA.pdf>
- Cruz-Lachica I, Osuna-García LA, Márquez-Zequera I, Tovar-Pedraza JM, García-Estrada RS. 2021. First report of leaf spot and stem canker on watermelon caused by *Paramyothecium foliicola* in Mexico. *Plant Disease* 105(8): 2241. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-20-2192-PDN>
- Cruz-Lachica I, Márquez-Zequera I, Osuna-García LA, Gomez-Gonzalez G, Tovar-Pedraza JM, and García-Estrada RS. 2022. First report of *Fusarium verticillioides* causing cucumber fruit rot in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 106(9): 2524. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-1935-PDN>
- De Silva DD, Crous PW, Ades PK, Hyde KD, Taylor PWJ. 2017. Life styles of *Colletotrichum* species and implications for plant biosecurity. *Fungal Biology Reviews* 31(3): 155-168. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2017.05.001>
- Douriet-Angulo A, López-Orona CA, López-Urquidez GA, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Estrada-Acosta, M. D., Ayala-Tafuya F, and Yáñez-Juárez MG. 2019. Maize stalk rot caused by *Fusarium falciforme* (FSSC 3 + 4) in Mexico. *Plant Disease* 103(11): 2951. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-19-1055-PDN>
- Espinoza-Verduzco MDA, Santos-Cervantes ME, Fernández-Herrera E, et al. 2012. First report of *Alternaria alternata* (Fr.) Keisler causing inflorescence blight in *Jatropha curcas* in Sinaloa, Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology* DOI: 10.1080/07060661.2012.688770
- Eliassaint A, Mora-Romero GA, Camacho-Tapia M, Correia KC, Cota-Barreras CI, Gonzalez-Concha LF, Lizarraga-Sanchez GJ, Tovar-Pedraza, JM. 2024. Characterization of *Trichoderma* spp. and their antagonistic activity against soilborne fungi associated with chickpea wilt in Sinaloa, Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology* DOI: 10.1080/07060661.2024.2413956
- Félix-Gastélum R, y Gálvez-Figueroa CA. 2002. Control del Moho Negro, *Alternaria alternata* (Fr.:Fr.) en el fruto de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) considerando unidades calor y variables ambientales para la aplicación de azoxystrobin en Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 20(1). pp. 72-76. <https://www.redalyc.org/pdf/612/61220112.pdf>
- Félix-Gastélum R, Apodaca-Sánchez MA, Martínez-Valenzuela MC, y Espinosa-Matías S. 2005. *Podosphaera* (sect. *Sphaerotheca*) *xanthii* (Castagne) U. Brawn y N. Shishkoff en cucurbitáceas en el norte de Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Fitopatología* 23:162-168. <https://www.redalyc.org/pdf/612/61223209.pdf>
- Félix-Gastélum R, Herrera-Rodríguez G, Martínez-Valenzuela C, Longoria-Espinoza RM, Maldonado-Mendoza IE, Quiroz-Figueroa FR, Martínez-Álvarez JC, García-Pérez LM, and Espinosa-Matías S. 2013. First report of powdery mildew (*Pseudoidium anacardii*) of mango trees in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 97(7): 994. doi: 10.1094/PDIS-11-12-1014-PDN.
- Félix-Gastélum R, Herrera-Rodríguez G, Martínez-Valenzuela C, Maldonado-Mendoza IE, Quiroz-Figueroa FR, Brito-Vega H, and Espinosa-Matías S. 2014. First report of powdery mildew (*Podosphaera pannosa*) of roses in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 98(10): 1492. doi: 10.1094/PDIS-06-14-0605-PDN.
- Félix-Gastélum R, Maldonado-Mendoza IE, Beltrán-Peña H, Apodaca-Sánchez MA, Espinoza-Matías S, Martínez-Valenzuela MC, Longoria-Espinoza RM, Olivás-Peraza NG. 2017. Powdery mildews in agricultural crops of Sinaloa: Current status on their

- identification and future research lines. *Revista Mexicana de Fitopatología* 35: 106-129. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1607-4>.
- Félix-Gastélum R, Lizárraga-Sánchez GJ, Maldonado-Mendoza IE, Leyva-Madrigal KY, Herrera-Rodríguez G, Espinoza-Matías S. 2018. Confirmación de la identidad de *Exserohilum turcicum*, agente causal del tizón foliar del maíz en Sinaloa. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 36 (3). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1803-1>
- Félix-Gastélum R, Mora-Carlón BA, Leyva-Madrigal KY, Solano-Báez AR, Pérez-Mora JL, Guerra-Meza O, and Mora-Romero GA. 2022. Sorghum sheath blight caused by *Fusarium* spp. in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 106(5): 1454-1461. doi: 10.1094/PDIS-10-21-2303-RE.
- Félix-Gastélum R, Herrera-Rodríguez G, Ávila-Alistac N y García-León E. 2024. *Sclerotinia sclerotiorum* en frijol y papa en Sinaloa: Etiología, epidemiología y alternativas de manejo. *Revista Mexicana de Fitopatología* 42(3): 29. <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2404-6>
- García-Estrada RS, Márquez-Zequera I, Tovar-Pedraza JM, and Cruz-Lachica I. 2021. First report of cucumber fruit rot caused by *Fusarium incarnatum* in Mexico. *Plant Disease* 105(2):497. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-20-1533-PDN>
- García-Estrada RS, Rivera-Salas MM, Marquez-Zequera I, Osuna-García LA, Felix-Arellano V, Castro-Alvarado L, and Cruz-Lachica I. 2023. First report of cucurbita blossom blight and fruit rot caused by *Choanephora cucurbitarum* in Mexico. *Plant Disease* 107(9): 2872. DOI: 10.1094/PDIS-04-23-0748-PDN
- García-Espinoza JR. 2022. El cultivo de ajonjolí: etiología de la mancha foliar, manejo y fitosanidad de la semilla. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autonomía de Occidente. 115 p.
- García-León E, Mora-Romero GA, Beltrán-Peña H, Leyva-Madrigal KY, Valenzuela-Escoboza FA, Cota-Barreras CI, and Tovar-Pedraza JM. 2022. First report of *Colletotrichum truncatum* causing anthracnose of guar (*Cyamopsis tetragonoloba*) in Mexico. *Plant Disease* 106(10): 2754. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-22-0305-PDN>
- García-León E, Alvarado-Padilla JI, Mora-Romero GA, Leyva-Madrigal KY, Aguilar-Pérez VH, y Tovar-Pedraza JM, 2022. First report of *Sclerotium rolfsii* causing collar rot of guar (*Cyamopsis tetragonoloba*) in Mexico. *Plant Disease*. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-22-0270-PDN>. Vol. 106 (12). P. 3202
- García-León E, Tovar-Pedraza JM, Valbuena-Gaona LA, et al. 2024. Identification of the causal agent of guar leaf blight and development of a semi-automated method to quantify disease severity. *Tropical plant pathology* <https://doi.org/10.1007/s40858-024-00676-y>
- González-Molotla IA, Félix-Gastélum R, Leyva-Madrigal KY, Quiroz-Figueroa FR, Maldonado-Mendoza IE. 2021. Etiology of soybean (*Glycine max*) leaf spot in Sinaloa, Mexico. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 39(3). DOI: <http://dx.doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2105-2>
- Guerrero-Santana L y Vega-Camargo, JA. 2024. Especies de *Alternaria* spp. asociadas a la pudrición de frutos de bell pepper establecidos bajo cubierta en Sinaloa. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo. 46 p.
- Huerta-Espino J, Rodríguez-García MF, Villaseñor-Mir HE, Singh R, Martínez-Cruz E, Hortelano-Santa Rosa R y Espitia-Rangel E. 2014. Descripción de las Royas del Trigo. Folleto Técnico Núm. 64. INIFAP-CIRCE-CEVAMEX. 32 p.
- Irazoqui-Acosta MB. 2021. Identificación de especies de *Trichoderma* y su antagonismo in vitro contra *Sclerotium rolfsii* proveniente del cultivo de papa (*Solanum tuberosum*) del norte de Sinaloa, México. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autonomía de Occidente. 81 p. https://uadeo.mx/wp-content/uploads/2022/02/TESIS_BELEN_IRAZOQUI.pdf
- Kaur S, Singh G, Kaur S, Vavvad GE, Chand R, and Bahadur V. 2012. Emerging phytopathogen *Macrophomina phaseolina*: biology, economic importance and current diagnostic trends. *Critical Reviews in Microbiology* 38:136–151. doi: 10.3109/1040841X.2011.640977
- Kwon JH, Kang DW, Choi O, and Kim J. 2016. The occurrence of *Sclerotium* rot on *Momordica charantia* caused by *Sclerotium rolfsii* in Korea. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*. 49. <https://doi.org/10.1080/03235408.2016.1152067>
- Khatri K, Kunwar S, Barocco RL, and Dufault NS. 2017. Monitoring fungicide sensitivity levels and mycelial compatibility groupings of *Sclerotium rolfsii* isolates from Florida peanut fields. *Peanut Science* 44: 83–92. <https://doi.org/10.3146/PS17-7.1>
- Kwon JH, Kang DW, Choi O, and Kim J. 2016. The occurrence of *Sclerotium* rot on *Momordica charantia* caused by *Sclerotium rolfsii* in Korea. *Archives of Phytopathology and Plant Protection* 49: 43–47. DOI: 10.1080/03235408.2016.1152067
- León-Gallegos HM y Cummins GB. 1981. Uredinales (Royas) de Mexico, Vols I y II. Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas, Secretaria de agricultura y Recursos Hidráulicos, Culiacán, Sinaloa, México. 492 p.
- Lima G, Santos K, Barros A, Reis A, Machado A, Souza-Motta C, Tovar-Pedraza JM, Correia K, Michereff SJ. 2024. Diversity and pathogenicity of anastomosis groups of *Rhizoctonia* associated with brassicas in Brazil. *Canadian Journal of Plant Pathology* 46(3): 275-287. <https://doi.org/10.1080/07060661.2023.2296098>
- Liu F, Ma ZY, Hou LW, Diao YZ, Wu WP, Damm U, Song S, Cai L. 2022. Updating species diversity of *Colletotrichum*, with a phylogenomic overview. *Studies in Mycology* 101: 1–56. DOI: 10.3114/sim.2022.101.01
- López-López AM, León-Félix J, Allende-Molar R, Lima NB, Tovar-Pedraza JM and García-Estrada RS. 2020. First report of *Setophoma terrestris* causing corky and pink root of tomato in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 104(5): 1553. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-19-2226-PDN>
- López-López AM, Allende-Molar R, Correia KC, Tovar-Pedraza JM, Márquez-Zequera I, and García-Estrada RS. 2021. First report of stem canker of tomato caused by *Fusarium striatum* in Mexico. *Plant Disease* 105(2): 497. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-20-1187-PDN>

