



Respuesta de *Solanum lycopersicum* L. a *Rhizoctonia solani* durante las etapas de germinación y plántula

Ana Elizabeth Paredes-Cervantes¹ (<https://orcid.org/0000-0002-6073-3148>)

Juan Enrique Rodríguez-Pérez¹ (<https://orcid.org/0000-0002-5841-0083>)

Jaime Sahagún-Castellanos^{1*} (<https://orcid.org/0000-0003-0965-9672>)

Santos Gerardo Leyva-Mir¹ (<https://orcid.org/0000-0001-7333-4317>)

Martha Hernández-Rodríguez² (<https://orcid.org/0000-0001-8637-5142>)

Alma Aurora Deanda-Tovar¹ (<https://orcid.org/0000-0001-5022-9290>)

Leticia Robles-Yerena³ (<https://orcid.org/0000-0003-0176-9826>)

¹Universidad Autónoma Chapingo. Carretera México-Texcoco km 38.5, Chapingo, Texcoco, Estado de México, C. P. 56230, México.

²Colegio de Postgraduados, Campus Montecillos. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, Texcoco, Estado de México, C. P. 56264. México.

³Laboratorio de Secuenciación y Bioinformática, SENASICA-DGSV-CNRF. Carretera Federal México-Pachuca km 37.5, Tecámac, Estado de México, C. P. 55740, México.

*Autor para correspondencia: jsahagunc@yahoo.com.mx

Resumen



El hongo *Rhizoctonia solani* ocasiona pérdidas importantes en el cultivo de tomate debido a la ausencia de genes de resistencia a este patógeno. El objetivo de esta investigación fue evaluar características fenotípicas asociadas con la tolerancia a *R. solani* durante las etapas de germinación y plántula de 90 líneas de tomate, con el fin de identificar genotipos promisorios para programas de mejoramiento genético, así como desarrollar estrategias para evaluar la tolerancia en ambas fases del desarrollo. La prueba de germinación se realizó durante 10 días en una cámara de germinación, bajo oscuridad constante durante los primeros 3 días y luz artificial los siguientes 7 días, a 28 ± 2 °C y 70 ± 5 % de humedad relativa. Las semillas se inocularon con 2 mL de una suspensión con 336×10^3 fragmentos miceliales por mL. Se identificaron 24 líneas con mayor tolerancia a *R. solani*, las cuales presentaron menor incidencia de la enfermedad y mayor vigor en comparación con el testigo ($\alpha < 0.05$). En la etapa de plántula, la evaluación se realizó durante 10 días en un sistema de balsa flotante, con densidad de 166 plantas·m⁻². La inoculación se efectuó por el método de raíz desnuda durante 3 h con la misma suspensión de inóculo. En esta etapa, se identificaron 17 líneas tolerantes que tuvieron mayor área foliar y acumulación de biomasa en parte aérea y raíz ($\alpha < 0.05$). Las líneas L12, L13 y RF38 mostraron tolerancia a *R. solani* en ambas etapas fenológicas, por lo que se pueden incorporar en programas de mejoramiento genético de tomate. Asimismo, las pruebas desarrolladas permitieron evaluar un alto número de genotipos e identificar los más tolerantes.

Palabras clave: enfermedad fúngica, mejoramiento genético, marchitez, *damping-off*, tomate, jitomate.

Recibido: 09/05/2025

Aceptado: 23/03/2026

Introducción



Solanum lycopersicum es un cultivo de gran relevancia mundial. En 2023, la superficie cultivada alcanzó 5.4 millones de hectáreas, con una producción de 192.3 millones de toneladas (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO], 2024). El fruto de tomate se consume de diversas formas (fresco, cocinado y procesado) y constituye una fuente importante de vitaminas, minerales y antioxidantes (Ali et al., 2021); por ello, es un componente fundamental de la cultura gastronómica.

El incremento sostenido de la productividad del tomate enfrenta desafíos importantes, debido a la exposición constante del cultivo a factores bióticos y abióticos adversos que ocasionan pérdidas significativas en el rendimiento y la rentabilidad (Lata et al., 2024). Ante esta situación, se han adoptado esquemas intensivos basados en monocultivo, altas densidades y uso excesivo de insumos químicos. Estas prácticas generan microambientes con elevada humedad en el dosel vegetal, el sustrato y el aire, lo que favorece el desarrollo de enfermedades (Panno et al., 2021).

