



## CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE GERMOPLASMA ELITE DE FRIJOL PARA RESISTENCIA AL TIZÓN COMÚN

### PHENOTYPIC CHARACTERIZATION OF ELITE BEAN GERMOPLASM FOR RESISTANCE TO COMMON BLIGHT

Fátima Adriana Hernández-Cruz<sup>1</sup>, Serafín Cruz-Izquierdo<sup>1\*</sup>, Tarsicio Corona-Torres<sup>1</sup> y José Sergio Sandoval-Islas<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Colegio de Postgraduados (CP), Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. <sup>2</sup>CP, Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México.

\*Autor de correspondencia (seracruz@colpos.mx)

#### RESUMEN

El tizón común es una de las enfermedades más importantes en el cultivo de frijol (*Phaseolus vulgaris*) en México y a nivel mundial. Esta enfermedad es causada por las bacterias fitopatógenas *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* y *X. fuscans* subsp. *fuscans*. En el presente estudio se evaluaron 23 poblaciones de frijol (*Phaseolus* spp.) con diferente origen genético para conocer su respuesta a la enfermedad evaluando el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE) final de cada una. Se establecieron dos experimentos, en el primero se evaluó la resistencia a las cepas por separado en las variedades Flor de Mayo y Negro Bola; en el segundo experimento se realizó una mezcla de las cepas y se infiltraron en combinación en los 23 genotipos para analizar el ABCPE final. La severidad se evaluó seis veces cada cinco días en todos los ensayos realizados. Los resultados mostraron que la resistencia de la variedad Flor de Mayo a ambas cepas es más estable pero menor que la presentada por la variedad Negro Bola, y que el aislamiento de *X. fuscans* subsp. *fuscans*, sin importar el ambiente, fue estadísticamente más agresivo que el de *X. axonopodis* pv. *phaseoli*; así mismo, se determinó que el genotipo Mixteco-1 fue el que tuvo una mayor ABCPE, mientras que los genotipos Ejotero (*Phaseolus vulgaris* L.), Tepari (*Phaseolus acutifolius* A. Gray) y Ayocote morado (*Phaseolus coccineus* L.) mostraron las menores ABCPE. Conjuntamente se encontraron variaciones de los genotipos dentro y entre los ambientes. Debido a que estos genotipos son de diferente origen genético, se propone piramidar los genes de resistencia que poseen, al planear hibridación en programas de mejoramiento genético y lograr una resistencia horizontal duradera.

**Palabras clave:** *Phaseolus vulgaris*, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*, resistencia, severidad, tizón común del frijol.

#### SUMMARY

Common blight is one of the most important diseases in bean crop (*Phaseolus vulgaris*) in Mexico and worldwide. This disease is caused by the phytopathogenic bacteria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans*. In this study 23 bean (*Phaseolus* spp.) populations with different genetic origin were evaluated to know their response to the disease by evaluating the final area under the disease progress curve (AUDPC) of each one. Two experiments were established, in the first one, resistance to the strains was evaluated separately in the varieties Flor de Mayo and Negro Bola. In the second experiment the strains were mixed and infiltrated in combination into the 23 genotypes to analyze the final AUDPC. The severity

was evaluated six times every five days in all the trials carried out. Results showed that the resistance of the Flor de Mayo variety to both strains is more stable but lower than that of Negro Bola variety and that the isolated of *X. fuscans* subsp. *fuscans*, regardless of the environment, was statistically more aggressive than that of *X. axonopodis* pv. *phaseoli*; likewise, it was determined that the genotype Mixteco-1 had the highest AUDPC, while the genotypes Ejotero (*Phaseolus vulgaris* L.), Tepari (*Phaseolus acutifolius* A. Gray) and Ayocote morado (*Phaseolus coccineus* L.) showed the lowest AUDPC. Jointly, variations of genotypes were found within and between environments. Because these genotypes are of different genetic origin, it is proposed to pyramid the resistance genes they possess, by planning hybridization in breeding programs and achieving long-lasting horizontal resistance.

**Index words:** *Phaseolus vulgaris*, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*, common bean blight, disease resistance, severity.

#### INTRODUCCIÓN

En México, entre los fitopatógenos que afectan el cultivo de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), destacan *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* y *X. fuscans* subsp. *fuscans*, causantes del tizón común (Cruz *et al.*, 2004). Esta enfermedad se distribuye en la mayoría de las regiones donde se cultiva frijol común, excepto en las zonas áridas de los trópicos (Baker *et al.*, 2014) y se ubica dentro de las cuatro enfermedades más importantes del cultivo (Navarrete y Acosta, 2000), principalmente en las áreas productoras del altiplano central de México (Francisco *et al.*, 2013; Navarrete y Acosta, 2000).

Se ha realizado investigación y detectado genotipos resistentes de frijol y cepas de los fitopatógenos causantes del tizón común. Opio *et al.* (1996) mencionaron haber encontrado una considerable diversidad dentro de las poblaciones de *X. campestris* pv. *phaseoli* muestreadas en África oriental, observaron variaciones cuantitativas en la resistencia y no detectaron especificidad de hospedero al interactuar el patógeno con genotipos de *Phaseolus*

*vulgaris*, *P. coccineus* (Ayocote morado) y *P. acutifolius*. Mkandawire et al. (2004) mencionaron que los genotipos de patógenos asociados con un conjunto de genes de resistencia en particular tienden a ser más patogénicos en los hospederos de ese conjunto de genes que en los que provienen de otro origen genético. Mutlu et al. (2008) realizaron un estudio amplio relacionado con el número de cepas de *X. campestris* pv. *phaseoli* de diferentes orígenes, y distintos genotipos de frijol que representan fuentes conocidas de resistencia al tizón común a nivel internacional, en ese estudio se observó la presencia de patogenicidad diferencial evidente entre las variedades evaluadas de distintos países con respecto a los diversos aislamientos de *X. axonopodis* pv. *phaseoli* y *X. fuscans* subsp. *fuscans* de diferentes zonas geográficas; sin embargo, el avance de la enfermedad se encuentra estrechamente relacionado no sólo con el tipo de fitopatógeno, sino que también influye la susceptibilidad de la variedad y las condiciones ambientales de la zona (Araya y Hernández, 2006).

