

VOL IX

AGRÁRIAS

PESQUISA E INOVAÇÃO NAS CIÊNCIAS QUE
ALIMENTAM O MUNDO

EDUARDO EUGÊNIO
SPERS
(Organizador)

 EDITORA
ARTEMIS

2023

VOL IX

AGRÁRIAS

PESQUISA E INOVAÇÃO NAS CIÊNCIAS QUE
ALIMENTAM O MUNDO

EDUARDO EUGÊNIO
SPERS
(Organizador)

 EDITORA
ARTEMIS

2023



O conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons Atribuição-Não-Comercial NãoDerivativos 4.0 Internacional (CC BY-NC-ND 4.0). Direitos para esta edição cedidos à Editora Artemis pelos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento, desde que sejam atribuídos créditos aos autores, e sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

A responsabilidade pelo conteúdo dos artigos e seus dados, em sua forma, correção e confiabilidade é exclusiva dos autores. A Editora Artemis, em seu compromisso de manter e aperfeiçoar a qualidade e confiabilidade dos trabalhos que publica, conduz a avaliação cega pelos pares de todos manuscritos publicados, com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.

Editora Chefe	Prof. ^a Dr. ^a Antonella Carvalho de Oliveira
Editora Executiva	M. ^a Viviane Carvalho Mocellin
Direção de Arte	M. ^a Bruna Bejarano
Diagramação	Elisangela Abreu
Organizador	Prof. Dr. Eduardo Eugênio Spers
Imagem da Capa	Shutterstock
Bibliotecário	Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422

Conselho Editorial

Prof.^a Dr.^a Ada Esther Portero Ricol, *Universidad Tecnológica de La Habana “José Antonio Echeverría”*, Cuba
Prof. Dr. Adalberto de Paula Paranhos, Universidade Federal de Uberlândia
Prof.^a Dr.^a Amanda Ramalho de Freitas Brito, Universidade Federal da Paraíba
Prof.^a Dr.^a Ana Clara Monteverde, *Universidad de Buenos Aires*, Argentina
Prof.^a Dr.^a Ana Júlia Viamonte, Instituto Superior de Engenharia do Porto (ISEP), Portugal
Prof. Dr. Ángel Mujica Sánchez, *Universidad Nacional del Altiplano*, Peru
Prof.^a Dr.^a Angela Ester Mallmann Centenaro, Universidade do Estado de Mato Grosso
Prof.^a Dr.^a Begoña Blandón González, *Universidad de Sevilla*, Espanha
Prof.^a Dr.^a Carmen Pimentel, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof.^a Dr.^a Catarina Castro, Universidade Nova de Lisboa, Portugal
Prof.^a Dr.^a Cirila Cervera Delgado, *Universidad de Guanajuato*, México
Prof.^a Dr.^a Cláudia Neves, Universidade Aberta de Portugal
Prof.^a Dr.^a Cláudia Padovesi Fonseca, Universidade de Brasília-DF
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos, Universidade Federal da Grande Dourados
Prof. Dr. David García-Martul, *Universidad Rey Juan Carlos de Madrid*, Espanha
Prof.^a Dr.^a Deuzimar Costa Serra, Universidade Estadual do Maranhão
Prof.^a Dr.^a Dina Maria Martins Ferreira, Universidade Estadual do Ceará
Prof.^a Dr.^a Edith Luévano-Hipólito, *Universidad Autónoma de Nuevo León*, México
Prof.^a Dr.^a Eduarda Maria Rocha Teles de Castro Coelho, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Portugal
Prof. Dr. Eduardo Eugênio Spers, Universidade de São Paulo
Prof. Dr. Eloi Martins Senhoras, Universidade Federal de Roraima, Brasil
Prof.^a Dr.^a Elvira Laura Hernández Carballido, *Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo*, México



Prof.^ª Dr.^ª Emilas Darlene Carmen Lebus, *Universidad Nacional del Nordeste/ Universidad Tecnológica Nacional, Argentina*
Prof.^ª Dr.^ª Erla Mariela Morales Morgado, *Universidad de Salamanca, Espanha*
Prof. Dr. Ernesto Cristina, *Universidad de la República, Uruguay*
Prof. Dr. Ernesto Ramírez-Briones, *Universidad de Guadalajara, México*
Prof. Dr. Gabriel Díaz Cobos, *Universitat de Barcelona, Espanha*
Prof.^ª Dr.^ª Gabriela Gonçalves, Instituto Superior de Engenharia do Porto (ISEP), Portugal
Prof. Dr. Geoffroy Roger Pointer Malpass, Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Gladys Esther Leoz, *Universidad Nacional de San Luis, Argentina*
Prof.^ª Dr.^ª Glória Beatriz Álvarez, *Universidad de Buenos Aires, Argentina*
Prof. Dr. Gonçalo Poeta Fernandes, Instituto Politécnico da Guarda, Portugal
Prof. Dr. Gustavo Adolfo Juarez, *Universidad Nacional de Catamarca, Argentina*
Prof. Dr. Håkan Karlsson, *University of Gothenburg, Suécia*
Prof.^ª Dr.^ª Iara Lúcia Tescarollo Dias, Universidade São Francisco, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Isabel del Rosario Chiyon Carrasco, *Universidad de Piura, Peru*
Prof.^ª Dr.^ª Isabel Yohena, *Universidad de Buenos Aires, Argentina*
Prof. Dr. Ivan Amaro, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Brasil
Prof. Dr. Iván Ramon Sánchez Soto, *Universidad del Bío-Bío, Chile*
Prof.^ª Dr.^ª Ivânia Maria Carneiro Vieira, Universidade Federal do Amazonas, Brasil
Prof. Me. Javier Antonio Alborno, *University of Miami and Miami Dade College, Estados Unidos*
Prof. Dr. Jesús Montero Martínez, *Universidad de Castilla - La Mancha, Espanha*
Prof. Dr. João Manuel Pereira Ramalho Serrano, Universidade de Évora, Portugal
Prof. Dr. Joaquim Júlio Almeida Júnior, UniFIMES - Centro Universitário de Mineiros, Brasil
Prof. Dr. Jorge Ernesto Bartolucci, *Universidad Nacional Autónoma de México, México*
Prof. Dr. José Cortez Godinez, Universidad Autónoma de Baja California, México
Prof. Dr. Juan Carlos Cancino Diaz, Instituto Politécnico Nacional, México
Prof. Dr. Juan Carlos Mosquera Feijoo, *Universidad Politécnica de Madrid, Espanha*
Prof. Dr. Juan Diego Parra Valencia, *Instituto Tecnológico Metropolitano de Medellín, Colômbia*
Prof. Dr. Juan Manuel Sánchez-Yáñez, *Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, México*
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil
Prof. Dr. Leinig Antonio Perazolli, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Livia do Carmo, Universidade Federal de Goiás, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Luciane Spanhol Bordignon, Universidade de Passo Fundo, Brasil
Prof. Dr. Luis Fernando González Beltrán, *Universidad Nacional Autónoma de México, México*
Prof. Dr. Luis Vicente Amador Muñoz, *Universidad Pablo de Olavide, Espanha*
Prof.^ª Dr.^ª Macarena Esteban Ibáñez, *Universidad Pablo de Olavide, Espanha*
Prof. Dr. Manuel Ramiro Rodríguez, *Universidad Santiago de Compostela, Espanha*
Prof.^ª Dr.^ª Márcia de Souza Luz Freitas, Universidade Federal de Itajubá, Brasil
Prof. Dr. Marcos Augusto de Lima Nobre, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Brasil
Prof. Dr. Marcos Vinicius Meiado, Universidade Federal de Sergipe, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Mar Garrido Román, *Universidad de Granada, Espanha*
Prof.^ª Dr.^ª Margarida Márcia Fernandes Lima, Universidade Federal de Ouro Preto, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Maria Aparecida José de Oliveira, Universidade Federal da Bahia, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Maria Carmen Pastor, *Universitat Jaume I, Espanha*
Prof.^ª Dr.^ª Maria do Céu Caetano, Universidade Nova de Lisboa, Portugal
Prof.^ª Dr.^ª Maria do Socorro Saraiva Pinheiro, Universidade Federal do Maranhão, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Maria Lúcia Pato, Instituto Politécnico de Viseu, Portugal