- López-López AM, Tovar-Pedraza JM, León-Félix J, Allende-Molar R, Lima NB, Márquez-Zequera I, y García-Estrada RS. 2024. Caracterización morfológica, filogenia y patogenicidad de *Setophoma terrestris* causante de raíz corchosa y rosada de jitomate (*Solanum lycopersicum*) en Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Fitopatología* 42(2): 12. <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2309-5>
- López-Corrales R, Michereff SJ, García-Estrada RS, León-Félix J, Correia KC, Rabago-Zavala K, and Tovar-Pedraza JM. 2023. First confirmed report of *Rhizoctonia solani* AG-7 causing potato stem canker in Mexico. *Plant Disease* 107(7):2260. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-22-2661-PDN>
- López-Corrales R, Michereff SJ, Correia KC, García-Estrada RS, Nieto-López EH, Mora-Romero GA, Tovar-Pedraza JM. 2024. Molecular identification and fungicide sensitivity of *Ceratobasidium* sp. (AG-A) isolates causing stem canker on potato in Mexico. *Journal of Phytopathology* 172:e13412. <https://doi.org/10.1111/jph.13412>
- López-Corrales R, Michereff SJ, García-Estrada RS, Correia KC, Mora-Romero GA, León-Félix J, Tovar-Pedraza, JM. 2024. Diversity and pathogenicity of anastomosis groups of *Rhizoctonia solani* isolates associated with potato diseases in northern Sinaloa, Mexico. *Potato Research* 67:1011–1026. <https://doi.org/10.1007/s11540-023-09676-y>
- Llaven-Valencia G, Borbón-Gracia, A, García-León E, Cortez-Mondaca E. 2021. Tecnología de producción de trigo. Desplegable técnico número 28. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle del Fuerte.
- Mancera-González O. 2023. Las codependencias de la agroindustria en Sinaloa, México. *Perfiles Latinoamericanos*, 31(61). 28 p. doi: [dx.doi.org/10.18504/p13161-006-2023](https://doi.org/10.18504/p13161-006-2023)
- Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, Amarillas-Bueno LA, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Velázquez-Alcaraz TJ, Velarde-Félix S, López-Orona CA. 2021. Mango malformation disease caused by *Fusarium neocosmosporiellum* in Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology* 43(5): 714-721. <https://doi.org/10.1080/07060661.2021.1880483>
- Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, Román-Román L, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Leyva-Hernández HA, and López-Orona CA. 2023. First report of mango malformation disease caused by *Fusarium proliferatum* in Mexico. *Plant Disease* 107(2):581. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-22-1213-PDN>
- Mengistu A, Ray JD, Smith JR, Paris RL. 2007. Charcoal rot disease assessment of soybean genotypes using a colony forming unit index. *Crop Science* 47:2453–2461. DOI: 10.2135/cropsci2007.04.0186
- Muñoz-Zavala C, Loladze A, Vargas-Hernández M, García-León E, Alakonya AE, Tovar-Pedraza JM, Goodwin PH, and Leyva-Mir SG. 2023. Occurrence and distribution of physiological races of *Exserohilum turcicum* in maize-growing regions of Mexico. *Plant Disease* 107(4): 1054-1059. DOI: 10.1094/PDIS-03-22-0626-RE
- Núñez-García PR, Carrillo-Fasio JA, Márquez-Licona G, Leyva-Madrigal KY, Lagunes-Fortiz E, and Tovar-Pedraza JM. 2023. First report of *Colletotrichum tropicale* causing anthracnose on pitahaya fruit in Mexico. *Plant Disease* 107(7): 2235. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-22-2054-PDN>
- Núñez-García PR, Carrillo-Fasio JA, Correia KC, Nieto-López EH, Mora-Romero GA, Valdéz-Torres JB, López-Orona CA, Tovar-Pedraza JM. 2024. Phylogeny, pathogenicity, and fungicide sensitivity of Botryosphaeriaceae fungi associated with Persian lime dieback in Sinaloa, Mexico. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 134: 102474. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2024.102474>
- Oliver R. 2024. *Agrios Plant Pathology* (Elsevier Ed. 6th Edition ed.). San Diego, California, USA.
- Orduño-Cota FJ, Pacheco-Urias H, Quintero-Benítez et al. 2008. Respuesta de híbridos comerciales de maíz a la infección por la roya común (*Puccinia sorghi*) del maíz en el Valle del Fuerte, Sinaloa. Junta Local de Sanidad Vegetal del Valle del Fuerte-CESAVESIN. http://www.sanidaddelvalledelfuerte.org.mx/swa/trabajos_investigacion/9/file1_00.pdf
- Patiño-Espejel MG. 2021. Morfología, filogenia y virulencia de aislados de *Fusarium* spp. y *Neocosmospora falciformis* asociados a la pudrición de raíz en frijol en Sinaloa. Tesis de Maestría en Ciencias. Instituto de Fitosanidad, Colegio de Postgraduados. 67
- Payán-Arzapalo MA, López-Cuén PI, Vega-Gutiérrez TA, Molina-Cárdenas L, López-Orona CA, Valenzuela-Tirado GA, and Tirado-Ramírez MA. 2024. First report of *Fusarium falciforme* causing root rot and wilt on strawberry in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 108(7): 2223. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-24-0343-PDN>
- Peinado-Fuentes LA, Sifuentes-Ibarra E, Macías-Cervantes J, Cortez-Mondaca E, García-León E y Lopez-Guzman JA. 2017. Maíz, en: *Agenda Técnica Agrícola Sinaloa*. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. 216 p. https://vun.inifap.gob.mx/VUN_MEDIA/BibliotecaWeb/_media/_agendas/4142_4839_Agenda_T%C3%A9cnica_Sinaloa_2017.pdf
- Pérez-Mora JL, Cota-Rodríguez DA, Rodríguez-Palafox EE, Lima NB, García-León E, Beltrán-Peña H, Tovar-Pedraza JM. 2020. First confirmed report of *Colletotrichum coccodes* causing black dot on potato in Mexico. *Journal of Plant Diseases and Protection* 127:269–273. DOI: 10.1007/s41348-019-00291-z
- Pérez-Mora JL, Mora-Romero GA, Beltrán-Peña H, García-León E, Lima NB, Camacho-Tapia M, and Tovar-Pedraza JM. 2021. First report of *Colletotrichum siamense* and *C. gloeosporioides* causing anthracnose of Citrus spp. in Mexico. *Plant Disease* 105(2):496. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-20-1743-PDN>
- Popović T, Blagojević J, Aleksić G, Jelušić A, Krnjajić S, Milovanović P. 2018. A blight disease on highbush blueberry associated with *Macrophomina phaseolina* in Serbia. *Canadian Journal of Plant Pathology* 40:121–127. <https://doi.org/10.1080/07060661.2017.1415977>