La variación patogénica de *Xanthomonas* spp. ha sido un motivo por el que se dificulta el desarrollo de genotipos resistentes de amplia adaptación (Navarrete y Acosta, 2000); por ello, hasta el momento en México no se han obtenido genotipos con resistencia completa, inespecífica u horizontal, mostrando esencialmente sólo resistencia vertical a las cepas locales (Acosta-Gallegos et al., 2013; Cruz et al., 2004); por ello, Arce-Espino et al. (2016) señalaron que la resistencia a enfermedades, en especial al tizón común, puede ser tratada como un carácter cuantitativo y que para el mejoramiento de este carácter es factible acumular altos niveles de resistencia cuantitativa u horizontal en un tiempo relativamente corto. Con base en lo anterior, los objetivos de este estudio fueron describir la variación observada de la resistencia genética de dos variedades de frijol a cepas de *X. axonopodis* pv. *phaseoli* y *X. fuscans* subsp. *fuscans*, y con ello analizar la interacción genotipo-patógeno presente, así como caracterizar y determinar la resistencia al tizón común causada por la mezcla de ambos fitopatógenos en 23 genotipos de frijol de diferente origen genético.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Para alcanzar los objetivos planteados en esta investigación se realizaron dos experimentos, en el primero, en dos ensayos, se determinó la reacción a la inoculación de dos cepas causantes de tizón común en dos variedades de frijol Flor de Mayo M38 (tolerante) (Acosta-Gallegos et al., 1995) y Negro Bola (susceptible), que son comúnmente producidos y consumidos en México; el segundo experimento consistió de tres ensayos, en los que se caracterizó la reacción a la inoculación con la

mezcla de dos cepas de *Xap* en un grupo de 23 genotipos de frijol de diferentes orígenes genéticos.

### Sitio y periodo experimental

El presente estudio fue realizado en condiciones de invernadero en el Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Edo. de México, México, durante los periodos de otoño 2020 e invierno 2020-2021.

### Germoplasma evaluado y manejo agronómico

El germoplasma evaluado fue de diferente origen genético (Cuadro 1), compuesto por diferentes genotipos: progenitores, criollos y poblaciones originales que pertenecen a distintas regiones de la región Mixteca Poblana; así mismo, las variedades comerciales Flor de Mayo M38 y Negro Bola, que comúnmente son consumidas en la región centro-norte del país, y finalmente, germoplasma élite, que son genotipos derivados del Programa de Resistencia Horizontal en Frijol PREGEP-Genética, del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, México.

Las semillas se desinfectaron con hipoclorito de sodio 6 % por 3 min, se lavaron con agua destilada estéril y se colocaron en cámaras húmedas dentro de cajas petri; posteriormente, a los 10 días, se trasplantaron en vasos de unilic de 1 L de capacidad bajo condiciones de invernadero. Como sustrato se usó peat moss (Kekkilä®, Vantaa, Finlandia), tezontle y tierra de monte en una relación de 1:2:1 (p/p/p), se monitoreó la humedad relativa (entre 70 y 85 %) y temperatura (entre 20 y 30 °C). Los riegos se suministraron cada tercer día. Para el primer experimento sólo se utilizaron las variedades Flor de Mayo M38 y Negro Bola. En el segundo experimento se evaluaron los 23 genotipos (Cuadro 1). En el primer experimento como testigo se utilizaron las mismas variedades (Flor de Mayo M38 y Negro Bola) en las cuales se inoculó sólo agua destilada estéril. En el segundo experimento se utilizaron las variedades Flor de Mayo y Negro Bola, como testigos por su resistencia alta-intermedia o susceptibilidad, reportada por varios autores.

### Inoculación

El inóculo se preparó utilizando dos cepas de fitopatógenos causantes de tizón común, *X. fuscans* subsp. *fuscans* (Xff) y *X. axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), que presentan diferente grado de patogenicidad, las cuales fueron aisladas de frijol infectado en dos localidades de México (Cuadro 2). Los aislamientos se cultivaron por separado en medio agar nutritivo (AN), se incubaron a 28 °C durante 48 h y utilizando agua destilada estéril, se

**Cuadro 1. Genotipos de *Phaseolus* evaluados por su respuesta al tizón común.**

No.	Genotipo	Origen
1	Negro Puebla	VCO
12	Tetela B2	VCR
15	Negro Puebla B3	VCO
20	Ixcaquixtla B4	VCR
31	V5	VCO
43	Huaquechula B-3	VCR
49	PO-4	PO
59	Minimi Calera Zacatecas	VCO
60	PO-54 B4	PO
62	P-7-31	PR
77	Peruano	VCO
78	Flor de Mayo	VCO
79	Negro Bola Zacatecas	VCO
80	Ayocote morado <sup>†</sup>	VCO
84	Ejotero	VCO
85	Pinto Villa	VCO
86	Flor de Mayo M38	VCO
88	<i>Phaseolus acutifolius</i>	PO
89	Pinto Villa CP-2020	VCO
90	192-A	PRHF
91	192-B	PRHF
93	Mixteco-1	PRHF
94	Mixteco-2	PRHF