Prof.^ª Dr.^ª Maritza González Moreno, *Universidad Tecnológica de La Habana*, Cuba
Prof.^ª Dr.^ª Mauriceia Silva de Paula Vieira, *Universidade Federal de Lavras*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Ninfa María Rosas-García, *Centro de Biotecnología Genómica-Instituto Politécnico Nacional*, México
Prof.^ª Dr.^ª Odara Horta Boscolo, *Universidade Federal Fluminense*, Brasil
Prof. Dr. Osbaldo Turpo-Gebera, *Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa*, Peru
Prof.^ª Dr.^ª Patrícia Vasconcelos Almeida, *Universidade Federal de Lavras*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Paula Arcoverde Cavalcanti, *Universidade do Estado da Bahia*, Brasil
Prof. Dr. Rodrigo Marques de Almeida Guerra, *Universidade Federal do Pará*, Brasil
Prof. Dr. Saulo Cerqueira de Aguiar Soares, *Universidade Federal do Piauí*, Brasil
Prof. Dr. Sergio Bitencourt Araújo Barros, *Universidade Federal do Piauí*, Brasil
Prof. Dr. Sérgio Luiz do Amaral Moretti, *Universidade Federal de Uberlândia*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Sílvia Inés del Valle Navarro, *Universidad Nacional de Catamarca*, Argentina
Prof.^ª Dr.^ª Solange Kazumi Sakata, *Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares. Universidade de São Paulo (USP)*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Stanislava Kashtanova, *Saint Petersburg State University*, Russia
Prof.^ª Dr.^ª Teresa Cardoso, *Universidade Aberta de Portugal*
Prof.^ª Dr.^ª Teresa Monteiro Seixas, *Universidade do Porto*, Portugal
Prof. Dr. Valter Machado da Fonseca, *Universidade Federal de Viçosa*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Vanessa Bordin Viera, *Universidade Federal de Campina Grande*, Brasil
Prof.^ª Dr.^ª Vera Lúcia Vasilévski dos Santos Araújo, *Universidade Tecnológica Federal do Paraná*, Brasil
Prof. Dr. Wilson Noé Garcés Aguilar, *Corporación Universitaria Autónoma del Cauca*, Colômbia
Prof. Dr. Xosé Somoza Medina, *Universidad de León*, Espanha

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)**

A277 Agrárias [livro eletrônico] : pesquisa e inovação nas ciências que alimentam o mundo IX / Organizador Eduardo Eugênio Spers. – Curitiba, PR: Artemis, 2023.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

Inclui bibliografia

Edição bilíngue

ISBN 978-65-87396-79-8

DOI 10.37572/EdArt_260223798

1. Ciências agrárias – Pesquisa. 2. Agronegócio. 3. Sustentabilidade. I. Spers, Eduardo Eugênio.

CDD 630

Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422



APRESENTAÇÃO

As Ciências Agrárias são um campo de estudo multidisciplinar por excelência, e um dos mais profícuos em termos de pesquisas e aprimoramento técnico. A demanda mundial por alimentos e a crescente degradação ambiental impulsionam a busca constante por soluções sustentáveis de produção e por medidas visando à preservação e recuperação dos recursos naturais.

A obra **Agrárias: Pesquisa e Inovação nas Ciências que Alimentam o Mundo** compila pesquisas atuais e extremamente relevantes, apresentadas em linguagem científica de fácil entendimento. Na coletânea, o leitor encontrará textos que tratam dos sistemas produtivos em seus diversos aspectos, além de estudos que exploram diferentes perspectivas ou abordagens sobre a planta, o meio ambiente, o animal, o homem e a sociedade no ambiente rural.

É uma obra que fornece dados, informações e resultados de pesquisas tanto para pesquisadores e atuantes nas diversas áreas das Ciências Agrárias, como para o leitor que tenha a curiosidade de entender e expandir seus conhecimentos.

Este Volume IX traz 16 trabalhos de estudiosos de diversos países, divididos em dois eixos temáticos: *Eficiência e tecnologia na produção agrícola* e *Meio ambiente e produtividade agrícola*.

Desejo a todos uma proveitosa leitura!

Eduardo Eugênio Spers

SUMÁRIO

EFICIÊNCIA E TECNOLOGIA NA PRODUÇÃO AGRÍCOLA

CAPÍTULO 1..... 1

USO EFICIENTE DA ÁGUA DE REGA EM OLIVAIS DE ELEVADA DENSIDADE: UMA VISÃO GERAL

Alexandra Tomaz

Justino Sobreiro

Manuel Patanita

Maria Isabel Patanita

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237981

CAPÍTULO 2..... 13

LOGICIELS POUR LA GESTION DE PLANTATIONS FORESTIÈRES

Edilson Batista de Oliveira

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237982

CAPÍTULO 3..... 42

DEVELOPMENT AND TEST OF A LOW-COST TUNNEL SPRAYER FOR VINEYARDS

Antonio Odair Santos

Cláudio Alves Moreira

Antônio Carlos Loureiro Lino

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237983

CAPÍTULO 4..... 57

CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS Y SOCIOECONÓMICAS DE LA PRODUCCIÓN DE MAÍZ EN UNIDADES DE PRODUCCIÓN FAMILIAR DE OAXACA, MÉXICO

Rafael Rodríguez Hernández

Pedro Cadena Iñiguez

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237984

CAPÍTULO 5..... 69

EFEECTO DEL AGROPLASMA EN EL CRECIMIENTO Y RENDIMIENTO DE LA KIWICHA, *AMARANTHUS CAUDATUS* VAR. OSCAR BLANCO

Roger Veneros-Terrones

Claudia Díaz-Fernández

Lisi Cerna-Rebaza

Luis Felipe Gonzales-Llontop

Vito Quilcat-León

Julio Chico- Ruiz

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237985

CAPÍTULO 6..... 84

ESTUDIO DE INFECCIÓN DE *CALIGUS ROGERCRESSEYI* EN SALMÓNIDOS DE CULTIVO POR MEDIO DE TÉCNICAS DE MACHINE LEARNING

Patricio R. de los Ríos-Escalante

Juan Barile

Eriko Carreño

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237986

CAPÍTULO 7 93

DESARROLLO DE UN LENGUAJE DE INTERCOMUNICACIÓN PARA LA INTEGRACIÓN COLABORATIVA ENTRE DISPOSITIVOS HARDWARE HETEROGÉNEOS Y COMPONENTES SOFTWARE EN EL DOMINIO DE LA GANADERÍA DE PRECISIÓN EN MONOGÁSTRICOS

Vicente López Sacanell

Jesús Pomar Gomá

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237987

MEIO AMBIENTE E PRODUTIVIDADE AGRÍCOLA

CAPÍTULO 8..... 101

DESARROLLO DE UN MÉTODO CROMATOGRÁFICO COMO ENSAYO DE IDENTIDAD PARA EL CONTROL DE CALIDAD DE UN REMEDIO HERBOLARIO

Guadalupe Yáñez Ibarra

Gabriela Victoria Ruiz Castillo

Ana María Hanan Alipi

Roberto Hernández Villarreal

Gabriela Ávila Villarreal

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237988

CAPÍTULO 9.....112

PRESENCIA DEL SUGARCANE YELLOW LEAF VIRUS EN *Saccharum* SPP. EN MÉXICO Y FILOGENIA DE UN AISLADO DE COLIMA

Manuel de Jesús Bermúdez Guzmán

María Inés Barbosa Villa

Karina de la Paz García Mariscal

Claudia Yared Michel López

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2602237989

CAPÍTULO 10..... 127

CHARACTERIZATION OF PHENOLOGICAL STAGES AND GRAPE QUALITY OF NINETEEN PORTUGUESE GRAPEVINE VARIETIES PRESENT IN THE DOURO REGION