Entre las enfermedades que afectan al tomate, aproximadamente el 80 % son causadas por hongos fitopatógenos (Peng et al., 2021). Dentro de este grupo, *Rhizoctonia solani* Kühn (teleomorfo *Thanatephorus cucumeris* (Frank) Donk) destaca por su amplia distribución geográfica y su capacidad para reducir significativamente el rendimiento en tomate y otras especies hortícolas (Abbas et al., 2024). Este patógeno tiene gran capacidad de adaptación y sobrevive en el suelo durante periodos prolongados en forma de esclerocios (estructuras compactas de células monilioides o hifas indiferenciadas) aun en ausencia de un hospedante (Akber & Fang, 2024; Nasimi et al., 2024).

R. solani ocasiona daños severos en distintas etapas del desarrollo del tomate. Durante la germinación y en la fase de plántula induce el “damping-off”, que en preemergencia se manifiesta como pudrición de semillas y reducción en la germinación, mientras que en postemergencia provoca el colapso de plántulas (Raihan et al., 2024). En plantas adultas, causa tizón foliar y pudrición de la base del tallo y la raíz, además de lesiones necróticas, clorosis, retraso en el crecimiento y, en casos severos, marchitez generalizada (Bartz et al., 2010; Melzer et al., 2016; Pourmahdi & Taheri, 2015). Asimismo, reduce el crecimiento y desarrollo vegetal aun en ausencia de síntomas foliares evidentes, lo que dificulta su detección temprana (Quiroz-Ojeda et al., 2022).

La variabilidad genética de *R. solani* se agrupa en 14 grupos de anastomosis (AG), diferenciados por sus características bioquímicas, morfológicas y patogénicas, así como por su especificidad de



hospedante y nivel de virulencia (Melzer et al., 2016). Esta diversidad complica el manejo de la enfermedad, ya que algunos grupos presentan amplia plasticidad ecológica y capacidad de infectar múltiples hospedantes (Melzer et al., 2016). En tomate, los grupos AG2, AG3 y AG4 son los más relevantes, siendo AG3 el más agresivo y ampliamente distribuido en las principales regiones productoras a nivel mundial (Bartz et al., 2010; Gondal et al., 2019; Ortega-Acosta et al., 2022; Pourmahdi & Taheri, 2015).

Las estrategias de manejo, que incluyen prácticas culturales, aplicación de fungicidas y uso de agentes de control biológico (como hongos antagonistas o endófitos y bacterias promotoras del crecimiento con capacidad inductora de resistencia), han mostrado eficacia limitada en el control de *R. solani* (Datta et al., 2022; Zhao et al., 2022). Además, su efectividad a largo plazo se ve comprometida por la alta variabilidad genética del patógeno y su capacidad de adaptación (Melzer et al., 2016). En este contexto, el mejoramiento genético se reconoce como una estrategia sostenible para la producción agrícola (Nelson et al., 2018). En particular, la identificación de genotipos con resistencia parcial o tolerancia resulta relevante, ya que permite reducir la severidad de la enfermedad a lo largo del ciclo del cultivo y contribuir a la estabilidad productiva (Peng et al., 2021).

Por lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue asociar características fenotípicas de 90 líneas de tomate con la tolerancia a *R. solani* durante las etapas de germinación y plántula, así como identificar genotipos con mayor capacidad de mantener su crecimiento bajo condiciones de infección. Asimismo, se propuso desarrollar una estrategia de evaluación fenotípica de corta duración, efectiva y precisa, que permita identificar genotipos tolerantes a *R. solani* y que sea aplicable al análisis simultáneo de un gran número de materiales.

Materiales y métodos

Genotipos evaluados



Se evaluaron 90 líneas homocigotas (F₁₂ a F₁₅) desarrolladas en el programa de mejoramiento genético de tomate de la Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Estas líneas se generaron a partir de poblaciones segregantes derivadas de cruces entre híbridos comerciales.

Preparación del inóculo

Se utilizó un aislamiento de *R. solani* proveniente del Banco de Hongos Fitopatógenos del Departamento de Parasitología Agrícola de la UACH. La cepa se reactivó en medio PDA (200 g de papa, 15 g de dextrosa, 20 g de agar en 1 L de agua destilada). Posteriormente, se purificó mediante la técnica de punta de hifa durante 30 días y se transfirió a cajas Petri con PDA durante 7 días a 25 ± 2 °C.

Para la preparación del inóculo, el micelio se suspendió en agua estéril mediante el licuado del medio de 10 cajas Petri en 1 L de agua y 5 gotas de Tween 20. Este proceso se realizó hasta obtener 200 L de inóculo para la prueba en plántula y 1 L para la prueba en germinación. La concentración de la suspensión empleada fue 336×10^3 fragmentos miceliales por mL, determinada mediante recuento en hematocitómetro.