No: número de identificación del genotipo, VCR: variedad criolla, VCO: variedad comercial, PO: población original, PR: progenitor, PRHF: germoplasma élite derivado del Programa de Resistencia Horizontal en Frijol del PREGEP-Genética, Colegio de Postgraduados, <sup>†</sup>Pertenece a la especie *Phaseolus coccineus*.

preparó por separado una suspensión acuosa con una concentración de  $10^9$  UFC mL<sup>-1</sup> (escala de McFarland) de cada cepa bacteriana. Mediante infiltración con una jeringa estéril se inocularon 200 µL de suspensión acuosa en el envés de cada uno de los folíolos pertenecientes a una hoja por planta en la parte media del follaje. Este proceso se realizó de la misma forma en los dos experimentos. Para el primer experimento se inocularon las cepas bacterianas por separado, en el primer ambiente, la inoculación se realizó 40 días después de la germinación, mientras que en el segundo ambiente se inoculó a los 50 días después de la germinación.

La evaluación de genotipos de frijol inoculados con el patógeno, se condujo en invernadero a una temperatura media diaria que fluctuó de 25.7 a 31.5 °C, para lo cual se usaron calentadores eléctricos de las 22:00 h a las 5:00 h de la mañana siguiente. Este intervalo de temperatura se considera favorable para el desarrollo del patógeno. La humedad relativa se mantuvo arriba de 80 % mediante aspersión de agua al suelo durante el día y con humidificadores eléctricos durante la noche; el nivel de humedad en el ambiente se monitoreó con un psicrómetro tipo Assman. Estas condiciones ambientales fueron proporcionadas desde el momento de inoculación hasta la muerte o madurez fisiológica del órgano evaluado. La duración total a partir de la inoculación, hasta la última lectura, fue de 42 días.

Para el segundo experimento se elaboró una mezcla 1:1 de las cepas bacterianas en suspensión. En el primer y segundo ambiente la inoculación se realizó a los 40 días después de la germinación, mientras que en el tercer ambiente se inoculó a los 50 días después de la germinación. La distribución de tratamientos fue bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones por ambiente.

#### Evaluación de la severidad

Se realizaron seis evaluaciones de la severidad, una cada cinco días, después de que aparecieron los primeros síntomas, en algunas variedades éstos se observaron a los cinco días después de la inoculación. Se utilizó una escala visual modificada (Cuadro 3) de acuerdo con la propuesta del CIAT (1991), con base en el daño expresado por unidad experimental útil, la cual consistió en los tres folíolos pertenecientes a una hoja de la parte media para cada planta inoculada.

Con los datos de severidad obtenidos, se realizó el cálculo del área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE) mediante la siguiente expresión:

$$ABCPE = \sum_{i=1}^{N-1} \left( \frac{Y_i + Y_{i+1}}{2} \right) (t_{i+1} + t_i)$$

Donde: Y es la intensidad de la enfermedad con base en la escala (Cuadro 3) y t es el periodo de evaluación después de la inoculación (Campbell y Madden, 1990).

A partir de dicha información se generaron los parámetros cuantitativos de la enfermedad para el ABCPE total de cada variedad, que fue utilizada en el análisis estadístico de los datos.

### Análisis de datos

Los datos fueron sometidos a análisis de varianza donde se examinó el efecto de las inoculaciones en los genotipos entre y dentro de cada ambiente. Los valores obtenidos de ABCPE para comparar ambientes fueron ajustados con respecto al testigo correspondiente y se realizó transformación de los datos utilizando la función log natural  $[\ln(x)]$ , debido a que los datos no se ajustaban al cumplimiento de los supuestos estadísticos para su análisis. La información presentada en los cuadros corresponde a los datos originales. La prueba de comparación múltiple de medias (Tukey,  $P \leq 0.05$ ) se realizó para las variables que resultaron con diferencias estadísticas significativas en el análisis de varianza. La información se analizó mediante el paquete de análisis estadístico RStudio v.1.2.1335 (R Core Team, 2018).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza para los dos experimentos indicó que las diferencias en la reacción de los genotipos de frijol a la inoculación con las cepas fitopatógenas, por separado y en mezcla, fueron diferentes y estadísticamente significativas dentro y entre los ambientes; así mismo, el análisis reveló que la interacción variedades  $\times$  tratamientos fue estadísticamente significativa ( $P \leq 0.05$ ) (Cuadros 4 y 5).

### Experimento I

En el primer experimento (Cuadro 6), el aislamiento de *Xff* fue estadísticamente mayor en ABCPE (valor de 120.3) que el de *Xap*. Kaltz y Shykoff (1998) mencionaron que la adaptación local de un patógeno no es universal y que las tasas de evolución no difieren porque los tiempos de generación o las tasas de recombinación son similares, los patógenos no tienen ninguna ventaja evolutiva sobre sus hospederos, lo que concuerda con lo observado en este experimento, donde no existió algún tipo de ventaja ambiental para ninguna cepa, por lo que la cepa de *Xff* mostró más virulencia que la de *Xap*. Con similar comportamiento, la variedad Flor de Mayo mostró una mayor ABCPE total que Negro Bola, por lo que Flor de Mayo expresó susceptibilidad a ambos patógenos (Cuadro 6).