- Rabago-Zavala K, Valenzuela-Escoboza FA, Mora-Romero GA, Lizárraga-Sánchez GJ, and Tovar-Pedraza JM. 2023. First report of *Ceratobasidium* sp. (AG-A and AG-G) causing root rot and stem canker of common bean in Mexico. *Plant Disease* 107(3): 958. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-22-1317-PDN>
- Radchenko EE, Sokolova DV. 2018. Resistance of guar (*Cyamopsis tetragonoloba* L.) Taub To harmful organism. *Agric Biol* 53:897–906. doi: 10.15389/agrobiology.2018.5.897eng
- Rivera MC, Wright ER, Silvestre L, Stenglein S y Kato A. 2018. Nuevo hospedante de *Sclerotium rolfsii* que causa podredumbre de la corona y raíz en *Pseudogynoxis benthamii*. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 89: 950–953. DOI: <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2018.3.2187>
- Rodríguez-Cota FG, Cortez-Mondaca E, Saucedo-Acosta RH, Acosta-Gallegos J A, Padilla-Valenzuela I y Miranda-Arnold P. 2022. Tecnología para producir semilla de frijol en Sinaloa. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias Centro de Investigación Regional del Noroeste-Campo Experimental Valle del Fuerte Juan José Ríos, Sinaloa. Folleto Técnico No. 46. 49 p.
- Rodríguez-García MF, García-León E, Huerta-Espino J, Villaseñor-Mir HE, Llaven-Valencia G, González-González M. 2020. Razas fisiológicas de *Puccinia triticina* E. identificadas en el norte de Sinaloa y resistencia de germoplasma. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 11(8). <https://doi.org/10.29312/remexca.v11i8.2574>
- Rodríguez-Palafox EE, Vásquez-López A, Márquez-Licona G, Lima NB, Lagunes-Fortiz E, and Tovar-Pedraza JM. 2021. First report of *Colletotrichum siamense* causing anthracnose of guava (*Psidium guajava*) in Mexico. *Plant Disease* 105(10): 3290. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-21-0530-PDN>
- Salinas-Pérez RA, Rodríguez-Cota FG, Padilla-Valenzuela I, Valencia-Martínez Y, Acosta-Gallegos JA. 2011. “Azufrasin”: nueva variedad de frijol tipo azufrado para el estado de Sinaloa. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 2(4). p. 613-617. DOI: 10.29312/remexca.v2i4.1650
- Sánchez-Gutiérrez Y. 2024. Caracterización morfológica, patogénica, molecular y manejo de hongos con origen en el suelo en espárrago (*Asparagus officinalis*) en el noroeste de México. Tesis de Maestría en Fitopatología y Medio Ambiente. Universidad Autónoma de Occidente. 133 p.
- Sandoval-Denis M, Lombard L, Crous PW. 2019. Back to the roots: a reappraisal of *Neocosmospora*. *Persoonia* 43: 90–185. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.04>
- Schmidt A, Braun U. 2020. Asexual morphs of powdery mildew species (Erysiphaceae)— new and supplementary morphological descriptions and illustrations. *Schlechtendalia* 37: 30–79.
- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2023. [accessed 2023 Ene 10]. <https://www.gob.mx/siap>
- Solano-Báez AR, Márquez-Licona G, Aguilar-Pérez VH, Trejo-Espino JL, and García-León E. 2023. Occurrence of *Colletotrichum truncatum* causing foliar spot on sesame (*Sesamum indicum*) in Mexico. *Plant Disease* 107(10): 3286. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-23-0451-PDN>
- Sharma P, Meena PD, Singh S and Rai PK. 2017. Efficacy of micro-nutrients, fungicides and bio agents against *Sclerotinia* stem rot (*Sclerotinia sclerotiorum*) of Indian mustard. *International Journal of Current Microbiology and Applied Science* 6:620-626. DOI:10.20546/ijcmas.2017.610.076
- Short GE, Wyllie TD, and Bristow PR. 1980. Survival of *Macrophomina phaseolina* in soil and in residue of soybean. *Phytopathology* 70:13-17. https://www.apsnet.org/publications/phytopathology/backissues/Documents/1980Articles/Phyto70n01_13.PDF
- Simmons EG. 2007. *Alternaria*. An identification manual. CBS biodiversity series 6. CBS Fungal Biodiversity Centre, Utrecht
- Singh R, Huerta-Espino J, and Roelfs A. 2002. The wheat Rusts In: B.C. Curtis, S. Rajaram, and H. Gomez MacPherson (eds.). Bread Wheat: improvement and production. FAO, Roma, Italia. Pp: 227-249. <https://www.fao.org/4/y4011e/y4011e0g.htm>
- Singleton LL, Mihail JD, Rush CM. 1992. Methods for research on soilborne phytopathogenic fungi. St. Paul, Minnesota: APS Press 266 p.
- Takamatsu S. 2013. Origin and evolution of the powdery mildews (Ascomycota, Erysiphales). *Mycoscience* 54(1): 75-86. <https://doi.org/10.1016/j.myc.2012.08.004>
- Tian B, Xie J, Fu Y, Cheng J, Li BO, Chen T, Zhao Y, Gao Z, Yang P, Barbetti MJ, et al., 2020. A cosmopolitan fungal pathogen of dicots adopts an endophytic lifestyle on cereal crops and protects them from major fungal diseases. *ISME J*. 14:3120–3135. doi: 10.1038/s41396-020-00744-6
- Tirado-Ramírez MA, López-Orona CA, Velázquez-Alcaraz TJ, Díaz-Valdés T, Velarde-Félix S, Martínez-Campos AR. and Retes-Manjarrez JE. 2018. First report of onion basal rot caused by *Fusarium falciforme* in Mexico. *Plant Disease* 102(12): 2646. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-18-0757-PDN>
- Tirado-Ramírez MA, López-Orona CA, Díaz-Valdés T, Velarde-Félix S, Martínez-Campos AR, Romero-Gómez SJ, and Retes-Manjarrez JE. 2019. First report of basal rot of onion caused by *Fusarium brachygybosum* in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 103(3):582. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-18-0710-PDN>
- Tirado-Ramírez MA, López-Orona CA, López-Billard J, Molina-Cárdenas L, Sánchez-Rangel JC, Amarillas-Bueno L, and Vega-Gutiérrez TA. 2023. First report of *Fusarium verticillioides* causing safflower root rot in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 107(9): 2851. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-23-0257-PDN>
- Tovar-Pedraza JM, Mora-Aguilera JA, Nava-Díaz C, Lima NB, Michereff SJ, Sandoval-Islas JS, Cámara MPS, Téliz-Ortiz D, and Leyva-Mir SG. 2020. Distribution and pathogenicity of *Colletotrichum* species associated with mango anthracnose in Mexico. *Plant Disease* 104(1): 137-146. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-19-0178-RE>