Evaluación de la respuesta de líneas de tomate a *R. solani* durante la germinación



El experimento se estableció en una cámara germinadora (D-7140, Lab-Tech Inc. ®) a 28 ± 2 °C y 70 ± 5 % de humedad relativa. Las semillas se mantuvieron en oscuridad durante los primeros 3 días, seguidos de 7 días bajo luz artificial.

La unidad experimental (UE) consistió en una caja Petri de 5 cm de diámetro con papel filtro y 25 semillas. Se estableció un diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. En el tratamiento con inoculación se agregaron 2 mL de la suspensión de *R. solani* (336×10^3 fragmentos miceliales por mL) por UE, mientras que en el testigo se adicionaron 2 mL de agua destilada. Todas las UE se regaron con 0.5 mL de agua destilada estéril a los 3, 6 y 9 días después de la siembra (DDS).

Durante 10 días, se registró el número de semillas dañadas por *R. solani* (NSD_i) y el número de semillas germinadas (NSG_i), a partir de los cuales se calculó el porcentaje de germinación (PG). Asimismo, se calculó el índice de velocidad de daño (IVD):

$$IVD = \sum_{i=1}^n \frac{NSD_i}{T_i}$$

y el índice de velocidad de germinación (IVG) de Maguire (1962):

$$IVG = \sum_{i=1}^n \frac{NSG_i}{T_i}$$

donde NSD_i y NSG_i corresponden al número de semillas dañadas y germinadas entre los conteos i e $i-1$, respectivamente, T_i es el número de días después de la siembra en el conteo i y n es el número de conteos realizados.

El área bajo la curva del progreso de la enfermedad ($ABCPE$) se calculó mediante:



$$ABCPE = \sum_{i=1}^n \left[\frac{X_i + X_{i-1}}{2} \right]$$

donde X_i es el número de semillas dañadas en el conteo i y X_{i-1} es el número de semillas dañadas en el conteo $i-1$. La incidencia de la enfermedad (IN) en la semilla se obtuvo con la fórmula:

$$IN = \frac{\text{Número final de plántulas o semillas dañadas}}{\text{Número de semillas de la unidad experimental}} \times 100$$

A los 10 DDS, se obtuvo una muestra de cinco plántulas de la UE para medir la longitud de radícula (LRA, cm), longitud de plúmula (LP, cm) y longitud total (LTO, cm). Además, se registró el peso seco total (PS, mg) con una balanza analítica (Discovery, OHAUS®) después de secar la biomasa en una estufa (H-48, serie 301007, Riossa®) a 55 °C durante tres días.

Evaluación de la respuesta de líneas de tomate a *R. solani* en etapa de plántula

El experimento se realizó en un invernadero tipo “full vent” de nivel tecnológico medio, con ventilación cubierta con malla antiáfidos y cubierta plástica de calibre 600 con 80 % de transmisión de luz, ubicado en el Campo Experimental de la UACH (19° 29' 23.5" N y 98° 52' 26.6" O, a 2 267 m s. n. m.).

Las semillas se sembraron en esponja agrícola (Oasis®, Floral México) de 2 × 2 × 2 cm. A los 18 DDS, las plántulas se trasplantaron a un sistema de balsa flotante con placas de poliestireno colocadas sobre tinajas (120 × 240 cm) con capacidad de 450 L de solución nutritiva formulada de acuerdo con Cadahía-López (2005) para tomate. La densidad de cultivo fue de 166 plantas·m⁻².



Se estableció un diseño de bloques completos al azar. En el tratamiento testigo se utilizaron dos repeticiones, mientras que en los tratamientos inoculados se emplearon cuatro repeticiones, con el fin de incrementar la precisión experimental ante la variabilidad inducida por el patógeno. Cada bloque correspondió a una tina con 90 UE, las cuales estuvieron conformadas por cinco plántulas.

A los 23 DDS, las plántulas se retiraron de la solución nutritiva y se cortaron las raíces 2 cm por debajo de la esponja. Las plántulas del testigo se reintrodujeron en la solución nutritiva, mientras que las plántulas de los tratamientos con *R. solani* se inocularon mediante el método de raíz desnuda descrito por Winstead y Kelman (1952). Las plántulas se sumergieron en una suspensión de *R. solani* (336×10^3 fragmentos miceliales por mL) durante 3 h. Posteriormente, se reubicaron en las tinas con solución nutritiva. Diez días después de la inoculación (DDI), se evaluó la altura de planta final (APF, cm), calculada como el promedio de tres plántulas centrales por UE.

Se obtuvieron imágenes digitales de raíces y hojas con una escala de referencia, y se estimaron la longitud de raíz (LR, cm) y el área foliar (AF, cm²) mediante el software ImageJ (Schneider et al., 2012).