Ivo Fartouce

Joana Amaral Pinto

Paula Cristina Oliveira

Elza Amaral

Rosa Matias

João Paulo Moura

Aureliano Malheiro

Ana Alexandra Oliveira

 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379810

CAPÍTULO 11..... 146

INFLUENCIA DE LAS BRISAS DE TIERRA Y MAR SOBRE EL MICROCLIMA DE LA CANOPIA

Gerardo Echeverría Grotiuz

Nicolás Demetriuk

 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379811

CAPÍTULO 12 161

CAPTURA DE CARBONO EN EL SUELO CON PRÁCTICAS DE MANEJO AGRONÓMICO EN MAÍZ PARA GRANO DE TEMPORAL

Hugo Ernesto Flores-López





Gloria Vidrio-Llamas

Irma Julieta González-Acuña

Celia de la Mora-Orozco

Humberto Ramírez-Vega

 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379812

CAPÍTULO 13	169
RECURSOS GENÉTICOS DEL MAÍZ DESPOJO Y RESISTENCIA	
Yolanda Cristina Massieu Trigo	
 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379813	
CAPÍTULO 14	179
INSUMOS AGROECOLÓGICOS PARA MANEJO DEL AMARILLAMIENTO EN NARANJA VALENCIA TARDÍA (<i>Citrus sinensis</i> L. Osbeck) EN VERACRUZ, MÉXICO	
Manuel Ángel Gómez Cruz	
Laura Gómez Tovar	
María de los Ángeles Hernández-Andrade	
Asunción Gálvez-Mendoza	
Luis Enrique Ortiz-Martínez	
 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379814	
CAPÍTULO 15	185
ANTIOXIDANTES <i>IN VITRO</i> : EFECTOS SOBRE VIABILIDAD ESPERMÁTICA EN TRUCHA ARCOÍRIS (<i>Oncorhynchus mykiss</i> , Walbaum, 1792)	
Eliana Ibáñez-Arancibia	
Iván Valdebenito Isler	
Jorge G. Farías	
 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379815	
CAPÍTULO 16	196
USE OF A PCR-RFLP MOLECULAR TEST FOR THE DIFFERENTIATION OF <i>Babesia bovis</i> AND <i>Babesia bigemina</i> IN THE DIAGNOSIS OF BOVINE BABESIOSIS	
José Juan Lira Amaya	
Diego Jesús Polanco Martínez	
Rebeca Montserrat Santamaría Espinosa	
Grecia Martínez García	
Carmen Rojas Martínez	
Jesús Antonio Álvarez Martínez	
Julio Vicente Figueroa Millán	
 https://doi.org/10.37572/EdArt_26022379816	
SOBRE O ORGANIZADOR	208
ÍNDICE REMISSIVO	209

CAPÍTULO 9

PRESENCIA DEL SUGARCANE YELLOW LEAF VIRUS EN *Saccharum* SPP. EN MÉXICO Y FILOGENIA DE UN AISLADO DE COLIMA¹

Data de submissão: 11/01/2023

Data de aceite: 30/01/2023

Manuel de Jesús Bermúdez Guzmán

Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y
Pecuarias (INIFAP)
Campo Experimental Tecomán
Laboratorio de Biotecnología
Tecomán, Colima, México
ORCID: 0000-0003-1949-1922

María Inés Barbosa Villa

Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y
Pecuarias (INIFAP)
Campo Experimental Tecomán
Laboratorio de Biotecnología
Tecomán, Colima, México
ORCID: 0000-0002-2453-4600

Karina de la Paz García Mariscal

Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y
Pecuarias (INIFAP)
Campo Experimental Tecomán
Laboratorio de Bioetanol
Tecomán, Colima, México
ORCID: 0000-0001-6149-3505

Claudia Yared Michel López

Universidad Autónoma de
Baja California (UABC)
Instituto de Ciencias Agrícolas (ICA)
Ejido Nuevo León, Mexicali
Baja California, México
ORCID: 0000-0002-3595-1768

RESUMEN: La caña de azúcar es uno de los cultivos industriales más importantes a nivel mundial y es afectado por diversas enfermedades virales, incluido el Sugarcane yellow leaf virus (SCYLV). En México este virus se ha detectado basado en sintomatología y °Brix; sin embargo, el diagnóstico basado en estos parámetros no es concluyente. El objetivo del estudio fue detectar la presencia y distribución del SCYLV en zonas cañeras del Occidente de México (Colima, Jalisco y Nayarit) y determinar el origen filogenético de un aislado de Colima. El trabajo se desarrolló en el Campo Experimental Tecomán durante 2013-2014. Se aisló el RNA total a partir de hojas colectadas y se realizaron las RT-PCR con oligonucleótidos específicos para SCYLV. En total se analizaron 233 muestras y la incidencia de plantas portadoras del SCYLV fue de 14.6%, afectando principalmente a los híbridos CP72-2086, Mex69-290 y Atemex96-40. El análisis BLAST mostró que la secuencia parcial CP de Colmex-317 (512 pb) es homóloga con secuencias de Brasil, China, India, Kenia y USA y además comparte porcentajes

¹ Esta información corresponde a un trabajo publicado previamente en la Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas y fue generada con el proyecto de investigación regional "Diagnóstico molecular de enfermedades en caña de azúcar" financiado por recursos fiscales del INIFAP.

de identidad superiores a 99% con otras secuencias provenientes de varios países. El análisis filogenético de Colmex-317 con secuencias parciales y genomas completos del SCYLV aislados de diversas partes del mundo reveló que el aislado mexicano pertenece al genotipo de Brasil (BRA) y se agrupó con secuencias de Brasil, China, Kenia y Sudáfrica. Sin embargo, es necesario evaluar un mayor número de aislados y secuencias de mayor longitud para determinar si el genotipo BRA es el único presente en México.

PALABRAS CLAVE: SCYLV. RNA. RT-PCR. *Saccharum* spp.

PRESENCE OF SUGARCANE YELLOW LEAF VIRUS IN SACCHARUM SPP. IN MEXICO AND PHYLOGENY OF AN ISOLATE OF COLIMA

ABSTRACT: Sugarcane is one of the most important industrial crops worldwide and is affected by different viral diseases, including *Sugarcane yellow leaf virus* (SCYLV). In Mexico this virus has been detected based on symptomatology and °Brix; however, the diagnosis based on these parameters is not conclusive. The objective of this work was detect the presence and distribution of SCYLV in sugarcane crops of western Mexico (Colima, Jalisco and Nayarit) and determine its phylogenetic origin of an isolate of Colima. This work was developed in the Campo Experimental Tecomán during 2013-2014. The total RNA was isolated from collected leaves and the presence of SCYLV was detected by RT-PCR using a pair of specific primers. In total, 233 samples were analyzed and the incidence of SCYLV in sugarcane plants was 14.6%, mainly affecting CP 72-2086, Mex 69-290 and Atemex 96-40 hybrids. The BLAST analysis showed that the partial CP sequence of Colmex-317 (512 bp) is homologous with sequences from Brazil, China, India, Kenya and USA and also shares identity percentages over 99% with other sequences from several countries. The phylogenetic analysis of Colmex-317 with partial sequences and complete genomes of SCYLV isolated from different parts of the world revealed that the Mexican isolate corresponds to the Brazil (BRA) genotype and formed a cluster with sequences from Brazil, China, Kenya and South Africa. However, it is necessary to evaluate a larger number of isolates and longer sequences to determine if the BRA genotype is the only one present in Mexico.

KEYWORDS: SCYLV. RNA. RT-PCR. *Saccharum* spp.

1 INTRODUCCIÓN

Los virus ocasionan las enfermedades más importantes en caña de azúcar a nivel mundial, causando grandes epidemias y pérdidas de enormes proporciones. Entre los patógenos virales de importancia económica a nivel mundial para el cultivo de la caña de azúcar se encuentran el *Sugarcane yellow leaf virus* (SCYLV), agente causal del síndrome de la hoja amarilla (YLS). El SCYLV pertenece a la familia Luteoviridae, en la cual se ubican aquellos virus que ocasionan síntomas de amarillamiento en las plantas hospederas que infectan, incluida la caña de azúcar (Rott *et al.*, 2008). El síntoma característico ocasionado por el SCYLV en caña de azúcar es un amarillamiento intenso en la nervadura central de las hojas infectadas, el cual varía según la variedad y factores ambientales (Lockhart

y Cronjé, 2000). En variedades afectadas por SCYLV se han reportado pérdidas en rendimiento de 40-50% (Vega *et al.*, 1997), mientras que en plantas asintomáticas con este mismo virus las mermas son de 10-30% (Lehrer y Komor, 2008; Lehrer *et al.*, 2010). Por lo anterior, este virus es considerado en los programas de mejoramiento genético de varios países cañeros, principalmente Brasil, en los que la selección y eliminación de clones susceptibles seguido de pruebas de patogenicidad se han vuelto procedimientos rutinarios (Gonçalves *et al.*, 2012).