- Tovar-Pedraza JM, Márquez-Licon G, Bárcenas-Santana D, Leyva-Madrigal KY, Mora-Romero GA, Llaven-Valencia G, and García-León E. 2023. Occurrence of *Curvularia pisi* and *C. muehlenbeckiae* causing leaf spot on guar (*Cyamopsis tetragonoloba*) in Mexico. *Plant Disease* 107(2):565. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-22-0858-PDN>
- Tovar-Pedraza JM, Solano-Báez AR, Leyva-Mir SG, Tlapal-Bolaños B, Camacho-Tapia M, García-León E, Ayala-Escobar V, Nava-Díaz C, Quezada-Salinas A, Santiago-Santiago V, et al. 2024. The need and opportunity to update the inventory of plant pathogenic fungi and oomycetes in Mexico. *Journal of Fungi* 10: 395. <https://doi.org/10.3390/jof10060395>.
- Velarde-Félix S, Valenzuela-Herrera V, Ortega-Murrieta PF, Fierros-Leyva GA, Rojas-Rojas PA, López-Orona CA, and Retes-Manjarrez JE. 2022. First report of *Fusarium falciforme* (FSSC 3 + 4) causing root rot on chickpea in Mexico. *Plant Disease* 106(1): 329. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-21-1123-PDN>
- Velarde-Félix S, Garzón-Tiznado JA, Hernández-Verdugo S, López-Orona CA, Retes-Manjarrez JE. 2018. Occurrence of *Fusarium oxysporum* causing wilt on pepper in Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology* 40(2): 238-247. <https://doi.org/10.1080/07060661.2017.1420693>
- Vega-Gutiérrez TA, López-Orona CA, López-Urquidez GA, Velarde-Félix S, Amarillas-Bueno LA, Martínez-Campos AR, and Allende-Molar R. 2019. Foot rot and wilt in tomato caused by *Fusarium falciforme* (FSSC 3 + 4) in Mexico. *Plant Disease* 103(1): 157. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-18-1001-PDN>
- Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, López-Urquidez GA, Angulo-Castro A, Martínez-Gallardo JA, and López-Orona CA. 2019. *Fusarium falciforme* (FSSC 3 + 4) causing root and stem rot in papaya (*Carica papaya*) in Mexico. *Plant Disease* 103(10): 2681. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-19-0917-PDN>
- Vega-Gutiérrez TA, Douriet-Angulo A, Molina-Cárdenas L, Tirado-Ramírez MA, López-Urquidez GA, and López-Orona CA. 2022. Root rot and wilt caused by *Fusarium nygamai* of bean (*Phaseolus vulgaris*) in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 106(10): 2748. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-22-0123-PDN>
- Vega-Gutiérrez TA, López-Orona CA, Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, Payán-Arzapalo MA, and Tirado-Ramírez MA. 2023. First report of *Fusarium keratoplasticum* causing strawberry root rot in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease* 107(9): 2879. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-22-2441-PDN>
- Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, and López-Orona CA. 2023. *Fusarium verticillioides* causing root and stem rot in papaya (*Carica papaya*) in Mexico. *Plant Disease* 107(8): 2517. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-23-0008-PDN>
- Woudenberg JH, Seidl MF, Groenewald JZ, de Vries M, Stielow JB, Thomma BP, Crous PW. 2015. *Alternaria* section *Alternaria*: Species, formae speciales or pathotypes? *Studies in Mycology*. 82:1-21. doi: 10.1016/j.simyco.2015.07.001.
- Wrather JA, and Koening SR. 2010. Soybean disease loss estimates for the United States, 1996–2009. Delta Research Center: Agriculture Experiment Station. University of Missouri, College of Agriculture, Food and Natural Resources, USA. https://www.apsnet.org/publications/plantdisease/backissues/Documents/1995Articles/PlantDisease79n10_1076.pdf
- Willett HJ and Wong JA. 1980. The biology of *Sclerotinia sclerotiorum*, *S. trifoliorum* and *S. minor* with emphasis on specific nomenclature. *The Botanical Review* 46:101-165. DOI:10.1007/BF02860868
- Xia Z, Wang Z, Kav NNV, Ding C, and Liang Y. 2020. Characterization of microRNA-like RNAs associated with sclerotial development in *Sclerotinia sclerotiorum*. *Fungal Genetics and Biology*, 144, 103471. doi:10.1016/j.fgb.2020.103471

Dominancia de alelos silvestres de mutaciones *kdr* del dominio II del VGSC de *Aedes aegypti* de Culiacán, Sinaloa, México

Praxedis Félix-Alcalá¹, Elisa A. Camacho-Ureta², Delia M. Becerril-Camacho², Sergio A. Durán-Pérez³, Annete I. Apodaca-Medina²♦

¹ Licenciatura en Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Occidente, Unidad Regional Culiacán, Boulevard Lola Beltrán S/N, 4 de Marzo, C.P. 80054 Culiacán, Sinaloa, México.

² Unidad de Investigaciones en Biotecnología Biomédica, Universidad Autónoma de Occidente, Unidad Regional Culiacán, Boulevard Lola Beltrán S/N, 4 de Marzo, C.P. 80054 Culiacán, Sinaloa, México.

³ Posgrado en Biotecnología, Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa, Boulevard Universitarios S/N, Ciudad Universitaria, C.P. 80013, Culiacán, Sinaloa, México.

♦ Correspondencia: annete.apodaca@uadeo.mx

Área Temática:

Ciencias Biomédicas

Recibido: 28 de noviembre, 2024

Aceptado: 26 de diciembre, 2024

Publicado: 27 de enero de 2025

Cita: Félix-Alcalá P, Camacho-Ureta EA, Becerril-Camacho DM, Durán-Pérez SA y Apodaca-Medina AI. 2025. Dominancia de alelos silvestres de mutaciones *kdr* del dominio II del VGSC de *Aedes aegypti* de Culiacán, Sinaloa, México. *Bioc Scientia* 1(1). <https://doi.org/10.63622/RBS.2402>



Copyright: © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

Resumen: *Aedes aegypti* es el principal vector de arbovirus como el Dengue. Actualmente, las estrategias para disminuir la población vectorial se basan en el uso de insecticidas como los organofosforados, organoclorados, carbamatos y piretroides los cuales han contribuido a disminuir la población vectorial, sin embargo, *A. aegypti* ha desarrollado resistencia a compuestos como la permethrina y la deltametrina la cual se ha asociado con la presencia de polimorfismos (SNP) en el gen del canal de sodio dependiente de voltaje (VGSC), conocidos como mutaciones *kdr*, las cuales bloquean la acción de los piretroides en el canal de sodio. En este estudio se genotipificaron las mutaciones *kdr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V, mediante secuenciación. Los resultados muestran que la población de *A. aegypti* analizada presenta un genotipo silvestre para las mutaciones mencionadas, sugiriendo que en nuestra población debe haber otras mutaciones *kdr* en distintos dominios que estén confiriendo resistencia a *A. aegypti*.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, *kdr*, VGSC, resistencia, piretroides.

Abstract: *Aedes aegypti* is the primary vector of arboviruses such as Dengue. Currently, strategies to reduce the vector population are based on the use of insecticides such as organophosphates, organochlorines, carbamates, and pyrethroids, which have contributed to reducing the vector population. However, *A. aegypti* has developed resistance to compounds like permethrin and deltamethrin, which has been associated with the presence of polymorphisms (SNPs) in the voltage-gated sodium channel (VGSC) gene, known as *kdr* mutations, which block the action of pyrethroids on the sodium channel. In this study, the *kdr* mutations L982W, S989P, A1007G, and I1011M/V were genotyped through sequencing. The results show that the analyzed *A. aegypti* population exhibits a wild-type genotype for the mentioned mutations, suggesting that other *kdr* mutations in different domains may be present in our population, conferring resistance to *A. aegypti*.

Keywords: *Aedes aegypti*, *kdr*, VGSC, resistance, pyrethroids.

INTRODUCCIÓN

El mosquito *A. aegypti* es el principal vector de diversas enfermedades arbovirales como el Dengue, el cual actualmente representa un problema severo de salud pública a nivel mundial, (Rubio-Palis et al., 2023) con una estimación de 390 millones de casos al año (Bhatt et al., 2013). Particularmente, en la región de Las Américas hasta la semana epidemiológica 49 del 2024, la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha reportado 6, 649, 645 casos confirmados con 7, 466 defunciones (PLISA, 2024).

México es un país endémico de dengue, en donde la Dirección General de Epidemiología (DGE) a través del Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE) ha reportado 120, 931 casos, de los cuales 54, 530 son dengue con signos de alarma (DCSA) más dengue grave (DG), con 362 defunciones hasta la semana epidemiológica 49 del 2024. Los estados con mayor tasa de incidencia son Colima, Nayarit, Morelos y Baja California Sur, mientras que el estado de Sinaloa se encuentra en el décimo lugar, con 4, 646 casos confirmados, de los cuales 2,745 son DCSA+DG, con 18 defunciones (SINAVE, 2024).

Con la finalidad de disminuir los casos de las virosis transmitidas por *Ae. aegypti*, la OMS ha planteado diversas estrategias para el control vectorial, dentro de las que destaca el uso de distintos insecticidas como los carbamatos, organofosforados, organoclorados y los piretroides (Bonnet et al., 2020). En particular, los insecticidas piretroides han sido ampliamente utilizados a nivel mundial para el control de *Aedes* spp., sin embargo, *A. aegypti* ha desarrollado resistencia a insecticidas derivados de los piretroides como la permetrina (piretroide de tipo I) y la deltametrina (piretroide de tipo II), esto mediante mecanismos relacionados con la presencia de mutaciones puntuales en el gen que codifica para el canal de sodio dependiente de voltaje (VGSC), llamadas mutaciones *knockdown resistance (kdr)* (Chen et al., 2020).