El material vegetal se colocó en bolsas de papel y se secó en una estufa de aire forzado (H-48, serie 301007, Riossa®) a 55 °C durante 5 días. Posteriormente, se determinó la materia seca acumulada de raíces (PSR, g) y de la parte aérea (PSA, g) con balanza analítica (Discovery, OHAUS®).

La tasa de crecimiento en altura (C, cm·d⁻¹) se estimó a partir de tres mediciones (0, 3 y 9 DDI), mediante ajuste a un modelo exponencial para cada UE.

Análisis estadístico

Con el fin de reducir los efectos genotípicos, se calcularon índices relativos al dividir el valor de cada variable registrada ante *R. solani* entre el promedio del testigo correspondiente. Los índices se usaron para realizar análisis de agrupamiento mediante las distancias de Gower (1967) y el método de mínima varianza de Ward. La altura de corte se determinó con los estadísticos pseudo-



t^2 de Hotelling (1951) y pseudo-F (Johnson, 2000). La validez de las agrupaciones se evaluó mediante un análisis discriminante lineal y pruebas de resustitución. La contribución de los índices en la conformación de grupos se verificó mediante los vectores propios de las variables discriminantes.

Se realizaron análisis de varianza y comparaciones de medias de Tukey ($\alpha = 0.05$), donde se consideraron como fuentes de variación los grupos identificados y los genotipos anidados dentro de cada grupo. Asimismo, se realizaron correlaciones de Pearson en cada prueba y en cada conjunto. Los análisis se efectuaron en SAS® Studio con los procedimientos CLUSTER, DISCRIM, GLM y CORR. En ambas etapas (germinación y plántula) se realizaron los mismos análisis estadísticos.

Resultados y discusión

Caracterización morfológica de *R. solani*

En el cultivo de PDA, *R. solani* desarrolló colonias color café (Figura 1A). Se observaron hifas con ramificaciones laterales en ángulo recto, con ligera constricción en la base de la ramificación y septos cercanos al punto de origen (Figura 1B). Además, se identificaron células monilioides dispuestas en cadenas con desarrollo acropétalo y esclerocios de color marrón con formas variadas. Estas características coinciden con descripciones previas (Lakshman et al., 2016), de acuerdo con los criterios taxonómicos propuestos por Watanabe (2002) para *R. solani* Kühn (teleomorfo: *Thanatephorus cucumeris* (Frank) Donk).

En ambas etapas (germinación y plántula), se obtuvieron nuevas colonias de *R. solani* a partir de 60 muestras de material vegetal inoculado seleccionadas aleatoriamente. Los aislamientos



obtenidos presentaron características morfológicas idénticas a las del inóculo original, lo que permitió corroborar los postulados de Koch.