Las mayores pérdidas causadas por el tizón común, sin importar si el causante es *Xff* o *Xap*, ocurren a temperaturas de 27 a 28 °C, humedad relativa alta (mayor de 80 %) y lluvias frecuentes (Fourie, 2002, Prudencio-Sains *et al.*, 2008), las cuales son semejantes a las presentadas en los trabajos de Navarrete *et al.* (2008) y Acosta-Gallegos *et al.* (2013); no obstante, en el presente experimento, para el ciclo otoño 2020, las condiciones en el invernadero fueron de temperaturas promedio de 20 °C y humedad relativa de 40 %, mientras que en el ciclo invierno 2020-2021

**Cuadro 2. Localización y fecha de aislamiento de dos cepas de *Xanthomonas* spp. utilizadas para evaluar la reacción a las mismas de un grupo de genotipos de frijol.**

Cepa	Localización	Fecha de aislamiento	Especie
<i>Xff</i>	Montecillo Texcoco, Edo. Méx.	19°28'3.926" N 98° 53' 49.996" O	Agosto 2019
<i>Xap</i>	Tlayacapan, Morelos	18°56'45.946" N 98° 58' 25.046" O	Septiembre 2019

**Cuadro 3. Escala visual del CIAT modificada para evaluar la severidad del tizón común en foliolos de frijol.**

Nivel	Descripción
1	Sin síntomas visibles de la enfermedad.
3	Aproximadamente 2 % del área foliar cubierta por lesiones, el halo clorótico aún no es visible.
5	Aproximadamente 5 % del área foliar cubierta por las lesiones que comienzan a unirse rodeadas por halos amarillos pequeños que resultan en síntomas leves.
7	Aproximadamente el 10 % del área foliar cubierta por lesiones medianas y grandes, acompañadas por halos amarillos y necrosis.
9	Más del 25 % del área foliar cubierta por lesiones grandes, generalmente necróticas, que se unen unas con otras y pueden ocasionar la defoliación de la planta.

Fuente: CIAT (1991).

**Cuadro 4. Cuadros medios del análisis de varianza para el ABCPE causado por las cepas de *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* y *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* en el experimento I.**

Evaluación	FV	GL	ABCPE
Ambiente 1	Trat	2	19,330 ***
	Gen	1	1873 ***
	Trat × Gen	2	756 ***
	Error	18	43
	CV (%)		8.4
Ambiente 2	Bacteria	2	41,794 ***
	Genotipo	1	150 ***
	Trat × Gen	2	1215 ***
	Error	24	5
	CV (%)		2.2

FV: fuentes de variación, GL: grados de libertad, ABCPE: área bajo la curva de progreso de la enfermedad, Trat: tratamientos, Gen: genotipos, Trat × Gen: interacción de los aislamientos bacterianos con los genotipos, \*: P ≤ 0.05, \*\*: P ≤ 0.01, \*\*\* = P ≤ 0.001.

las condiciones climáticas promedio fueron de 26 °C de temperatura y 62 % de humedad relativa, lo que indica que el ambiente tiene un efecto importante en el desarrollo e infección del fitopatógeno. Navarrete *et al.* (2008) mencionaron que las variedades Flor de Mayo Sol, Negro 8025 y Flor de Mayo Bajío son consideradas susceptibles a tizón común con base en la reacción que presentan en el follaje en condiciones de campo, y en este experimento (Cuadro 7), a pesar de que las condiciones climáticas no fueron iguales, los resultados fueron semejantes a los descritos por dichos autores. De la misma manera, Negro Bola es considerado con resistencia intermedia a la enfermedad ante variedades de Flor de Mayo evaluadas.

En el caso de la interacción, *Xff* × Flor de Mayo se mantuvo con la mayor ABCPE en ambos ambientes, corroborando lo descrito por Navarrete *et al.* (2008), que mencionaron la susceptibilidad de esta variedad a los patógenos causantes, mientras que Negro Bola presentó una respuesta variable en los dos ambientes para ambas cepas, en especial para *Xff* (Cuadro 8).

**Cuadro 5. Cuadros medios del análisis de varianza para el ABCPE dentro de los diferentes ambientes del experimento II.**

FV	Ambiente 1		Ambiente 2		Ambiente 3	
	GL	ABCPE	GL	ABCPE	GL	ABCPE
Trat	1	168854 ***	1	308,489 ***	1	313,920 ***
Gen	20	217 ***	22	711 ***	22	397 ***
Trat × Gen	20	229 ***	22	711 ***	22	430 ***
Error	119	61	136	35	127	34
CV (%)		14.2		8.9		8.9

FV: fuentes de variación, GL: grados de libertad, ABCPE: área bajo la curva del progreso de la enfermedad, Trat: tratamientos, Gen: genotipos, Trat × Gen: interacción tratamientos por genotipos, CV: coeficiente de variación, \*: P ≤ 0.05, \*\*: P ≤ 0.01, \*\*\*: P ≤ 0.001 .

**Cuadro 6. Comparación de las ABCPE totales entre ambientes y tratamientos de las evaluaciones 1 y 2 del experimento I.**

Evaluación	Tratamiento	ABCPE
Ambiente 1	<i>Xff</i>	120.3 a
	<i>Xap</i>	89.0 b
	Testigo	24.0 c
Ambiente 2	<i>Xff</i>	138.3 a
	<i>Xap</i>	135.6 b
	Testigo	25.0 c

ABCPE: área bajo la curva de progreso de la enfermedad, *Xff*: *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*, *Xap*: *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. Valores con las mismas letras son estadísticamente iguales (Tukey, P ≤ 0.05). Testigo: ponderación de la respuesta de ambas variedades inoculadas solamente con agua destilada estéril.