El VGSC está conformado por cuatro dominios (I-IV) unidos entre sí de forma intracitoplasmática mediante un *linker* y posee un extremo amino y carboxilo terminal; cada uno de los dominios está compuesto por 6 segmentos transmembranales (S1-S6) (Figura 2) (Uemura et al., 2024).

A nivel molecular, los insecticidas piretroides interfieren en los canales de sodio en la membrana de las neuronas del mosquito y producen una alteración en el estado abierto-cerrado del canal y por tanto en el transporte de los iones de sodio (Devine y cols, 2008). Esto produce una entrada de iones constante hacia la neurona y la consecuente despolarización permanente lo que provoca el derribo del mosquito (Bradberry y cols, 2005; Hołyńska-Iwan y Szewczyk-Golec, 2020). Sin embargo, diversos autores han reportado que los moscos han desarrollado resistencia al derribo ante la aplicación de piretroides (Moyes et al., 2017; Amelia-Yap et al., 2018; Akhir et al., 2022), esto por diversos mecanismos dentro de los que destaca la presencia de mutaciones *kdr* (Silver et al., 2014; Zhou et al., 2019, Chen et al., 2020; Wuliandari et al., 2020; Naw et al., 2020).

Hasta el momento, se han evidenciado 22 mutaciones *kdr* en los cuatro dominios del VGSC de mosquitos del género *Aedes* (Figura 2E) (Uemura et al., 2024), las cuales se han asociado con la resistencia a insecticidas piretroides (Pareja-Loaiza et al., 2020). De estas mutaciones reportadas, cinco se encuentran dentro del segmento 6 (S6) del dominio II: L982W, S989P, A1007G, I1011M/V y V1016G/I (Bregues et al., 2003; Saavedra-Rodríguez et al., 2007; Islami et al., 2018), siendo las mutaciones S989P y V1016G/I las más estudiadas del dominio II y asociadas con el fenotipo de resistencia a insecticidas piretroides (Chen et al., 2020 y Naw et al., 2020). No obstante, las mutaciones L982W (Bregues et al., 2003), S989P (Islami et al., 2018), A1007G (Akhir et al., 2022) así como la I1011M/V (Saavedra-Rodríguez et al., 2007) del S6 del dominio II también han sido reportadas y asociadas al fenotipo resistente; sin embargo, existe poca evidencia que las asocie con la resistencia a insecticidas piretroides.

En México, se han evaluado las mutaciones V1016G/I en los estados de Nuevo León y Yucatán (López-Monroy et al., 2018), así como en Chiapas (Solis-Santoyo et al., 2021), encontrando frecuencias alélicas variadas y asociando la presencia de dicha mutación con el fenotipo resistente. Debido a que en un estudio reciente de nuestro grupo de investigación (datos no publicados) evidenciamos la resistencia de *A. aegypti* a insecticidas piretroides, así como la presencia de la mutación V1016I y a que actualmente, en la región Noroeste de México se carece de información que evidencie la presencia de las mutaciones *kdr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V del dominio II del VGSC, nos planteamos analizar la presencia de estas, con la finalidad de contribuir a dilucidar los mecanismos genéticos implicados en la resistencia a insecticidas que impide el control de tan importante vector.

Obtención de muestras de *A. aegypti* y extracción de ADN

Se seleccionaron 21 ejemplares de *A. aegypti* con fenotipo resistente a insecticidas piretroides que se analizaron mediante un bioensayo de resistencia en el año 2020 en la ciudad de Culiacán, Sinaloa (datos no publicados). Los especímenes se mantuvieron congelados a -70 °C hasta el momento de la extracción de ADN, la cual se llevó a cabo de manera individual mediante el método de sales.

Brevemente, cada mosco se maceró en un tubo de 1.5 mL con 500 µL de Buffer Salino de Fosfatos 10X (PBS 10X) con ayuda de un pistilo macerador, seguido de una agitación en vórtex durante 10 segundos. El macerado se centrifugó a 13,000 rpm durante 1 minuto. La pastilla se disolvió en 400 µL de solución de lisis (0.4M NaCl (Sigma), 10mM tris-HCl (Bio-Rad), pH 8 y 2Mm EDTA (Bio-Rad) pH 8) y 40 µL de SDS (Bio-Rad) al 20%. Adicionalmente, se agregaron 15 µL de proteinasa k (Promega) a 10 mg mL⁻¹.

La muestra se incubó a 55 °C durante toda la noche. Posteriormente se agregaron 300 µL de NaCl 6M a 60 °C y se agitó vigorosamente en vórtex 30 s, seguido de una centrifugación a 13,000 rpm durante 20 min. El sobrenadante se transfirió

a un tubo de 1.5 mL y se le agregó un volumen igual de isopropanol frío homogenizando suavemente mediante inversión. Las muestras se centrifugaron a 13,000 rpm durante 20 min y se descartó el sobrenadante.

La pastilla se lavó con etanol frío al 80%, mezclando 4 veces por inversiones suaves, seguido de una centrifugación a 13,000 rpm durante 5 minutos. La pastilla se secó a temperatura ambiente durante 1 hora. Posteriormente se homogenizó con 50 μ L de agua libre de nucleasas (Promega). El ADN recuperado se incubó a 55 °C por una hora, y se almacenó a -70 °C hasta su uso. Todas las muestras de ADN fueron cuantificadas empleando un Nanodrop Lite® (Thermo Fisher Scientific).

Amplificación y purificación del segmento 6 del dominio II del VGSC

Para amplificar el segmento 6 del dominio II del VGSC se realizó una PCR punto final siguiendo las especificaciones descritas por Leong et al. Brevemente, cada amplificación se realizó en un volumen final de 50 μ L empleando el kit *Go-Taq® Green Master Mix* (Promega, USA), del cual se utilizaron 25 μ L del Mix de PCR y 15 μ L de agua libre de nucleasas; 2.5 μ L de cada oligo a una concentración de 10 pmol, sentido (5'-GGT GGA ACT TCA CCG ACT TC-3') y antisentido (5'-GGA CGC AAT CTG GCT TGT TA-3') (Leong et al., 2019), como templado se añadieron 10 ng de ADN de *A. aegypti* y agua libre de nucleasas como control negativo de reacción. El protocolo de PCR comenzó con un precalentamiento a 95 °C por 2 min, seguidos por 35 ciclos a 95 °C por 30 s, 63 °C por 30 s, 72 °C por 30 s y 72 °C por 2 min como extensión final. Los productos de PCR fueron visualizados mediante electroforesis en geles de agarosa al 1.5% en tampón TAE (40 mM Tris pH 7.6, 20 mM ácido acético, 1 mM EDTA a pH 8) a 100 volts por 1 h; pre-teñidos con *Safe-Red™* y observados en un transiluminador de luz UV (Mini-UV, Bio-Rad). El tamaño del producto amplificado fue de ~581 pb.

La purificación de los fragmentos amplificados se llevó a cabo empleando el kit *Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System* (Promega, USA) siguiendo las especificaciones del fabricante. Para comprobar la purificación se llevaron a cabo electroforesis en geles de agarosa al 1.5% pre-teñidos con *Safe-Red™* (abm, Canadá) y observados en un transiluminador de luz UV (Mini-UV, Bio-Rad). Las muestras fueron almacenadas a -20 °C hasta ser enviadas a *Macrogen Korea* para su secuenciación.

Análisis de las secuencias

Las secuencias se sometieron a un análisis de identidad mediante un BLAST en la base de datos del *GenBank* del *Nacional Center of Biotechnology Information* (NCBI). Una vez confirmado que las secuencias obtenidas eran de la especie *A. aegypti*, se procedió al depurado y armado de las secuencias consenso de las 21 muestras a partir de las secuencias sentido y reversa complementaria. Las 21 secuencias consenso obtenidas se alinearon con las secuencias de referencia (*GenBank*: OK236520.2 y LC557556.1) las cuales tienen un genotipo silvestre para las

mutaciones *kdr* analizadas en este estudio empleando el programa *CLC Sequence Viewer 8.0* de QIAGEN.

Para la obtención de las secuencias de aminoácidos se llevó a cabo la traducción de las secuencias obtenidas en el estudio y se compararon con la secuencia de aminoácidos generada a partir de la secuencia de referencia del genoma completo de la cepa Liverpool (cepa silvestre) (*GenBank*: CH477310.1) empleando el programa *CLC Sequence Viewer 8.0* de QIAGEN. Una vez realizados los alineamientos, se analizaron para identificar los aminoácidos en las posiciones 982, 989, 1007 y 1011. Para llevar a cabo la identificación de heterocigotos, se realizó la búsqueda de señales dobles en los electroferogramas de los alelos de interés mediante el programa *Unipro UGENE*.