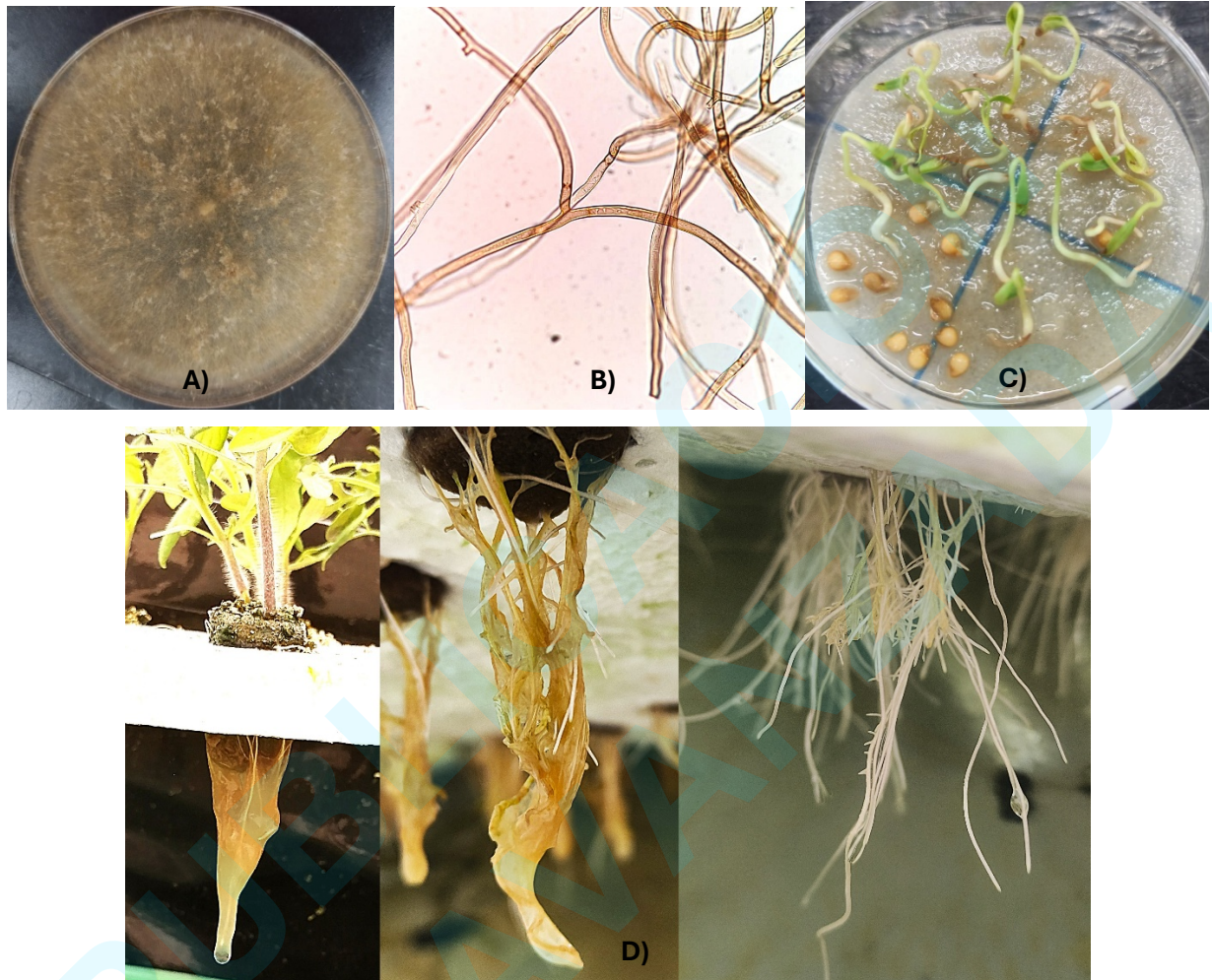


Figura 1. Caracterización morfológica de *Rhizoctonia solani* Kühn y síntomas en tomate (*Solanum lycopersicum* L.): A) desarrollo micelial color café en medio PDA, B) hifas maduras pigmentadas con ramificaciones en ángulo recto, constricción basal y septo adyacente a la unión, observadas en microscopio óptico (CX31, Olympus Corporation, Japón) con objetivo de 40×, C) síntomas en semillas y plántulas durante la germinación tras la inoculación con *R. solani* (crecimiento de micelio sobre la semilla y necrosis en la inserción de la plúmula y la radícula), y D) raíces de plántulas inoculadas con *R. solani* a los 3 días después de la inoculación (DDI), con presencia de micelio y necrosis, en comparación con raíces de plantas testigo no inoculadas.



Respuesta de líneas de tomate a *R. solani* durante la germinación

Los síntomas observados correspondieron a los descritos por Ajayi-Oyetunde y Bradley (2018) y Taheri et al. (2024) para *R. solani* en tomate durante la germinación. A partir de los 4 DDI, se detectó crecimiento micelial sobre la semilla, ablandamiento de la testa y necrosis en la inserción de la plúmula y la radícula, así como en sus tejidos (Figura 1C).

El análisis de agrupamiento basado en distancias de Gower y el método de Ward identificó cuatro grupos, con una altura de corte de 0.0486 en R^2 semiparcial, determinada a partir de la pseudo- t^2 y la pseudo-F. Los grupos incluyeron 42, 14, 24 y 10 genotipos, lo que evidencia variabilidad en la respuesta a la infección. El análisis discriminante lineal validó esta clasificación. Dos variables discriminantes (VD1 y VD2) explicaron el 95 % de la variación total (82 y 13 %, respectivamente; $\alpha < 0.0001$), con valores propios de 6.58 y 1.06.

Los vectores propios (Cuadro 1) indican que la VD1 se asoció positivamente con el IVD, la IN y el ABCPE, y negativamente con la LP y la LTO. En consecuencia, valores bajos de VD1 corresponden a genotipos más tolerantes a *R. solani*. La VD2 se relacionó positivamente con el IVG y el PG.

Cuadro 1. Vectores propios de las variables discriminantes (VD1 y VD2) obtenidas a partir de índices de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados con *Rhizoctonia solani* durante la etapa de germinación.