**Cuadro 7. Comparación de las ABCPE total, entre los genotipos de las evaluaciones 1 y 2 del experimento I.**

Evaluación	Genotipo	ABCPE
Ambiente 1	Flor de Mayo	86.7 a
	Negro Bola Zacatecas	68.9 b
Ambiente 2	Flor de Mayo	101.8 a
	Negro Bola Zacatecas	97.4 b

ABCPE: área bajo la curva de progreso de la enfermedad. Medias con las mismas letras son estadísticamente iguales (Tukey, P ≤ 0.05).

**Cuadro 8. Comparación de las medias del ABCPE totales entre las interacciones Tratamiento-Genotipo en los dos ambientes del experimento I.**

Ambiente 1			Ambiente 2		
Trat	Gen	ABCPE	Trat	Gen	ABCPE
Xff	Flor	127.6 a	Xff	Flor	152.5 a
Xff	Negro	113.1 a b	Xap	Negro	143.1 b
Xap	Flor	108.2 b	Xap	Flor	128.1 c
Xap	Negro	69.7 c	Xff	Negro	124.1 c
Testigo	Negro	24.0 d	Testigo	Negro	25.0 d
Testigo	Flor	24.0 d	Testigo	Flor	25.0 d

Trat: tratamientos, Gen: genotipo, ABCPE: área bajo la curva de progreso de la enfermedad, Xff: *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*, Xap: *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, Negro: variedad Negro Bola, Flor: variedad Flor de Mayo. Valores con la misma letra en las columnas son estadísticamente iguales (Tukey,  $P \leq 0.05$ ).

### Experimento II

En los experimentos realizados por Navarrete y Acosta (2000) se utilizó la mezcla de distintos genotipos bacterianos con diferente patogenicidad causantes del tizón común para la evaluación de variedades y la diferencia en patogenicidad de los aislamientos, por lo cual en el presente estudio se evaluó la mezcla de las suspensiones acuosas buscando disminuir los mecanismos de defensa de las variedades y el posible acoplamiento hospedero-patógeno; sin embargo, en las observaciones se presentó una resistencia media general para la mayoría de las variedades; no obstante, destacaron en el ambiente 1 con una menor ABCPE el genotipo Ejotero, en el ambiente 2 *P. acutifolius* y en el ambiente 3 nuevamente *P. acutifolius* y Ejotero, los cuales mostraron una mayor resistencia a la mezcla de los aislamientos bacterianos. Por otro lado, en el ambiente 1 PO-4, en el ambiente 2 Mixteco-1 y Negro Puebla y en el ambiente 3 PO-54 B4, PO-4, Negro Bola y 192-A presentaron una mayor ABCPE, y por consiguiente, menor resistencia a ambas cepas en comparación con las previamente descritas (Cuadro 9).

Durante este experimento el genotipo Flor de Mayo presentó una resistencia intermedia (Cuadro 7). Robinson (1987) mencionó que el proceso de activación de mecanismos de resistencia en el hospedero y de patogenicidad en el fitopatógeno ocurre cuando éstos han coevolucionado en un mismo ambiente, y para que pueda presentarse la reacción de compatibilidad, el patógeno necesita tener los genes que le permitan vencer la resistencia del hospedante e inducir el acoplamiento; por consiguiente, si hospedero y patógeno no han coevolucionado juntos, es posible que este acoplamiento no se presente, por lo que las variedades que presentan menor ABCPE pudieran tener diferentes factores de resistencia en comparación con las variedades locales de las regiones originarias de las cepas, y por lo tanto, pueden

ser útiles como fuentes de resistencia en programas de mejoramiento genético de las zonas en cuestión.

Las ABCPE totales de los ensayos 2 y 3 no presentaron diferencias estadísticamente significativas, lo que muestra que en este caso no existió una respuesta de resistencia relacionada con la edad visible en plantas con 10 días de diferencia. También se observó que en estos ambientes la media de ABCPE fue mayor que la media obtenida en el ensayo 1. Por otra parte, aunque las plantas del ambiente 1 y 2 eran de la misma edad, se observa que existe un efecto del ambiente en el carácter evaluado (Cuadro 10).

Arce-Espino *et al.* (2016) mencionaron que al realizar mejoramiento genético por resistencia horizontal en frijol es posible acumular niveles de resistencia altos, aunque los padres sean susceptibles, siendo un proceso común en muchas variedades comerciales que se han mejorado a lo largo de varios ciclos de exposición a los patógenos. Se ha demostrado que *P. acutifolius* y *P. coccineus* L., parientes cercanos del frijol común, poseen resistencia oligogénica para *X. c.* pv. *phaseoli*, por lo que algunos genes de estas especies han sido transferidos al frijol común para mejorar su estabilidad frente a los patógenos causantes de la enfermedad (Cruz *et al.*, 2004; Opio *et al.*, 1996), lo que explicaría por qué las variedades que en el presente experimento presentan las ABCPE más bajas son de origen comercial, como es el caso del frijol Ejotero, que presenta el ABCPE más baja en dos ambientes, sin superar lo observado en las plantas inoculadas con agua destilada estéril (Cuadro 11).