Se obtuvieron 21 fragmentos de 581 pb del segmento 6 del dominio II del gen *VGSC* purificados. A partir de estos fragmentos, se generaron 21 secuencias cuyos alineamientos mostraron un 100% de identidad con dos secuencias registradas en el *GenBank* (números de acceso: OK236520.2 y LC557556.1) de la especie *A. aegypti* (Figura 1A).

El análisis de las secuencias evidenció que los especímenes de *A. aegypti* evaluados presentan un genotipo silvestre para las mutaciones *kdr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V, debido a que en las secuencias nucleotídicas se encontraron los tripletes TTA, TCC, GCC y ATA, al igual que en la secuencia de referencia del genoma completo de la cepa Liverpool (cepa silvestre) registrada en el *GenBank* (número de acceso: CH477310.1), los cuales codifican para los aminoácidos Leucina, Serina, Alanina e Isoleucina, en las posiciones 982, 989, 1007 y 1011, respectivamente (Figura 1B).

Al realizar el análisis detallado de los electroferogramas de las 21 secuencias obtenidas, se evidenció que los alelos 982 (Figura 2A), 989 (Figura 2B), 1007 (Figura 2C) y 1011 (Figura 2D) presentaban un genotipo homocigoto silvestre, al presentar una señal sencilla en las bases nucleotídicas correspondientes a las mutaciones *kdr*. Estos hallazgos evidencian que la población de *A. aegypti* de Culiacán Sinaloa, analizada en este estudio no es portadora de las mutaciones *kdr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V. El desarrollo de resistencia a insecticidas piretroides por parte de *A. aegypti* ha dificultado tener un control sobre el vector, permitiendo así la transmisión de arbovirus como el dengue, el cual representa un serio problema de salud a nivel mundial (Sumita et al., 2023), por ello diversos investigadores se han enfocado en dilucidar los mecanismos implicados en la resistencia a insecticidas adquirida por *A. aegypti* ante la exposición prolongada a dichos agentes químicos.

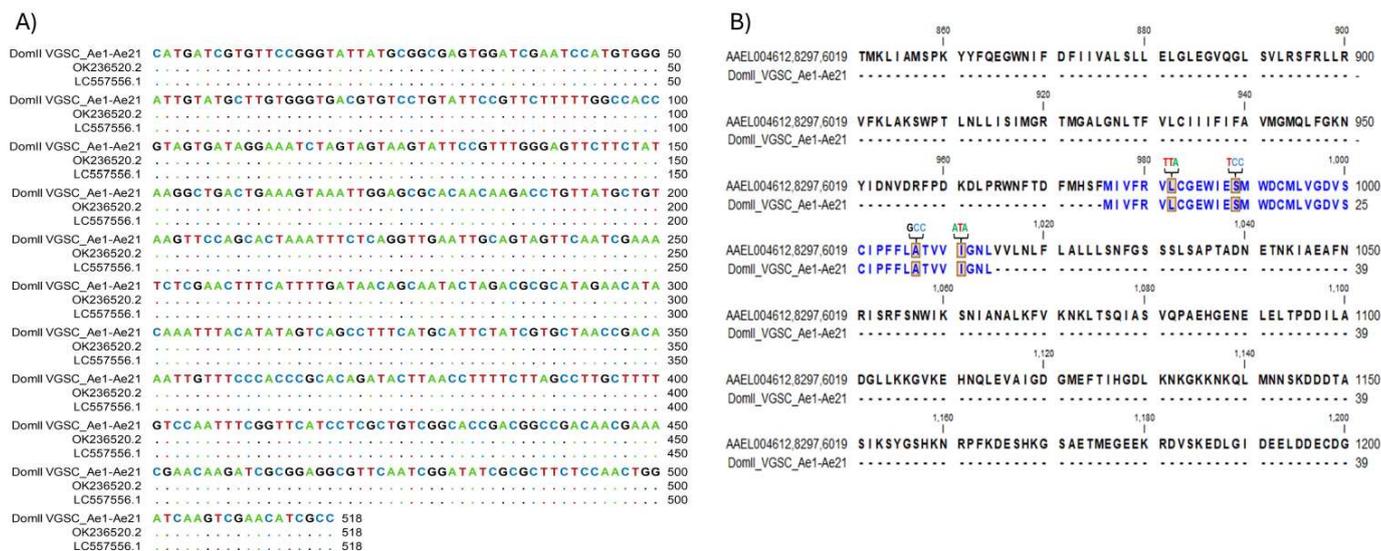


Figura 1. Secuencias nucleotídicas y aminoácidas del segmento 6 del Dominio II del VGSC de *A. aegypti* resistentes a piretroides.

A) Secuencias nucleotídicas. Se observa un 100% de identidad en el alineamiento de la secuencia consenso de 518 pb de las 21 secuencias obtenidas de las muestras Ae1-Ae21 comparadas con las secuencias de referencia con genotipo silvestre (GenBank: OK236520.2 y LC557556.1). B) Secuencias aminoácidas. Se puede observar que las posiciones 982, 989, 1007 y 1011 corresponden a los aminoácidos leucina (L), serina (S), alanina (A) e isoleucina (I), codificados por los codones TTA, TCC, GCC y ATA respectivamente, evidenciando un genotipo silvestre en todas las muestras evaluadas. El alineamiento fue realizado con la secuencia de aminoácidos predicha a partir de la secuencia nucleotídica consenso de las muestras Ae1-Ae21 y la secuencia de aminoácidos proveniente de la secuencia de referencia del genoma completo de la cepa Liverpool (cepa silvestre) (GenBank: CH477310.1), con los segmentos AAEL004612, AAEL008297 y AAEL006090 (Vector-Base). Alineamientos realizados con el programa CLC sequence viewer de QIAGEN.

Uno de estos mecanismos es la presencia de mutaciones *kdr* en el gen *VGSC*, las cuales se han relacionado con la resistencia a insecticidas piretroides como permetrina y deltametrina. Se ha descrito que las principales mutaciones relacionadas con el fenotipo resistente son la S989P, V1016G/I, F1534C, y recientemente la V410L (Tokponnon et al., 2024). Sin embargo, se han reportado otras mutaciones *kdr* que se asocian al fenotipo resistente en diversas partes del mundo, como las que se describen para el segmento 6 del dominio II del gen *VGSC* y que se analizaron en este estudio: L982W, A1007G e I1011M/V.

La genotipificación de dichas posiciones en *A. aegypti* capturados en Culiacán, Sinaloa, evidencia que la población analizada presenta un genotipo silvestre en todos los alelos evaluados, a pesar de tener un fenotipo resistente a insecticidas piretroides. En un estudio realizado en Arabia Saudita, se evidenció que al igual que en nuestra población, *A. aegypti* no presentó la mutación L982W (Mashlawi et al., 2022). Estos hallazgos discrepan de lo reportado en Vietnam, en donde obtuvieron una frecuencia alélica del 59.2% para el alelo mutado W982, encontrando una correlación positiva entre la susceptibilidad y la frecuencia de dicho alelo (Kawada et al., 2023).