Variable	Vectores propios		Funciones de clasificación	
	VD1	VD2	VD1	VD2
Índice de velocidad de germinación (IVG)	0.293	0.735	3.111	-0.058
Porcentaje de germinación (PG)	0.133	0.846	-3.094	5.073



Índice de velocidad de daño (IVD)	0.920	0.349	-11.952	11.306
Incidencia (IN)	0.832	0.504	0.280	-0.184
Área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE)	0.961	0.072	0.323	-0.255
Peso seco (PS)	-0.497	0.286	0.115	-0.166
Longitud de plúmula (LP)	-0.789	0.398	-2.126	-2.814
Longitud de radícula (LRA)	-0.486	0.340	-0.834	-2.010
Longitud total (LTO)	-0.768	0.409	-1.365	7.441

La representación de VD1 y VD2 (Figura 2) ubicó a los genotipos con mayor tolerancia del grupo 3 en el cuadrante II, los cuales presentaron menor daño (bajos valores de IVD, IN y ABCPE) y mayor vigor (altos valores de LP y LTO). Los genotipos del grupo 4 mostraron daños similares a los del grupo 3, aunque con menor vigor. Los grupos 1 y 2 presentan mayor susceptibilidad.

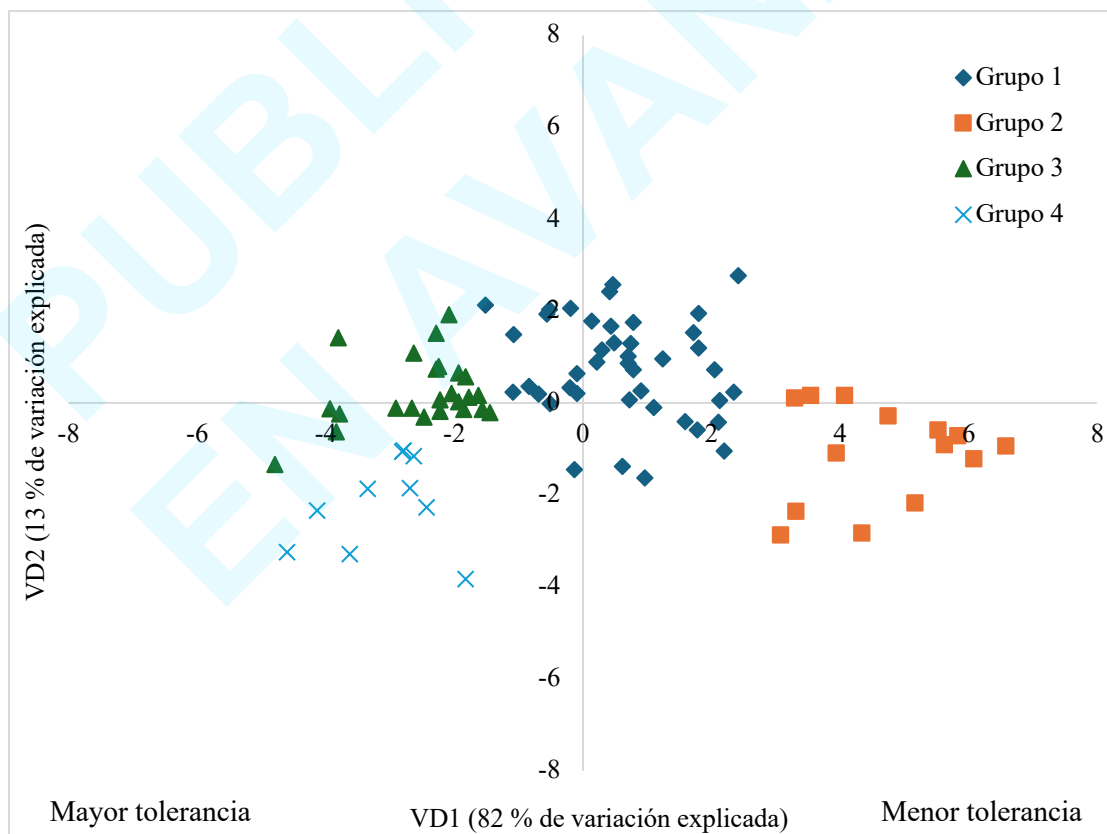




Figura 2. Representación de las variables discriminantes de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados con *Rhizoctonia solani* durante la etapa de germinación. VD1: variable discriminante 1, valores bajos indican genotipos con mayor tolerancia, caracterizados por menor daño de la enfermedad y mayor longitud total y de plúmula. VD2: variable discriminante 2, valores altos corresponden a genotipos con mayor tolerancia, asociados con mayor porcentaje de germinación y mayor índice de velocidad de germinación.