El SCYLV fue detectado por primera vez en Hawaii en el año de 1988 y en Brasil en 1990 (Vega *et al.*, 1997; Schenck *et al.*, 2001). Este virus se ha reportado en las áreas productoras de caña de azúcar en varios países. El SCYLV fue responsable de drásticas pérdidas económicas en el sureste de Brasil a comienzos de 1990 y actualmente, es el principal problema fitosanitario en los programas de mejoramiento genético de ese país (Gonçalves *et al.*, 2012). En México, los síntomas del YLS fueron observados por primera vez en el año de 1996 afectando a la variedad CP 72-2086 en la comunidad de La Margarita, Oaxaca. Ese mismo año se reportó su presencia en la misma variedad en Chiapas, Colima y Veracruz. También se detectó en Sinaloa afectando a la variedad Mex 57-473 (Flores, 1997). Sin embargo, el diagnóstico de la enfermedad realizado en México se ha basado en sintomatología típica de la enfermedad asociada a YLS y °Brix del raquis de la hoja. Lo anterior no es concluyente debido a que el amarillamiento es un síntoma muy general de varias enfermedades y deficiencias de micro y macronutrientes, además de que el patrón de coloración depende de variables como el genotipo y condiciones ambientales (Lockhart y Cronjé, 2000). Por otra parte, los niveles del porcentaje de los °Brix también se ven afectados (aumentando o disminuyendo) por acción de algunas enfermedades (Vasconcelos *et al.*, 2009; Tiwari *et al.*, 2012), al igual que por elementos químicos como el potasio (K), el cual tiene una función clave en la síntesis de azúcares y su translocación en los tallos de caña de azúcar, incrementando así los niveles de Pol y °Brix (Aucatoma *et al.*, 2015). Por lo anterior, no resulta confiable emitir diagnósticos basados en estos parámetros. Los métodos de detección de SCYLV más utilizados y fiables están basados en la técnica molecular de Reacción en Cadena de la Polimerasa con Transcriptasa Inversa (RT-PCR) y son los más utilizados en la actualidad por los programas de mejoramiento genético de la caña de azúcar en varias partes del mundo (Xie *et al.*, 2009; Joomun y Dookun, 2010; Aday *et al.*, 2014; Lin *et al.*, 2015).

Con respecto al origen filogenético del SCYLV, a la fecha se han determinado 10 grupos genéticos diferentes: BRA (Brasil), CHN1, CHN2, CHN3 (China), COL (Colombia), CUB (Cuba), HAW (Hawái), IND (India), PER (Perú) y REU (Reunión) basados en el análisis de la diversidad genética de su genoma utilizando secuencias parciales y genomas

completos (Moonan y Mirkov, 2002; Abu Ahmad *et al.*, 2006; EISayed *et al.*, 2011; Gao *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2012; Chinnaraja *et al.*, 2013; Lin *et al.*, 2015). La diversidad genética de las poblaciones del SCYLV sugieren la existencia de grandes variaciones entre los aislados del virus, las cuales pueden afectar el grado de virulencia, transmisión y gravedad de los síntomas asociados con SCYLV. Por lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue detectar la presencia y distribución del SCYLV en zonas cañeras del Occidente de México (Colima, Jalisco y Nayarit) y determinar el origen filogenético de un aislado mexicano.

2 MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 MATERIAL VEGETAL

Se colectaron muestras foliares de diversas variedades de caña de azúcar sembradas comercialmente en los estados de Colima, Jalisco y Nayarit durante los años 2013-2014. Las plantas presentaron sintomatología típica de YLS o fueron asintomáticas. Las muestras se envolvieron en bolsas plásticas y éstas en hieleras con refrigerantes térmicos para trasladarlas al laboratorio de biotecnología de plantas del Campo Experimental Tecomán del INIFAP ubicado en el km 35 de la carretera Colima-Manzanillo en Colima.

2.2 PURIFICACIÓN, CUANTIFICACIÓN Y DETERMINACIÓN DE LA PUREZA E INTEGRIDAD DEL RNA

Aproximadamente 200 mg de tejido foliar fueron pulverizados con nitrógeno líquido hasta obtener un polvo fino que se depositó en tubos de 1.5 mL previamente enfriados en N₂ líquido y se homogeneizaron con 500 µL de Tripure (Roche). Se siguieron las recomendaciones del fabricante para la extracción del RNA total. Finalmente, el RNA obtenido fue resuspendido en agua libre de RNasa (0.01% DEPC) y almacenado a -70°C. La cuantificación se realizó con un espectrofotómetro NanoDrop (Thermo Scientific) utilizando 1 µL del RNA total extraído y se midieron las relaciones de A_{260/280} y A_{230/280} para determinar su pureza. La integridad del RNA fue corroborada mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% con buffer TAE 1X y teñido con bromuro de etidio (BrEt) y visualizado en un transiluminador con luz ultravioleta (UVP).

2.3 CONTROL POSITIVO Y DETECCIÓN DEL SCYLV POR RT-PCR

La reacción de transcripción inversa (RT) del RNA total se realizó utilizando el kit “Reverse Transcription System” (Promega) de acuerdo a las indicaciones del fabricante.

Los cDNA resultantes fueron utilizados como molde para la amplificación por PCR con el juego de oligonucleótidos SCYLV-F/SCYLV-R descritos por Xie *et al.* (2009). El volumen final de la mezcla de reacción fue de 25 μ L, conteniendo 12.5 μ L de REDTaq® ReadyMix™ (SIGMA-ALDRICH), 1 μ M de cada oligonucleótido, 3 μ L de cDNA y H₂O grado molecular. La mezcla de reacción se incubó en un termociclador (Labnet) con el siguiente programa: un ciclo de 50°C por 30 min y 94°C por 2 min; 35 ciclos de 94°C por 30 s, 56°C por 30 s y 72°C por 1 min, seguido de una extensión final a 72°C por 5 min. La electroforesis se realizó en gel de agarosa al 1% con buffer TAE 1 X y fueron cargados 12.5 μ L de los productos de PCR; las muestras se corrieron con un voltaje de 120 V. Finalmente los geles se tiñeron con BrEt y se visualizaron en un transiluminador con luz UV (UVP) para el análisis de los resultados. Con el objetivo de contar con un control positivo para la detección del virus, el producto de PCR de 512 pb correspondiente a una muestra de una localidad de Tecomán, Colima fue purificada a partir del gel de agarosa con el kit “QIAquick Gel Extraction” (QIAGEN). El fragmento se clonó con el sistema “pGEM-T Easy” (Promega) y se transformó en células de *E. coli* JM109 (Promega), las cuales se hicieron competentes previamente con CaCl₂ de acuerdo a Riley *et al.* (2008). La comprobación del inserto clonado en el vector se realizó mediante PCR y análisis restrictivo. La extracción de DNA plasmídico de las colonias recombinantes que se utilizó como molde para la PCR se llevó a cabo de acuerdo a Engebrecht *et al.* (2001), mientras que para la reacción de digestión se utilizaron las enzimas de restricción *EcoR* I y *Not* I.

2.3 SECUENCIACIÓN, EDICIÓN Y ANÁLISIS DE LA SECUENCIA

El DNA plasmídico del fragmento clonado en *E. coli* fue secuenciado en un secuenciador ABI PRISM 310 Genetic Analyzer en ambas direcciones por el método de terminación con el Big Dye (Applied Biosystems). La edición y el ensamblado de las secuencias “forward” y “reverse” se realizó con el programa CLC Main Workbench 7.0.3 (<https://www.qiagenbioinformatics.com/>). Finalmente, se comparó la similitud de las secuencias obtenidas contra las reportadas para SCYLV en la base de datos del “National Center for Biotechnology information” (NCBI) empleando la herramienta “Basic Local Alignment Search Tool” (BLAST). La secuencia fue depositada en la base de datos del NCBI.

2.4 ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Los análisis bioinformáticos se realizaron con el software CLC Main Workbench versión 7.0.3. Se llevó a cabo el análisis BLAST en NCBI con la secuencia del SCYLV

denominada ColMex-317 (NCBI: KT334298.1). Se seleccionaron y descargaron secuencias completas con los mayores porcentajes de identidad con ColMex-317 y se emplearon otras más de la misma base de datos con distintos orígenes geográficos (Cuadro 2). Posteriormente fue utilizada la herramienta de alineamiento múltiple de secuencias con el algoritmo MUSCLE y para la construcción del árbol filogenético se usó el método de máxima verosimilitud y UPGMA (Edgar, 2004). Se realizó un modelo de prueba para determinar el modelo de sustitución de nucleótidos más adecuado para los datos y se seleccionó Kimura 80. El análisis bootstrap consistió de 1,000 réplicas y se agregó como grupo externo la región CP del PRSV (NCBI: AJ012650.1). Finalmente, el árbol filogenético fue editado con el software TreeGraph 2.

3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El síntoma característico de amarillamiento intenso en la nervadura central de hojas de caña de azúcar, asociado con la presencia del SCYLV, se encontró en la mayor parte de muestras positivas al virus (Figura 1).

Figura 1. **Síntomas del síndrome de la hoja amarilla (YLS) en plantas de caña de azúcar.** Se observa sintomatología característica de amarillamiento intenso en nervaduras centrales asociados al SCYLV.