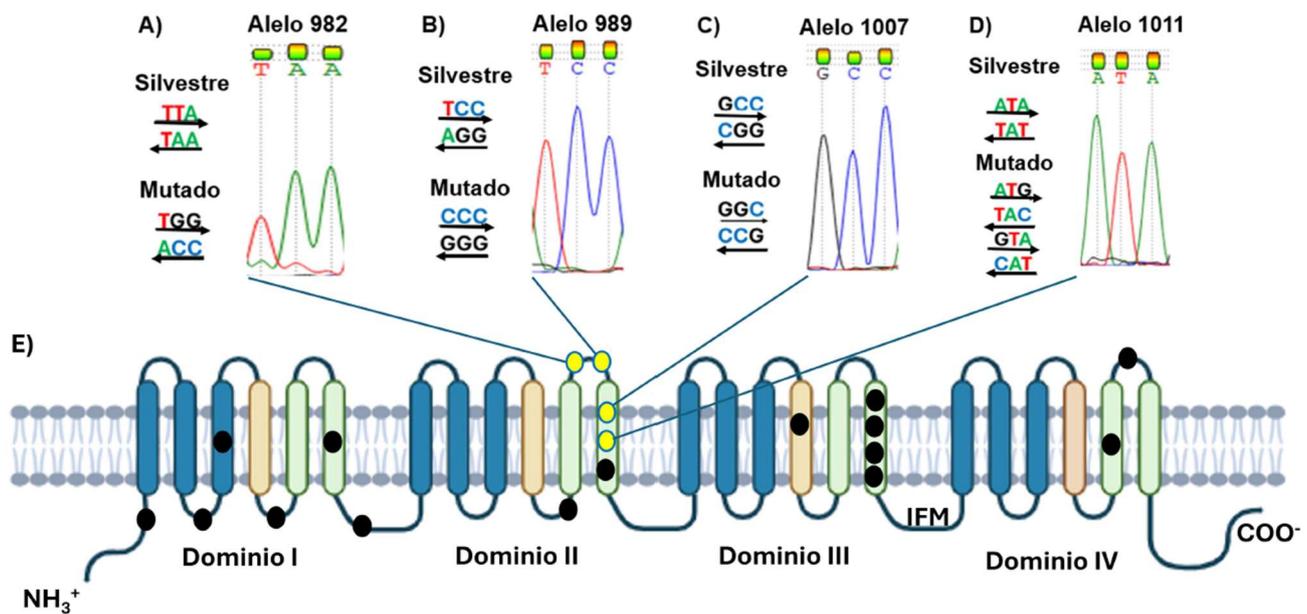


Figura 2. Genotipificación de mutaciones *kdrr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V y estructura del VGSC. Se muestra una imagen representativa de cada alelo analizado en los 21 electroferogramas obtenidos para las muestras Ae1-Ae21. Los electroferogramas de los alelos A) 982, B) 989, C) 1007 y D) 1011 mostraron que todas las secuencias correspondían al genotipo homocigoto silvestre, al evidenciar una sola señal en el electroferograma en las bases de interés. Electroferogramas analizados en el programa Unipro UGENE. E) Estructura del VGSC y posición de las mutaciones *kdrr*. El VGSC está conformado por cuatro dominios (I-IV) unidos entre sí de forma intracitoplasmática con un extremo amino y uno carboxilo terminal; cada uno de los dominios está compuesto por 6 segmentos transmembranales (S1-S6). Los segmentos S1, S2 y S3 (azul) presentan principalmente cargas negativas, mientras que el dominio S4 (amarillo) tiene función de sensor de voltaje gracias a los aminoácidos de carga positiva que posee, y los segmentos S5 y S6 (verde) forman el poro del canal. Entre el dominio III y IV está una secuencia aminoacídica llamada IFM que funge como puerta de inactivación que bloquea el poro del canal (Wakeling et al., 2012). Las mutaciones *kdrr* que se han reportado para *A. aegypti* se encuentran representadas con un círculo en cada segmento, los círculos de color amarillo son las posiciones de las mutaciones evaluadas en este estudio. Figura modificada de Saavedra-Rodríguez et al., 2018 adaptada en BioRender.

Diversos investigadores han evidenciado la presencia de la mutación S989P sola o en presencia de otras mutaciones como V1016G y F1534C en países como Malasia (Leong et al., 2019; Akhir et al., 2022), Nigeria (Fagbohun et al., 2022), Arabia Saudita (Mashlawi et al., 2022), Mauritania (Ould-Lemrabott et al., 2023), Irán (Enayati et al., 2024), entre otros, todos con distintas frecuencias de los alelos mutados. A diferencia de los estudios anteriores, en nuestra población se evidenció un genotipo silvestre para la mutación S989P en todos los ejemplares de *A. aegypti* evaluados, tal como lo reportado en Vietnam en 2018 (Nguyen et al., 2018).

La mutación A1007G ha sido reportada en países como Malasia donde se encontró en pequeñas proporciones de su población en combinación con las mutaciones S989P, V1016G y F1534C, y fue relacionada con la resistencia a insecticidas piretroides (Zuharah y Sufian, 2021 y Akhir et al., 2022); asimismo, ha sido reportada en Vietnam en combinación con la mutación P1558C (Nguyen et al., 2018). Por el contrario, en las muestras evaluadas en nuestro estudio, se encontró el genotipo silvestre para la posición 1007. En cuanto a la mutación I1011M/V ha

sido reportada en algunos países como México, en donde se encontraron frecuencias variadas, por ejemplo, 0.188 en la población de Huehuetán y 0.193 en Huixtla, ambas ubicadas en el estado de Chiapas (Saavedra-Rodríguez et al 2007). Sin embargo, en este estudio, no encontramos alelos mutados para la posición 1011, por lo que la población evaluada se mantiene silvestre para dicha mutación, lo que es similar a lo reportado en Vietnam, en donde no encuentran alelos mutados para dicha posición (Kawada et al, 2009).

Como hemos evidenciado en este estudio, nuestra población de *A. aegypti* mantiene un genotipo silvestre para las mutaciones *kdr* L982W, S989P, A1007G e I1011M/V, a pesar de presentar resistencia a los insecticidas piretroides permethrina y deltametrina, esto nos indica que seguramente la población vectorial presenta otras mutaciones asociadas con la resistencia que no han sido evaluadas en este estudio, como la V410L, V1016G/I y F1534C. Por ello, es pertinente, analizar los dominios I, III y IV del VGSC en futuras investigaciones para contribuir con estudios que ayuden a dilucidar los mecanismos implicados en el desarrollo de la resistencia en *A. aegypti* y así implementar mejores técnicas de control vectorial disminuir la epidemia de dengue a nivel mundial.

Los resultados del análisis de secuencias revelaron una dominancia completa del genotipo silvestre para las mutaciones L982W, S989P, A1007G y I1011M/V del gen *VGSC* en la población resistente a insecticidas piretroides de Culiacán, Sinaloa; demostrando que la presencia de estas mutaciones *kdr* no está asociada con la resistencia a insecticidas piretroides en los ejemplares de *A. aegypti* evaluados.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflictos de intereses que declarar.

REFERENCIAS

- Akhir M, Wajidi M, Lavoué S, Azzam G, Jaafar I, Awang N, Ishak I. 2022. Knockdown resistance (*kdr*) gene of *Aedes aegypti* in Malaysia with the Discovery of a novel regional specific point mutation A1007G. *Parasites & Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05192-z>
- Amelia-Yap Z. H., Chen C. D., Sofian-Azirun M. and Low, V. L. 2018. Pyrethroid resistance in the dengue vector *Aedes aegypti* in Southeast Asia: Present situation and prospects for management. *Parasites and Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-2899-0>
- Bhatt S, Gething PW, Brady OJ, Messina JP, Farlow AW, Moyes CL. 2013. The global distribution and burden of dengue. *Nature*. <https://doi.org/10.1590/0074-02760220210>
- Bradberry, S, Cage, S. A., Proudfoot, A. T., and Allister Vale, J. 2005. Poisoning due to pyrethroids (Review Article). *Toxicol Rev. National Poisons Information Service (Birmingham Centre)*. <https://doi.org/10.2165/00139709-200524020-00003>
- Brengues C, Hawkes NJ, Chandre F, McCarroll L, Duchon S, Guillet P, Manguin S, Morgan JC, Hemingway J. 2003. Pyrethroid and DDT crossresistance in *Aedes aegypti* is correlated with novel mutations in the voltage-gated sodium channel gene. *Medical and Veterinary Entomology*. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2915.2003.00412.x>
- Bonnet E, Fournet F, Ouedraogo S, Dabiré R, Ridde V. 2020. Impact of a community-based intervention on *Aedes aegypti* and its spatial distribution in Ouagadougou, Burkina Faso. *Infect Dis Poverty*. <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00675-6>
- Chen M, Du Y, Nomura Y, Zhorov B, Dong K. 2020. Chronology of sodium channel mutations associated with pyrethroid resistance in *Aedes aegypti*. *Arch Insect Biochem Physiol*. <https://doi.org/10.1002%2Farch.21686>
- Enayati A, Valadan R, Bagherzadeh M, et al. 2024. *Kdr* genotyping and the first report of V410L and V1016I *kdr* mutations in voltage-gated sodium channel gene in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Iran. *Parasites & Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06123-w>
- Fagbohun IK, Oyeniyi TA, Idowu ET, et al. 2022. Detection and Co-occurrence of *kdr* (F1534C and S989P) Mutations in Multiple Insecticide Resistant *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) in Nigeria. *Entomological Society of America*. <https://doi.org/10.1093/jme/tjac114>
- Holýńska-Iwan I, Szewczyk-Golec K. 2020. Pyrethroids: How They Affect Human and Animal Health? *Medicina (Kaunas)*. <https://doi.org/10.3390/medicina56110582>
- Ishak IH, Kamgang B, Ibrahim SS, Riveron JM, Irving H, Wondji CS. 2017. Pyrethroid Resistance in Malaysian Populations of Dengue Vector *Aedes aegypti* is Mediated by CYP9 Family of Cytochrome P450 Genes. *Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005302>