En la Figura 1 se muestra la interacción de las variedades en los tres ambientes de evaluación. Se observa que existen variaciones en las ABCPE totales, ocasionados por el efecto del ambiente en el fenotipo observado debido a que estas condiciones ambientales pueden modificar la acción de los genes de resistencia (Arnaud-Santana *et*

**Cuadro 9. Comparación de medias del ABCPE de genotipos en cada ambiente durante los ciclos otoño 2020 e invierno 2021.**

No.	Genotipo	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3
1	Negro Puebla	64.8 ab	80.3 ab	68.9 abcde
12	Tetela B2	50.5 abc	66.1 def	52.4 fg
15	Negro Puebla B3	55.8 abc	71.1 abcde	74.8 abc
20	Ixcaquixtla B4	53.8 abc	59.0 efg	58.9 efg
31	V5	49.5 bc	63.3 def	59.0 efg
43	Huaquechula B-3	49.6 bc	69.3 bcdef	63.1 cdef
49	PO-4	66.0 a	68.2 bcdef	77.5 a
59	Minimi Calera Zacatecas	50.6 abc	65.7 def	60.5 def
60	PO-54 B4	55.7 abc	66.8 cdef	77.0 a
62	P-7-31	52.9 abc	66.1 def	64.5 bcdef
77	Peruano	61.1 abc	64.8 def	61.7 cdefg
78	Flor de Mayo	55.0 abc	68.9 bcdef	70.5 abcde
79	Negro Bola Zacatecas	54.5 abc	72.3 abcd	75.5 ab
80	Ayocote morado	52.8 abc	50.0 gh	59.5 efg
84	Ejotero	46.6 c	47.6 gh	48.2 g
85	Pinto Villa	55.5 abc	66.0 def	60.8 defg
86	Flor de Mayo M38	58.3 abc	69.3 bcdef	69.1 abcde
88	Phaseolus acutifolius	53.5 abc	40.3 h	48.1 g
89	Pinto Villa CP-2020	56.1 abc	58.6 fg	64.0 bcdef
90	192-A	59.1 abc	78.5 abc	75.5 ab
91	192-B	52.3 abc	69.0 bcdef	65.9 abcde
93	Mixteco-1	-	81.9 a	72.3 abcd
94	Mixteco-2	-	71.3 abcde	63.0 cdef
	PAmb	54.9	65.8	64.8
	ABCPEMax	66.0	81.9	77.0
	ABCPEMin	46.6	40.3	48.1

No: número de identificación del genotipo, ABCPE: área bajo la curva del progreso de la enfermedad, PAmb: promedio por ambiente, ABCPEMax: ABCPE máxima promedio en cada ambiente, ABCPEMin: ABCPE mínima promedio en cada ambiente. Valores con las mismas letras en las columnas son estadísticamente iguales (Tukey,  $P \leq 0.05$ ). Nota: Negro Bola Zacatecas y Flor de Mayo M38 fueron los testigos en este análisis.

**Cuadro 10. Comparación de medias del ABCPE por ambiente durante los ciclos otoño 2020 e invierno 2021.**

Ambiente	ABCPE
3	85.3 a
2	82.3 a
1	64.8 b

ABCPE: área bajo la curva de progreso de la enfermedad. Valores con las mismas letras son estadísticamente iguales (Tukey,  $P \leq 0.05$ ).

*al.*, 1994; Navarrete y Acosta, 2000); sin embargo, Kaltz y Shykoff (1998) mencionaron que ciertos ambientes pueden favorecer las estrategias de defensa de los hospederos. La ausencia de una interacción estable en los ambientes evaluados indica la naturaleza horizontal o poligénica de este tipo de resistencia (Cruz *et al.*, 2004).

Este análisis es útil en los programas de mejoramiento genético para enfermedades, debido a que la resistencia monogénica a patógenos altamente especializados puede ser muy eficaz cuando se desarrolla por primera vez, pero generalmente es específica de la raza y no duradera, especialmente cuando se caracteriza por reacciones hipersensibles del hospedero. En cambio, la resistencia

**Cuadro 11. Comparación del ABCPE total de cada variedad en los tres ambientes durante los ciclos otoño 2020 e invierno 2021.**

No	Genotipo	ABCPE
93	Mixteco-1	104.2 a
90	192-A	98.0 ab
1	Negro Puebla	97.9 ab
49	PO-4	91.8 abc
94	Mixteco-2	91.0 abcd
60	PO-54 B4	88.4 abcde
78	Flor de Mayo	84.8 abcdef
15	Negro Puebla B3	85.2 abcdef
79	Negro Bola	85.6 abcdef
77	Peruano	83.6 abcdefg
86	Flor de Mayo M38	81.8 bcdefg
62	P-7-31	77.0 cdefgh
12	Tetela B2	75.5 cdefgh
91	192-B	75.5 cdefgh
89	Pinto Villa CP-2020	73.3 cdefgh
85	Pinto Villa	72.2 defghi
43	Huaquechula B-3	72.1 efghi
20	Ixcaquixtla B4	68.0 fghi
59	Minimi Calera Zacatecas	68.5 ghi
31	V5	65.2 hi
80	Ayocote morado	58.9 ij
84	Ejotero	50.2 j
88	<i>Phaseolus acutifolius</i>	48.6 j

No: número de identificación del genotipo, ABCPE: área bajo la curva del progreso de la enfermedad. Valores con las mismas letras son estadísticamente iguales (Tukey,  $P \leq 0.05$ ).

parcial condicionada por varios o muchos genes con efectos aditivos suele ser más duradera, sobre todo cuando implica cambios morfológicos o de desarrollo en la planta, y aunque se presentan excepciones a la regla de resistencia monogénica no duradera y resistencia poligénica duradera, se ha observado en la mayoría de los casos (Navarrete y Acosta, 2000; Stuthman *et al.*, 2007).