El análisis de varianza, donde se consideraron como factores de variación los grupos y los genotipos anidados dentro de grupo (datos no mostrados), confirmó diferencias significativas entre grupos ($\alpha \leq 0.01$). Los coeficientes de variación fueron menores al 30 % en IVG, PG, IVD y IN, mientras que en ABCPE, PS, LP, LRA y LTO, la variación fue mayor debido al estrés provocado por la enfermedad.

La comparación de medias de grupos (Cuadro 2) fue consistente con la caracterización realizada con el análisis discriminante. El grupo 3 presentó la mayor tolerancia a *R. solani*, al mostrar el mayor vigor durante la germinación (PG, PS, LP, LRA y LTO) ($\alpha \leq 0.05$) y menores valores de IVD, IN y ABCPE ($\alpha \leq 0.05$). El grupo 4 mostró tolerancia moderada, caracterizada por buen desarrollo ante *R. solani*, pero menor capacidad germinativa (IVG y PG). El grupo 2 fue el más susceptible ($\alpha \leq 0.05$), mientras que el grupo 1 presentó una respuesta intermedia.

Cuadro 2. Comparación de medias de caracteres fenotípicos de los grupos en la prueba de germinación de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados con *Rhizoctonia solani*.

Grupo	IVG	PG	IVD	IN	ABCPE	PS	LP	LRA	LTO
1	0.808 a	0.888 a	2.119 b	68.476 b	34.161 b	0.449 b	0.500 b	0.367 a	0.461 b
2	0.739 b	0.795 b	2.742 a	78.857 a	56.714 a	0.305 c	0.181 c	0.161 b	0.174 c
3	0.732 b	0.874 a	1.191 c	42.042 c	14.807 c	0.597 a	0.624 a	0.376 a	0.547 a
4	0.519 c	0.590 c	0.674 d	22.700 d	9.338 d	0.443 b	0.549 ab	0.377 a	0.501 ab
DMSH	0.065	0.067	0.211	6.275	5.070	0.115	0.083	0.079	0.076



IVG: índice de velocidad de germinación; PG: porcentaje de germinación; IVD: índice de velocidad de daño; IN: incidencia; ABCPE: área bajo la curva del progreso de la enfermedad; PS: peso seco; LP: longitud de plúmula; LRA: longitud de radícula; LTO: longitud total. DMSH: diferencia mínima significativa honesta. Letras diferentes en cada columna indican diferencias significativas (Tukey, $\alpha \leq 0.05$).

El grupo 2 registró incrementos de 174, 78 y 56 % en IVD, IN y ABCPE, respectivamente, respecto al testigo. Estos valores se asociaron con síntomas severos, como pudrición de tejidos, muerte de semillas, y necrosis en radícula y plúmula, consistentes con reportes previos en otros cultivos. Por ejemplo, en soya (*Glycine max*), la infección por *R. solani* redujo hasta 77 % la longitud de radícula (Lamichhane & Aubertot, 2021), similar al 84 % observado en esta investigación.

La homogeneidad de la respuesta dentro de cada grupo sugiere que los genotipos agrupados comparten niveles similares de tolerancia o susceptibilidad a *R. solani* (datos no mostrados).

Respuesta de líneas de tomate a *R. solani* en etapa de plántula

En la etapa de plántula, no se observaron síntomas aéreos severos como clorosis, daño en la base del tallo y muerte de plántulas. No obstante, a los 3 DDI se detectó necrosis radicular (Figura 1D), lo que evidencia una fase inicial de infección. Este hallazgo coincide con estudios que reportan que alteraciones fisiológicas tempranas, como la reducción en la transpiración y la acumulación de biomasa, preceden a la aparición de síntomas visibles (Akber & Fang, 2024; Friedman et al., 2025).

El uso de un sistema de balsa flotante permitió la evaluación directa del sistema radical, lo que constituye una ventaja respecto a ensayos en suelo o sustrato sólido, donde la observación de raíces resulta limitada. Asimismo, el establecimiento de un testigo en condiciones óptimas permitió atribuir con mayor certeza las reducciones del crecimiento a la infección por *R. solani*.



El análisis de agrupamiento identificó cinco grupos (19, 33, 9, 12 y 17 genotipos), con una altura de corte de 0.0482 en R^2 semiparcial. El análisis discriminante explicó el 97 % de la variación total mediante dos variables discriminantes (VD1 y VD2), con valores propios de 6.75 y 1.52, y variación explicada de 79 y 18 %, respectivamente ($\alpha \leq 0.0001$). La VD1 se asoció positivamente con la PSR, PSA y AF, mientras que la VD2 se asoció con la APF y C (Cuadro 3). En consecuencia, valores elevados en ambas variables discriminantes indican mayor tolerancia de la planta a *R. solani*.