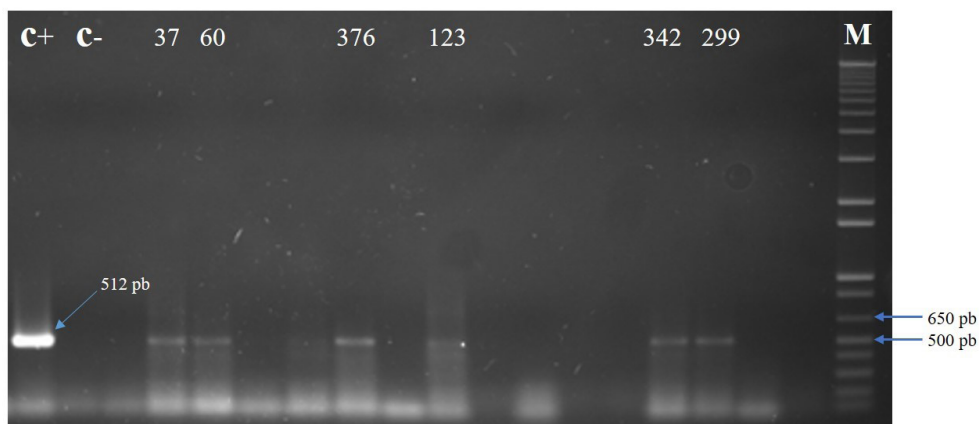


Sin embargo, algunas muestras con síntomas severos, similares a los mostrados en la Figura 1, resultaron negativas a SCYLV por RT-PCR, coincidiendo con lo reportado por Wang *et al.* (2012), quienes obtuvieron 129/634 muestras positivas al SCYLV, de las cuales 96 y 33 fueron de plantas sintomáticas y asintomáticas, respectivamente. Lo anterior sugiere que la infección con el virus solamente tiene cierto grado de asociación con los síntomas de amarillamiento en campo, ya que dicho síntoma es muy general para varias enfermedades de origen viral que afectan a plantas.

En caña de azúcar, las deficiencias de micro y macronutrientes generan síntomas de amarillamiento (McCray *et al.*, 2006), y podrían ser similares a los causados por el SCYLV. Además, el patrón de coloración también depende de variables como el genotipo y

condiciones ambientales (Lockhart y Cronjé, 2000). Por otra parte, la detección temprana del SCYLV en híbridos de *Saccharum* spp. es posible, mediante técnicas moleculares, debido a que puede haber niveles detectables del virus en etapas asintomáticas (Viswanathan *et al.*, 2009). En este estudio los productos de RT-PCR sometidos a electroforesis en gel de agarosa que mostraron la amplificación de fragmentos de ~512 pb del SCYLV fueron considerados como positivos al virus (Figura 2).

Figura 2. **Detección del *Sugarcane yellow leaf virus* (SCYLV) mediante RT-PCR en muestras de caña de azúcar procedentes de tres estados del Pacífico mexicano.** C+: control positivo. C-: Control negativo. M: Marcador de peso molecular 1 Kb plus (Invitrogen). Los números corresponden a diferentes muestras positivas al virus.



De las 233 muestras foliares analizadas, 34 fueron positivas al virus, lo que representa una incidencia de 14.6%. El SCYLV se presentó en los tres estados del Pacífico de México que abarcó el presente estudio (Cuadro 1). En Colima, se detectó afectando principalmente la variedad CP 72-2086 en el municipio de Tecomán, mientras que, en Jalisco, el virus se detectó en Autlán, El Grullo, La Huerta, Cuautitlán y Zapotiltic, afectando a las variedades Mex 79-431, Mex 69-290 y Colmex 95-27. Finalmente, en Nayarit la zona de estudio comprendió los municipios de Jala, Santa María del Oro, Tepic y Xalisco, donde el SCYLV se encontró afectando las variedades Mex 69-290 y CP 89-2143. Este es el primer reporte basado en métodos moleculares para la detección del SCYLV en cultivos de caña de azúcar comerciales en México.

Cuadro 1. Relación de muestras de caña de azúcar positivas al SCYLV mediante RT-PCR en la región cañera del Occidente de México.

No.	Muestra	Estado	Municipio	Georeferencia	Variedad
1	347	*	*	*	<i>Saccharum</i> spp.
2	346	*	*	*	Colmex 95-27
3	2	Colima	Tecomán	N 18°56'06.52" W 104°00'03.54"	<i>Saccharum</i> spp.
4	37	Colima	Tecomán	N 18°48'33.23" W 103°50'37.89"	Mex 69-290

No.	Muestra	Estado	Municipio	Georeferencia	Variedad
5	148	Colima	Tecomán	N 18°52'36.24" W 103°52'1.49"	CP 72-2086
6	336	Colima	Tecomán	N 18°52'36.24" W 103°52'1.49"	CP 72-2086
7	27	Colima	Tecomán	N 18°52'36.24" W 103°52'1.49"	CP 72-2086
8	58	Colima	Tecomán	N 18°52'36.24" W 103°52'1.49"	CP 72-2086
9	60	Colima	Tecomán	N 18°52'36.24" W 103°52'1.49"	CP 72-2086
10	318	Colima	Tecomán	N 18°58'27.53" W 103°51'17.04"	CP 72-2086
11	325	Colima	Tecomán	N 18°58'27.53" W 103°51'17.04"	CP 72-2086
12	380	Colima	Tecomán	N 18°58'27.53" W 103°51'17.04"	CP 72-2086
13	409	Colima	Tecomán	N 18°58'27.53" W 103°51'17.04"	CP 72-2086
14	312	Colima	Tecomán	*	<i>Saccharum</i> spp.
15	317	Colima	Tecomán	N 18°58'27.53" W 103°51'17.04"	CP 72-2086
16	376	Colima	Tecomán	N 18°58.455' W 103°51.285'	CP 72-2086
17	401	Colima	Tecomán	N 18°57'47.88" W 103°50'15.24"	<i>Saccharum</i> spp.
18	405	Colima	Tecomán	N 18°57'47.88" W 103°50'15.24"	<i>Saccharum</i> spp.
19	123	Jalisco	Zapotiltic	N 19°38'42.58" W 103°24'31"	Atemex 9640
20	138	Jalisco	Zapotiltic	N 19°38'42.58" W 103°24'31"	Atemex 9640
21	340	Jalisco	La Huerta	N 19°31'07.39" W 104°32'11.61"	Atemex 96-40
22	342	Jalisco	Cuautitlán	N 19°26'49.58" W 104°24'10.45"	<i>Saccharum</i> spp.
23	344	Jalisco	Cuautitlán	N 19°26'54.74" W 104°23'40.70"	Mex 79-431
24	349	Jalisco	El Grullo	N 19°47'44.20" W 104°13'38.63"	Atemex 96-40
25	248	Jalisco	Zapotiltic	N 19°38'42.58" W 103°24'31"	Atemex 9640
26	281	Jalisco	*	*	Atemex 96-40
27	348	Jalisco	Autlán	*	Mex 69-290
28	217	Nayarit	Jala	N 21°05'08.59 W 104°25'56.82"	Mex 69-290
29	299	Nayarit	Santa María del Oro	N 21°20'23.8" W 104° 34'55.1"	Mex 69-290
30	169	Nayarit	Xalisco	N 21° 27'50.1" W 104° 53'11.4"	<i>Saccharum</i> spp.
31	176	Nayarit	Tepic	N 21° 27'17.7" W 104° 49'09.2"	<i>Saccharum</i> spp.
32	191	Nayarit	Santa María del Oro	N 21° 15'33.4" W 104° 29'54.3"	<i>Saccharum</i> spp.
33	192	Nayarit	Santa María del Oro	N 21° 15'33.4" W 104° 29'54.3"	<i>Saccharum</i> spp.
34	306	Nayarit	*	*	CP 89-2143