Con base en los resultados obtenidos los posibles genes de resistencia de los genotipos evaluados que presentaron una ABCPE mayor y más consistente en ambientes podrían ser piramidados mediante hibridación utilizando estos genotipos como progenitores para lograr una resistencia

más duradera y así reducir la dependencia a plaguicidas en sistemas de producción de alto insumo, evitar el riesgo de pérdida de rendimiento por plagas en sistemas de bajo insumo, así como permitir una producción de frijol más estable en ambientes diversos (Miklas *et al.*, 2006).

## CONCLUSIONES

La resistencia de la variedad Flor de Mayo a las cepas *Xap* y *Xff* por separado es más estable pero menor que la presentada por la variedad Negro Bola. La resistencia al tizón común causado por la mezcla de *Xanthomonas axonopodis* pv *phaseoli* y *X. fuscans* subsp. *fuscans* y de acuerdo con la comparación del ABCPE total ponderada de los tres ambientes, Mixteco-1, 192-A y Negro Puebla presentaron una ABCPE alta, y Ejotero (*Phaseolus vulgaris* L.), Tepari (*Phaseolus acutifolius*) y Ayocote morado (*Phaseolus coccineus* L.) mostraron las menores ABCPE en los tres ambientes.

## AGRADECIMIENTOS

Fátima Adriana Hernández-Cruz agradece al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías por la beca otorgada para realizar sus estudios de Maestría.

## BIBLIOGRAFÍA

- Acosta-Gallegos J. A., J. Z. Castellanos, S. Nuñez-González, R. Ochoa-Márquez, R. Rosales-Serna and S. P. Singh (1995) Registration of 'Flor de Mayo M38' common bean. *Crop Science* 35:941-942, <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500030061x>
- Acosta-Gallegos J. A., F. J. Ibarra-Pérez, R. Navarrete-Maya, B. M. Sánchez-García, Y. Jiménez H. y F. M. Mendoza H. (2013) Relación entre la reacción al tizón común y el rendimiento y peso de la semilla de frijol en riego y temporal. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 4:673-685, <https://doi.org/10.29312/remexca.v4i5.1167>
- Araya F. C. M y J. C. Hernández F. (2006) Guía para la Identificación de las Enfermedades del Frijol más Comunes en Costa Rica. Universidad Nacional de Costa Rica. San José, Costa Rica. 37 p.
- Arce-Espino C., A. Ley de Coss, J. F. Aguirre-Medina, S. Posada-Cruz y R. Solano-Vidal (2016) Resistencia de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) mejorado por métodos cuantitativos contra *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Agroproductividad* 9:38-44.
- Arnaud-Santana E., D. P. Coyne, K. M. Eskridge and A. K. Vidaver (1994) Inheritance; low correlations of leaf, pod, and seed reactions to common blight disease in common beans; and implications for selection. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 119:116-121, <https://doi.org/10.21273/jashs.119.1.116>
- Baker R., C. Bragard, T. Candresse, G. Gilioli, J. C. Grégoire, I. Holb, ... and W. van der Werf (2014) Scientific opinion on the pest categorisation of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*. *EFSA Journal* 12:3856, <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2014.3856>
- Campbell C. L. and L. V. Madden (1990) Introduction to Plant Disease Epidemiology. John Wiley & Sons. New York, USA. 532 p.
- CIAT, Centro Internacional de Agricultura Tropical (1991) Sistema Estándar para la Evaluación de Germoplasma de Frijol. A. van Schoonven y M. A. Pastor-Corrales (comps.). Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia. 56 p.