- Islami S, Hidayati APN, Wibowo H, Syafruddin D. 2018. The role of Voltage-Gated sodium channel (VGSC) gene mutations in the resistance of *Aedes aegypti* L. to pyrethroid permethrin in Palembang and Jakarta, Indonesia. *Preprints*. <https://doi.org/10.20944/preprints201803.0070.v1>
- Jacobs E, Chrissian C, Rankin-Turner S, Wear M, Camacho E, Broderick C. J, McMeniman C. J, Stark R. E, Casadevall A. 2023. Curricular profiling of insecticide resistant *Aedes aegypti*. *Scientific Reports*. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-36926-3>
- Kawada H, Higa Y, Komagata O, Kasai S, Tomita T, Thi Yen N, Loan LL, Sánchez RAP, Takagi M. 2009. Widespread Distribution of a Newly Found Point Mutation in Voltage-Gated Sodium Channel in Pyrethroid-Resistant *Aedes aegypti* Populations in Vietnam. *PLoS Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000527>
- Kawada H, Higa Y, Kasai S. 2023. Reconsideration of importance of the point mutation L982W in the voltage-sensitive sodium channel of the pyrethroid resistant *Aedes aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) in Vietnam. *PLoS ONE*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0285883>
- Leong CS, Vythilingam I, Liew JWK, Wong ML, Wan-Yusoff WS, Lau YL. 2019. Enzymatic and molecular characterization of insecticide resistance mechanisms in field populations of *Aedes aegypti* from Selangor, Malaysia. *Parasites and Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3472-1>
- López-Monroy, B., Gutierrez-Rodriguez, S. M., Villanueva-Segura, O. K., Ponce-Garcia, G., Morales-Forcada, F., Alvarez, L. C., & Flores, A. E. (2018). Frequency and intensity of pyrethroid resistance through the CDC bottle bioassay and their association with the frequency of *kdr* mutations in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Mexico. *Pest Management Science*. <https://doi.org/10.1002/ps.4916>
- Mashlawi AM, Al-Nazawi AM, Noureldin E. M, et al. 2022. Molecular analysis of knockdown resistance (*kdr*) mutations in the voltage-gated sodium channel gene of *Aedes aegypti* populations from Saudi Arabia. *Parasites and Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05525-y>
- Moyes C. L., Vontas J., Martins A. J., Ng L. C., Kouou S. Y., Dusfour, I, y Weetman, D. 2017. Contemporary status of insecticide resistance in the major *Aedes* vectors of arboviruses infecting humans. *PLoS Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005625>
- Naw H, Su M, Vō T, Lê, H, Kang, J, et al. 2020. Overall Prevalence and Distribution of Knockdown Resistance (*kdr*) Mutations in *Aedes aegypti* from Mandalay Region, Myanmar. *The Korean journal of parasitology*. <https://doi.org/10.3347/kjp.2020.58.6.709>
- Nguyen TKL, Nguyen THN, Nguyen TH, Nguyen HH, Nguyen THB. 2018. Two novel mutations in the voltage-gated sodium channel associated with knockdown resistance (*kdr*) in the dengue vector *Aedes aegypti* in Vietnam. *Journal of Vector Ecology*. <https://doi.org/10.1111/jvec.12298>
- Ould Lemrabott MA, Briolant S, Gomez N, Basco L, Ould Mohamed Salem Boukhary, A. 2023. First report of *kdr* mutations in the voltage-gated sodium channel gene in the arbovirus vector, *Aedes aegypti*, from Nouakchott, Mauritania. *Parasites and Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-06066-8>
- Pareja-Loaiza PX, Varon LS, Vega GR, Gómez-Camargo D, Maestre-Serrano R, Lenhart A. 2020. Mechanisms associated with pyrethroid resistance in populations of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from the Caribbean Coast of Colombia. *PLoS One*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228695>
- PLISA. (2024) Organización Panamericana de la Salud. Organización Mundial de la Salud. <https://www3.paho.org/data/index.php/es/temas/indicadores-dengue.html>
- Rasli R, Lee HL, Ahmad NW, Friki SFF, Ali R, Muhamed KA, Hadi AA, Liu Q, Meng FX. 2018. Susceptibility Status and Resistance Mechanisms in Permethrin-Selected, Laboratory Susceptible and Field-Collected *Aedes aegypti* from Malaysia. *Insects*. <http://dx.doi.org/10.3390/insects9020043>
- Rubio-Palis Y, Dzuris N, Sandi C, Rita Lucrecia Vizcaino-Cabarrus RL, Corredor-Medina C, González JA, Lenhart AE. 2023. Insecticide resistance levels and associated mechanisms in three *Aedes aegypti* populations from Venezuela. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. <https://doi.org/10.1590/0074-02760220210>
- Saavedra-Rodriguez K, Urdaneta-Marquez L, Rajatileka S, et al. 2007. A mutation in the voltage-gated sodium channel gene associated with pyrethroid resistance in Latin American *Aedes aegypti*. *Insect Molecular Biology*. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2583.2007.00774.x>
- Saavedra-Rodriguez K, Maloof FV, Campbell CL, Garcia-Rejon J, Lenhart A, Penilla P, Rodriguez A, Sandoval AA, Flores AE, Ponce G, Lozano S, Black WC 4th. Parallel evolution of *vgsc* mutations at domains IS6, IIS6 and IIS6 in pyrethroid resistant *Aedes aegypti* from Mexico. *Sci Rep*. 2018 Apr 30;8(1):6747. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-25222-0>
- Sene NM, Mavridis K, Ndiaye EH, et al. 2021. Insecticide resistance status and mechanisms in *Aedes aegypti* populations from Senegal. *Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009393>
- Silver, K., Du, Y., Nomura, Y., Oliveira, E., Salgado, V., Zhorov, B., Dong, K. (2014) Voltage-Gated Sodium Channels as Insecticide Targets. *Elsevier*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-417010-0.00005-7>
- Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE), Secretaria de Salud de México. 2024. Panorama Epidemiológico de Dengue 2024, Semana epidemiológica 49. Gobierno de México. <https://www.gob.mx/salud/documentos/panoramaepidemiologico-de-dengue-2024>
- Solis-Santoyo, F., Rodriguez, A. D., Penilla-Navarro, R. P., Sanchez, D., Castillo-Vera, A., Lopez-Solis, A. D., Vazquez-Lopez, E. D., Lozano, S., Black, W. C., & Saavedra-Rodriguez, K. (2021). Insecticide resistance in *Aedes aegypti* from Tapachula, Mexico: Spatial variation and response to historical insecticide use. *PLOS Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009746>
- Tokponnon TF, Ossè R, Zoukifilou SD, Amos G, Festus H, Idayath G, Sidick A, Messenger LA, Akogbeto M. 2024. Insecticide Resistance in *Aedes aegypti* Mosquitoes: Possible Detection of *kdr* F1534C, S989P, and V1016G Triple Mutation in Benin, West Africa. *Insects*. <https://doi.org/10.3390/insects15040295>
- Uemura N, Itokawa K, Komagata O, Kasai S. 2024. Recent advances in the study of knockdown resistance mutations in *Aedes* mosquitoes with a focus on several remarkable mutations. *Current Opinion in Insect Science*. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2024.101178>
- Sumitha MK, Kalimuthu M, Senthil MK, Paramasivan R, Kumar A, Gupta B. 2023. Status of insecticide resistance in the dengue vector *Aedes aegypti* in India: A review. *J Vector Borne Dis*. <https://doi.org/10.4103/0972-9062.361174>
- Wakeling, E., Neal, A., Atchison, W. 2012 Pyrethroids and Their Effects on Ion Channels. *IntechOpen*. <http://dx.doi.org/10.5772/50330>
- Wuliandari, J., Hoffmann, A., Tantowijoyo, W., Endersby-Harshman, N. 2020. Frequency of *kdr* mutations in the voltage-sensitive sodium channel (*Vssc*) gene in *Aedes aegypti* from Yogyakarta and implications for Wolbachia-infected mosquito trials. *Parasites & Vectors*. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04304-x>
- Zhou X, Yang C, Liu N, Li M, Tong, Y. 2019. Knockdown resistance (*kdr*) mutations within seventeen field populations of *Aedes albopictus* from Beijing China: first report of a novel V1016G mutation and evolutionary origins of *kdr* haplotypes. *Parasites Vectors* 12, 1-18. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3423-x>
- Zuharah WF, Sufian M. 2021. The discovery of a novel knockdown resistance (*kdr*) mutation A1007G on *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Malaysia. *Scientific Reports*. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84669-w>