*Ausencia de información

En Cuba se determinó la distribución del SCYLV en diferentes provincias. Se analizaron 525 muestras de 35 zonas (348 ha), el virus se detectó por inmunopresión de tejidos y RT-PCR; en la mayoría de las zonas muestreadas fue alta la incidencia de síntomas asociados a esta enfermedad (82.29%) (Aday *et al.* 2014). En China, Gao *et al.* (2012), evaluaron la distribución del virus en las principales provincias de ese país sembradas con caña de azúcar en 22 híbridos de *Saccharum* spp. que mostraron síntomas

de YLS utilizando técnicas moleculares (RT-PCR, qRT-PCR) y serológicas (TBIA y DAC-ELISA). De las 22 muestras analizadas 19 fueron positivas al virus por RT-PCR, TBIA y/o DAC-ELISA, mientras que con la técnica de qRT-PCR todas las muestras resultaron positivas, lo que demuestra la elevada sensibilidad de la qRT-PCR en comparación con la RT-PCR y técnicas serológicas para detectar patógenos. En otro estudio Wang *et al.* (2012) analizaron muestras de caña de azúcar de la parte sur de China para detectar presencia del SCYLV. Los productos esperados de 1.3 kb fueron amplificados en 129/634 (20.3%) individuos por RT-PCR y el virus estuvo presente en 6 provincias. Finalmente, también en China, se analizaron 332 muestras foliares para detectar al virus por RT-PCR y se observó una incidencia de 24 -38%, dependiendo del área geográfica (Lin *et al.*, 2015). Estos trabajos evidencian que el SCYLV se ha detectado principalmente por técnicas moleculares, no solamente en China y Cuba como se describió, sino en diversos países del mundo como Argentina, Brasil, India y Kenia (Scagliusi *et al.*, 2009; Filippone *et al.*, 2010; Lin *et al.*, 2015; Amata *et al.*, 2016). La amplia distribución del SCYLV en distintas zonas cañeras del planeta se puede deber a la forma de reproducción de la caña de azúcar por semilla estaca, donde el traslado de germoplasma entre las regiones cañeras de un país a otro, en algunas ocasiones se da de manera descontrolada, transportando la carga patogénica a otras regiones. También la presencia de áfidos vectores constituye otro importante factor para la dispersión de este virus (Figueredo *et al.*, 2004).

En relación con el origen filogenético del aislado mexicano, la secuencia ColMex-317 fue depositada en la base de datos de NCBI con el registro KT334298. Se determinó que la secuencia de 512 pb corresponde a una región parcial del gen de la proteína de la cápside (CP) del SCYLV codificada por el ORF3. El análisis BLAST indicó que la secuencia ColMex-317 de 512 pb es homóloga (100% de identidad) con secuencias reportadas de Brasil, China, India, Kenia y USA, y comparte un elevado porcentaje de identidad con otras secuencias de diversos orígenes geográficos. Los resultados del análisis filogenético realizado con el fragmento ColMex-317 y otras secuencias del SCYLV (Cuadro 2) con las que comparte 96.29-100% de identidad se muestran en la Figura 3. Se observa la formación de cinco grupos, en los que se distinguen siete de los diez genotipos reportados para SCYLV: HAW, PER, BRA, REU, COL, CHN1 y CHN2 (Moonan y Mirkov, 2002; Abu Ahmad *et al.*, 2006; ElSayed *et al.*, 2011; Gao *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2012; Chinnaraja *et al.*, 2013; Lin *et al.*, 2015). No se consideraron secuencias de Cuba, India y CHN3. ElSayed *et al.* (2011) reportaron la formación de tres grupos principales: BRA, HAW-PER y REU utilizando diversos árboles filogenéticos construidos con fragmentos de distintas longitudes y genomas completos.

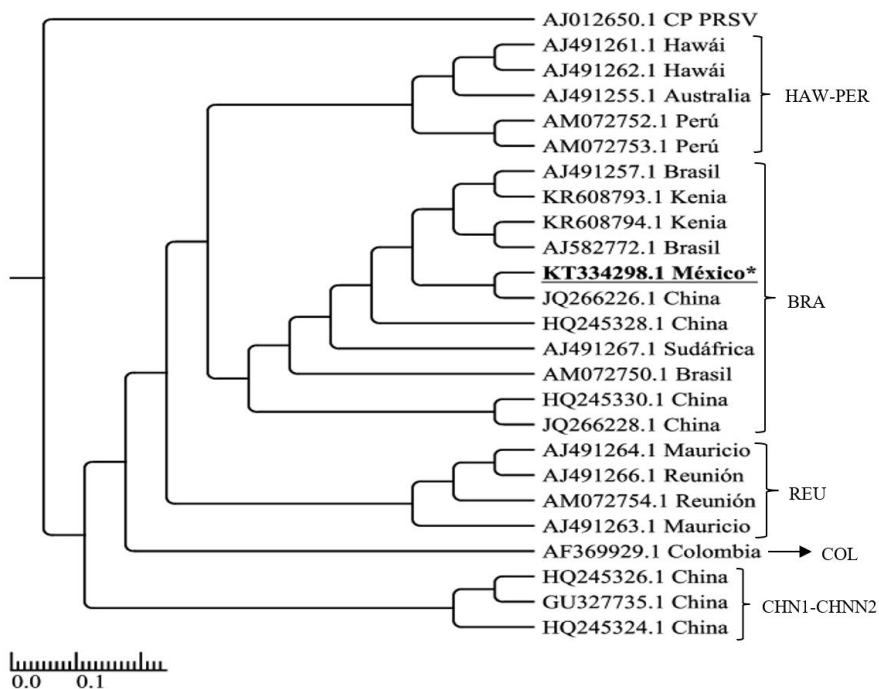
Cuadro 2. **Secuencias parciales y completas de los ORF y genomas completos del SCYLV obtenidas de la base de datos de NCBI y utilizadas en este estudio para el análisis filogenético.** Se incluye la secuencia CP del PRSV como grupo externo.

Nombre del aislado	Híbrido	Origen geográfico	Acceso NCBI	Tamaño de fragmento (pb)	Porción del genoma
Aus1	VMC71-238	Australia	AJ491255.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
BRA1	<i>Saccharum</i> spp.	Brasil	AJ582772.1	555	ORF3 y ORF4 parciales
BRA-YL1	SP71-6163	Brasil	AM072750.1	5,612	Genoma completo
Braz1	SP77-5181	Brasil	AJ491257.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
chn1	CP93-1309	China	GU327735.1	5,803	Genoma completo
CHN-FJ4	FN02-3924	China	JQ266226.1	2,915	ORF1, ORF2 y ORF5 parciales ORF3 y ORF4 completos
CHN-GD3	YT86-368	China	JQ266228.1	2,876	ORF1, ORF2 y ORF5 parciales ORF3 y ORF4 completos
CHN-GD-GZ10-1	CP93-1634	China	HQ245324.1	1,284	ORF3 y ORF4 completos
CHN-GD-GZ10-3	CP93-1634	China	HQ245326.1	1,284	ORF3 y ORF4 completos
CHN-GD-ZC1	<i>Saccharum</i> spp.	China	HQ245328.1	1,284	ORF3 y ORF4 completos
CHN-GD-ZJ1-2	<i>Saccharum</i> spp.	China	HQ245330.1	1,284	ORF3 y OFR4 completos
ColMex-317	CP 72-2086	México, Colima	KT334298.1	512	ORF3 parcial
Haw1	H78-3606	USA, Hawái	AJ491261.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
Haw2	H87-4094	USA, Hawái	AJ491262.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
J55/487	<i>Saccharum</i> spp.	Kenia, Kilifi	KR608794.1	996	ORF3 completo
Kampala	<i>Saccharum</i> spp.	Kenia, Kilifi	KR608793.1	996	ORF3 completo
Maur1	M1658-78	Mauricio	AJ491263.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
Maur2	M2350-79	Mauricio	AJ491264.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
PER-YL1a	H50-7209	Perú	AM072752.1	5,612	Genoma completo
PER-YL1b	H50-7209	Perú	AM072753.1	5,612	Genoma completo

Nombre del aislado	Híbrido	Origen geográfico	Acceso NCBI	Tamaño de fragmento (pb)	Porción del genoma
Reun2	R85-1102	Reunión	AJ491266.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
REU-YL1a	R570	Reunión	AM072754.1	5,612	Genoma completo
SA1	N30	Sudáfrica	AJ491267.1	672	ORF5, ORF3 y ORF4 parciales
SCYLV-C4	CC84-75	Colombia	AF369929.1	2,832	ORF1, ORF2 y ORF5 parciales ORF3 y ORF4 completos
ChT-11	NA	México	AJ012650.1	924	Gen CP del PRSV

En otro estudio Chinnaraja *et al.* (2013) obtuvieron agrupaciones similares, además de otros clústeres correspondientes a otros genotipos reportados para SCYLV. En este estudio se obtuvo la misma tendencia de formación de tres clústeres principales antes mencionados, además de otros dos grupos donde se ubicaron el aislado de Colombia y en otro grupo secuencias de origen chino (Figura 3).

Figura 3. Árbol filogenético basado en el método UPGMA y máxima verosimilitud utilizando secuencias parciales y genomas completos del SCYLV. Se utilizó como grupo externo la secuencia CP del PRSV (*Papaya ringspot virus*) y se realizó análisis bootstrap con 1000 réplicas. Con un asterisco se resalta el aislado mexicano de este estudio. Genotipos HAW-PER: Hawái-Perú, BRA: Brasil, REU: Reunión, COL: Colombia y CHN: China.