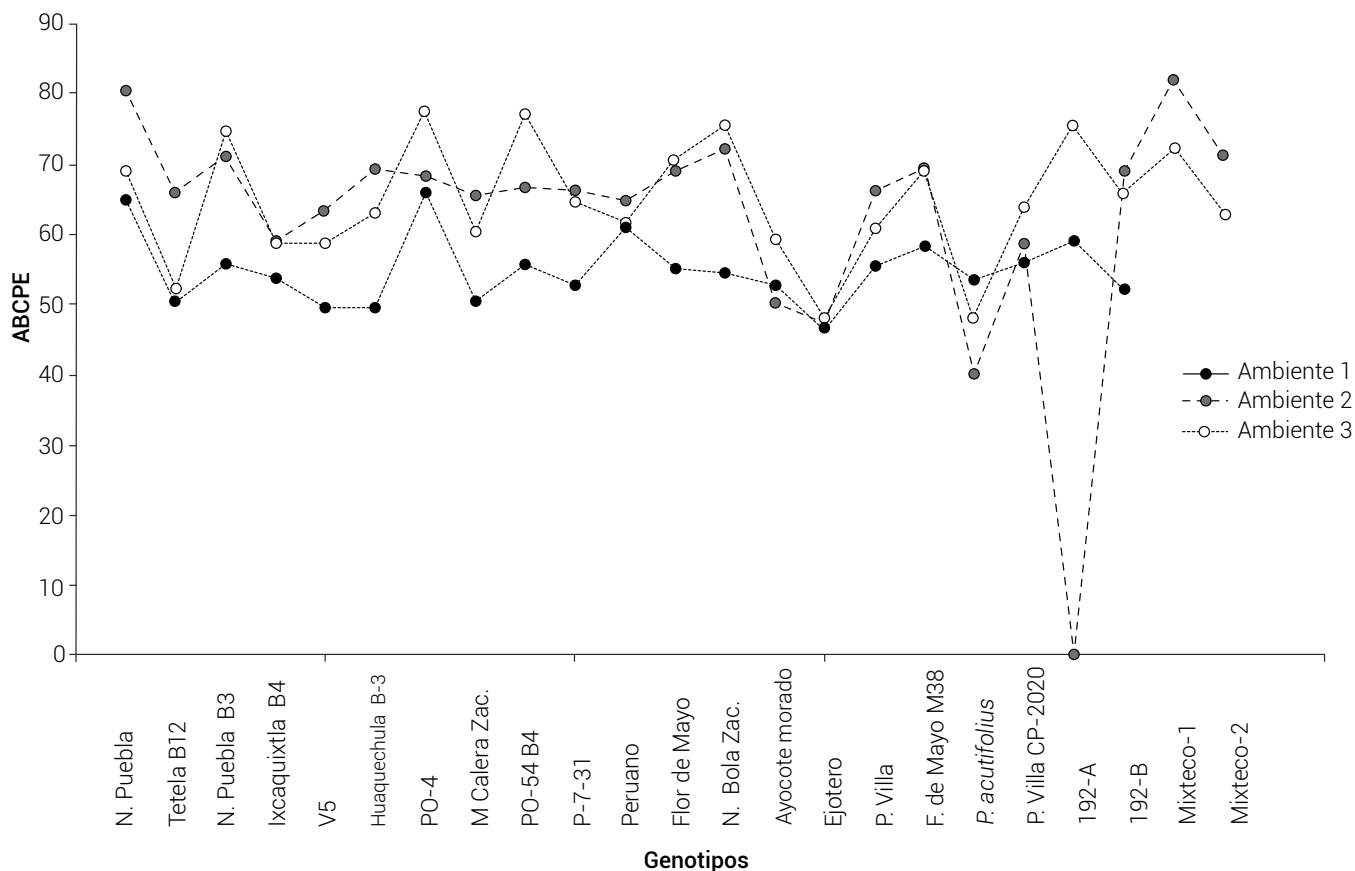


Figura 1. ABCPE totales de cada uno de los genotipos de *Phaseolus* spp. observadas en la interacción en el experimento II con la mezcla de cepas bacterianas en cada uno de los tres ambientes evaluados.

Cruz I. S., P. Ramírez V., R. García E., F. Castillo G. y J. S. Sandoval I. (2004) Selección para resistencia a tizón común en frijol. *Revista Fitotecnia Mexicana* 27:141-147, <https://doi.org/10.35196/rfm.2004.2.141>

Fourie D. (2002). Distribution and severity of bacterial diseases on dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) in South Africa. *Journal of Phytopathology* 150:220-226, <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2002.00745.x>

Francisco F. N., G. Gallegos M., Y. M. Ochoa F., F. D. Hernández C., A. Benavides M. y F. Castillo R. (2013) Aspectos fundamentales del tizón común bacteriano (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* Smith): características, patogenicidad y control. *Revista Mexicana de Fitopatología* 31:147-160.

Kaltz O. and J. A. Shykoff (1998) Local adaptation in host-parasite systems. *Heredity* 81:361-370, <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.1998.00435.x>

Miklas P. N., J. D. Kelly, S. E. Beebe and M. W. Blair (2006) Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. *Euphytica* 147:105-131, <https://doi.org/10.1007/s10681-006-4600-5>

Mkandawire A. B. C., R. B. Mabagala, P. Guzmán, P. Gepts, and R. L. Gilbertson (2004) Genetic diversity and pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans*) suggests pathogen coevolution with the common bean. *Phytopathology* 94:593-603, <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2004.94.6.593>

Mutlu N., A. K. Vidaver, D. P. Coyne, J. R. Steadman, P. A. Lambrecht and J. Reiser (2008) Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans* strains on bean genotypes with common blight resistance. *Plant Disease* 92:546-554, <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-4-0546>

Navarrete R. y J. A. Acosta (2000) Genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) resistentes a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* de México. *Agronomía Mesoamericana* 11:17-23, <https://doi.org/10.15517/am.v11i1.17329>

Navarrete M. R., J. A. Acosta G., F. J. Ibarra P., E. I. Cuéllar R. y R. Rosales S. (2008) Bacteriosis común del frijol inducida por *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* en el Altiplano Mexicano. Folleto Científico. Campo Experimental Bajío, INIFAP. Celaya, Guanajuato, México. 36 p.

Opio A. F., D. J. Allen and J. M. Teri (1996) Pathogenic variation in *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight in *Phaseolus* beans. *Plant Pathology* 45:1126-1133, <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1996.d01-187.x>

Prudencio-Sains J. M., R. Navarrete-Maya, J. Navarrete-Maya and J. A. Acosta-Gallegos (2008) Dinámica de los tizones común y de halo del frijol en el Valle de México. *Agricultura Técnica en México* 34:201-212.

Robinson R. A. (1987) Host Management in Crop Pathosystems. MacMillan Publishing Company. New York, USA. 206 p.

R Core Team (2018) A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 1596 p.

Stuthman D. D., K. J. Leonard and J. Miller-Garvin (2007) Breeding crops for durable resistance to disease. *Advances in Agronomy* 95:319-367, [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(07\)95004-X](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(07)95004-X)