Las variaciones genéticas entre los alineamientos de las secuencias que conformaron el árbol filogenético fueron de 0-18 nucleótidos, siendo las más diversas las secuencias de los genotipos CHN1 y CHN2, las cuales compartieron con la secuencia ColMex317 (KT334298.1) porcentajes de identidad de 96.29, 96.68 y 98.63% para CHN1 (HQ245326.1), CHN1 (GU327735.1) y CHN2 (HQ245324.1), respectivamente. El resto de las secuencias tuvieron porcentajes de identidad elevados con ColMex317, superiores al 99%. La secuencia de origen mexicano se agrupó con secuencias de Brasil, China, Kenia y Sudáfrica, por lo que probablemente su origen sea brasileño debido a que todas las secuencias de este grupo corresponden al genotipo BRA, sin embargo, es necesario analizar un mayor número de secuencias y de mayor longitud nucleotídica.

Varios autores han reportado un grupo exclusivo para cepas de Reunión (genotipo REU) (Wang *et al.*, 2012; Chinnaraja *et al.* 2013; Amata *et al.*, 2016; ElSayed *et al.*, 2018). En este estudio secuencias de Reunión y Mauricio fueron agrupadas en un clúster, donde los dos aislamientos REU que resultaron homólogos entre sí compartieron 99.41 y 99.61% de identidad con dos secuencias de Mauricio: AJ491264.1 y AJ491263.1, respectivamente. Sin embargo, dada la poca variabilidad genética y la cercanía geográfica de estas dos islas (Reunión y Mauricio) podría tratarse del mismo genotipo REU. La mayor cantidad de secuencias que consideró este trabajo correspondieron al genotipo BRA del SCYLV, que es el más abundante según se observa en reportes previos (Wang *et al.*, 2012; Chinnaraja *et al.* 2013; Amata *et al.*, 2016).

En China el análisis filogenético de 141 secuencias procedentes de diversas partes de ese país y el mundo mostró que todos los aislados de SCYLV se agruparon en 8 genotipos, de estos, 107 aislados de China se clasificaron en tres genotipos (BRA, HAW, CHN3), donde el genotipo BRA fue el más prevaleciente y fue detectado en todas las zonas muestreadas (102/107) (Lin *et al.*, 2015). En Mauricio, África, se identificó al SCYLV y se determinaron sus variantes genéticas. El genotipo REU se detectó en 10 variedades, mientras que otras 4 presentaron la variante genética BRA-PER. Fue detectada una infección mixta de los genotipos CUB y REU en la variedad Co6304, mientras que la Q88 estuvo coinfectada por genotipos BRA-PER y REU (Joomun y Dookun, 2010). En estos trabajos se utilizaron oligonucleótidos específicos para discriminar entre variantes genéticas de los aislamientos del SCYLV; sin embargo, en este estudio no se utilizaron estos iniciadores para ese fin. Por lo anterior, hace falta realizar estudios con los oligonucleótidos utilizados en los trabajos descritos anteriormente para determinar las variantes genéticas presentes en nuestro país, tomando en cuenta aislamientos provenientes de las regiones cañeras del sureste de México, que es en donde se concentra la zona cañera más importante. Los resultados de este estudio ayudan a comprender la

distribución de este virus en cultivos de caña de azúcar y dan una primera aproximación del origen filogenético del SCYLV aislado de México.

4 CONCLUSIONES

En los estados de Colima, Jalisco y Nayarit se detectó la presencia del SCYLV, agente causal del síndrome de la hoja amarilla en las principales zonas cañeras de varios municipios. Este virus se encuentra ampliamente distribuido en las zonas cañeras del Occidente de México, probablemente por la propagación por semilla estaca infectada y presencia de áfidos vectores. El análisis filogenético donde se incluyó el aislado mexicano indicó que el virus tiene un origen brasileño y corresponde al genotipo BRA debido a que se agrupó con tres aislados de ese país, entre otros más de diversos orígenes geográficos. En futuros trabajos sobre el SCYLV en México se deben utilizar regiones nucleotídicas de mayor longitud o teniendo en cuenta que el genoma de este virus es relativamente pequeño (5,800 nucleótidos aproximadamente) se pueden emplear genomas completos para obtener más información de su variabilidad genética.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abu Ahmad, Y.; Royer, M.; Daugrois, J. H.; Costet, L.; Lett, J. M.; Victoria, J. I.; Girard, J. C. and Rott, P. 2006. Geographical distribution of four *Sugarcane yellow leaf virus* genotypes. *Plant Disease*. 90(9):1156-1160.

Aday, D. O. C.; O-Hechavarría, M. L. L.; Zardón, N. M. A.; Rodríguez, L. E.; Mesa, L. J. M.; Puchades, I. Y.; Delgado, P. J. y Díaz, M. F. R. 2014. Distribución del *Virus de la hoja amarilla de la caña de azúcar* en Cuba. *Revista de Protección Vegetal*. 29(3):177-184.

Amata, R. L.; Fernandez, E.; Filloux, D.; Martin, D. P.; Rott, P. and Roumagnac, P. 2016. Prevalence of *Sugarcane yellow leaf virus* in sugarcane producing regions in Kenya revealed by reverse-transcription loop-mediated isothermal amplification method. *Plant Disease*. 100(2):260-268.

Aucatoma, G. B.; Castillo, R. O.; Mendoza, J. M. y Garcés, F. O. 2015. Factores que afectan la calidad de la caña de azúcar. Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador – CINCAE. Carta informativa CINCAE. 17(1):1-8.

Chinnaraja, C.; Viswanathan, R.; Karuppaiah, R.; Bagyalakshmi, K.; Malathi, P. and Parameswari, B. 2013. Complete genome characterization of *Sugarcane yellow leaf virus* from India: evidence for RNA recombination. *European Journal of Plant Pathology*. 135(2):335-49.

Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*. 32(5):1792-1797.

ElSayed, A. I.; Boulila, M.; Odero, D. C. and Komor, E. 2018. Phylogenetic and recombination analysis of sorghum isolates of *Sugarcane yellow leaf virus*. *Plant Pathology*. 67(1):221-232.

ElSayed, A. I.; Weig, A. and Komor, E. 2011. Molecular characterization of Hawaiian *Sugarcane yellow leaf virus* genotypes and their phylogenetic relationship to strains from other sugarcane-growing countries. *European Journal of Plant Pathology*. 129(3):399-412.

- Engbrecht, J.; Brent, R. and Kaderbhai, M. A. 2001. Minipreps of Plasmid DNA. *Current Protocols in Molecular Biology*. 15:ll:1.6:1.6.1-1.6.10.
- Figueredo, L.; Hernández, L. y Linares, B. 2004. Relación epidemiológica entre áfidos (Homoptera: Aphididae) y enfermedades virales en el cultivo caña de azúcar en los valles de los ríos Turbio y Yaracuy, Venezuela. *Caña de azúcar*. 22(01):5-19.
- Filippone, M. P.; Perera, M. F.; Salgado, M.; García, M. G.; Vellicce, G. R. y Castagnaro, A. P. 2010. Diagnóstico molecular de enfermedades sistémicas de la caña de azúcar en la Argentina: ajuste metodológico y aplicaciones. *Revista industrial y agrícola de Tucumán*. 87(2): 01-11.
- Flores Cáceres, S. 1997. Las enfermedades de la caña de azúcar en México. C. Gómez-Núñez (Ed). Córdoba, Veracruz, México. 285 p.
- Gao, S. J.; Lin, Y. H.; Pan, Y. B.; Damaj, M. B.; Wang, Q. N.; Mirkov, T. E. and Chen, R. K. 2012. Molecular characterization and phylogenetic analysis of *Sugarcane yellow leaf virus* isolates from China. *Virus Genes*. 45(2):340-349.
- Gonçalves, M. C.; Pinto, L. R.; Souza, S. C. and Landell, M. G. A. 2012. Virus diseases of sugarcane. A constant challenge to sugarcane breeding in Brazil. *Functional Plant Science and Biotechnology*. 6(2):108-116.
- Joomun, N. and Dookun, A. S. 2010. Occurrence of three genotypes of *Sugarcane yellow leaf virus* in variety collection in Mauritius. *Sugar Technology*. 12(3-4):312-316.
- Lehrer, A. T. and Komor, E. 2008. Carbon dioxide assimilation by virus-free sugarcane plants and by plants which were infected by *Sugarcane yellow leaf virus*. *Physiological and Molecular Plant Pathology*. 73(6):147-153.
- Lehrer, A.; Yan, S. L.; Fontaniella, B.; El-Sayed, A. and Komor, E. 2010. Carbohydrate composition of sugarcane cultivars that are resistant or susceptible to *Sugarcane yellow leaf virus*. *Journal of General Plant Pathology*. 76(1):62-68.
- Lin, Y. H., Wu, X. B.; Liu, Y. H.; Xiao, S. H.; Zhou, G. H.; Chen, R. K.; Fu, H. Y. and Gao, S. J. 2015. Molecular detection, genetic diversity and distribution of *Sugarcane yellow leaf virus* genotypes in China. *Tropical Plant Pathology*. 40(3):200-207.
- Lockhart, B. E. and Cronjé, C. P. R. 2000. Yellow leaf syndrome. In: *A Guide to Sugarcane Diseases*. pp. 291-295. P. Rott, R. A. Bailey, J. C. Comstock, B. J. Croft and A. S. Saumtally (Eds). CIRAD Publications Service. Montpellier, France.
- McCray, J. M.; Ezenwa, I. V.; Rice, R. W. and Lang, T. A. 2006. Sugarcane plant nutrient diagnosis. Florida Cooperative Extension Service Pub. SS-AGR-129. <http://edis.ifas.ufl.edu/sc075>.
- Moonan, F. and Mirkov, T. E. 2002. Analyses of the genotypic diversity among North, South, and Central American isolates of *Sugarcane yellow leaf virus*: evidence for Colombian origins and for intraspecific spatial phylogenetic variation. *Journal of Virology*. 76(3):1339-1348.
- Riley, S. P.; Woodman, M. E. and Stevenson, B. 2008. Culture of *Escherichia coli* and Related Bacteria. *Current Protocols Essential Laboratory Techniques*. 00:4.2:4.2.1-4.2.25.
- Rott, P.; Mirkov, T. E., Schenck, S. and Girard, J. C. 2008. Recent advances in research on *Sugarcane yellow leaf virus*, the causal agent of sugarcane yellow leaf. *Sugarcane International*. 26(3):18-22.

- Scagliusi, S. M.; Basu, S. K.; Gouvea, J. A. and Vega, J. 2009. Comparison of two diagnostic methods for evaluation of *Sugarcane yellow leaf virus* concentration in Brazilian sugarcane cultivars. *Functional Plant Science and Biotechnology*. 3(1):26-30.
- Schenck, S.; Lehrer, A. T. and Wu, K. K. 2001. Yellow leaf syndrome. Hawaii Agriculture Research Center, Pathology Report 68.
- Tiwari, A. K.; Vishwakarma, S. K. and Rao, G. P. 2012. Increasing incidence of sugarcane grassy shoot disease in Uttar Pradesh, India and its impact on yield and quality of sugarcane. *Phytopathogenic Mollicutes*. 2(2):63-67.
- Vasconcelos, A. C. M.; Gonçalves, M. C.; Pinto, L. R.; Landell, M. G. A. and Perecin, D. 2009. Effects of *Sugarcane yellow leaf virus* on sugarcane yield and root system development. *Functional Plant Science and Biotechnology*. 3(1):31-35.
- Vega, J.; Scagliusi, S. M. and Ulian, E. C. 1997. Sugarcane Yellow Leaf Disease in Brazil: Evidence of Association with a Luteovirus. *Plant Disease*. 81(1):21-26.
- Viswanathan, R.; Karuppaiah, R.; Malathi, P.; Kumar, V. G. and Chinnaraja, C. 2009. Diagnosis of *Sugarcane yellow leaf virus* in asymptomatic sugarcane by RT-PCR. *Sugar Technology*. 11(4):368-372.
- Wang, M. Q.; Xu, D. L.; Li, R. and Zhou, G. H. 2012. Genotype identification and genetic diversity of *Sugarcane yellow leaf virus* in China. *Plant Pathology*. 61:986-993.
- Xie, Y.; Wang, M.; Xu, D.; Li, R. and Zhou, G. 2009. Simultaneous detection and identification of four sugarcane viruses by one-step RT-PCR. *Journal of Virological Methods*. 162(1-2):64-68.

SOBRE O ORGANIZADOR

EDUARDO EUGENIO SPERS realizou pós-doutorado na Wageningen University (WUR), Holanda, e especialização no IGIA, França. Possui doutorado em Administração pela Universidade de São Paulo (USP). Foi Professor do Programa de Mestrado e Doutorado em Administração e do Mestrado Profissional em Comportamento do Consumidor da ESPM. Líder do tema Teoria, Epistemologia e Métodos de Pesquisa em Marketing na Associação Nacional de Pós-Graduação e Pesquisa em Administração (ANPAD). Participou de diversos projetos de consultoria e pesquisa coordenados pelo PENZA e Markestrat. É Professor Titular no Departamento de Economia, Administração e Sociologia, docente do Mestrado em Administração e Coordenador do Grupo de Extensão MarkEsalq no campus da USP/Esalq. Proferiu palestras em diversos eventos acadêmicos e profissionais, com diversos artigos publicados em periódicos nacionais e internacionais, livros e capítulos de livros sobre agronegócios, com foco no marketing e no comportamento do produtor rural e do consumidor de alimentos.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Abono orgánico 69, 70
Acuicultura 85, 86
Agrohomeopatía 180, 182, 183
Agua de vidrio 180, 182, 183
Alimentación de precisión 93, 96, 99
Amaranthus caudatus 69, 70, 75, 78, 81, 82
Amenazas 169, 170, 173
Anión superóxido 186, 187, 188, 190, 191
Antioxidantes 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194
Arbres 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 25, 27, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37
Arquitectura multiagente 93, 95
Assortiment 13, 14, 16, 19, 23, 25, 32

B

Babesia bigemina 196, 197, 198, 200, 203, 206, 207
Babesia bovis 196, 197, 198, 200, 202, 206
Bioclimatic indexes 127, 128, 129, 130, 132, 134
Bio insumos 180
Brisas de mar y tierra 146, 147, 148, 149, 151, 159

C

Caligus rogercresseyi 84, 85, 86, 91, 92
Catalasa 186, 187, 188, 193, 194
Cítricos 180, 181, 182, 183, 184
Control de calidad 101, 102, 104, 108
Costa del Rio de la Plata 146, 148, 149, 158
Cromatografía en capa fina 101, 102, 104, 106, 109

D

Disease control 42, 43
Diversidad genética 114, 115, 169, 170, 172, 174, 175

E

Éclaircie 13, 14, 15, 16, 20, 24, 25, 29, 30, 31, 32, 33

Économie 13

Eficiência no uso da água 1, 3

Estiércol 162, 163, 167, 168

F

Fertilización química 162

G

Growing Degree Days 127, 128, 129, 132, 135

I

Infusión 102, 103, 104, 105

Integración del hardware de proveedores 93

K

Kiwicha 69, 70, 71, 73, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82

L

Labranza de conservación 162, 166

Lenguaje de comunicación entre agentes 93

M

Machine learning 84, 85, 86, 90, 92

Maíz 57, 58, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 71, 161, 162, 163, 164, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178

Maturation 128, 129, 130, 132, 139, 140, 141, 142

Medicina tradicional 101, 102, 103

Microclima de canopia 146, 158

Milpa 57, 58, 63, 65, 68, 169, 170, 172, 173, 174, 176, 177

Minor grapevine varieties 128, 130, 131, 142

N

Nueva enfermedad 180

O

Olivais de elevada densidade 1, 3, 5, 6, 7, 9

Olivais de regadio 1

P

PCR-RFLP 196, 197, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207

Production forestière 13, 16

Productividad 58, 59, 63, 67, 84, 94, 172

R

Rega deficitária 1, 5, 6, 7, 9

Remedios herbolarios 102, 105, 110

RNA 112, 113, 115, 124, 196, 197, 199, 203, 206

RT-PCR 112, 113, 114, 115, 117, 118, 119, 120, 126

S

Saccharum spp 112, 113, 118, 119, 121

Salmonidos 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90

SCYLV 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124

Spraying 42, 43, 44, 49, 56

Superóxido dismutasa 185, 186, 187, 188, 192, 193, 194

T

Trucha arcoíris 85, 86, 87, 89, 90, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193

U

Unidad de producción 58, 62, 66, 67, 68

V

Viñedo 146, 147, 148, 149, 150, 151, 153, 154, 156, 157, 159

Viticulture 42, 43, 130, 142, 145, 160