Cuadro 3. Vectores propios de las variables discriminantes (VD1 y VD2) obtenidas a partir de índices de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados durante la etapa de plántula con *Rhizoctonia solani*.

Variable	Vectores propios		Funciones de clasificación	
	VD1	VD2	VD1	VD2
Altura de planta (APF)	-0.053	0.910	-6.173	10.902
Peso seco de raíz (PSR)	0.770	-0.209	6.148	-4.710
Peso seco de parte aérea (PSA)	0.841	0.261	3.190	0.297
Área foliar (AF)	0.891	0.399	11.090	5.082
Largo de raíz (LR)	0.503	0.117	3.657	-0.494
Tasa de crecimiento (C)	-0.360	0.808	-3.876	6.372

La Figura 3 muestra los genotipos en función de VD1 y VD2. El grupo 5, ubicado principalmente en el cuadrante I, concentró los genotipos más tolerantes, con mayor acumulación de biomasa (PSR y PSA) y AF. Los grupos 1 y 3 mostraron tolerancia intermedia, mientras que los grupos 2 y 4 fueron los más susceptibles.

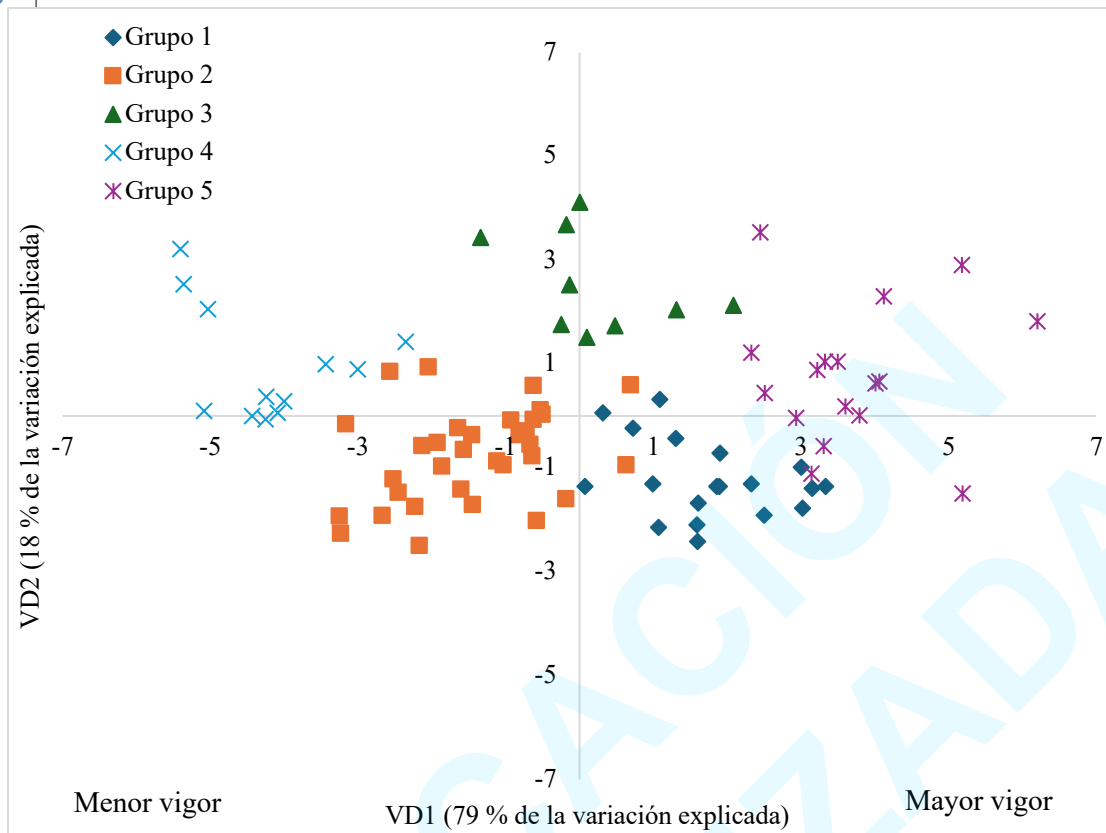


Figura 3. Representación de las variables discriminantes de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados con *Rhizoctonia solani* durante la etapa de plántula. VD1: variable discriminante 1, valores altos indican genotipos tolerantes con mayor biomasa y área foliar. VD2: variable discriminante 2, valores altos corresponden a genotipos tolerantes con mayor altura y tasa de crecimiento.

Para el análisis de varianza, se consideraron los grupos identificados como factores de variación y los genotipos anidados dentro de grupos (datos no mostrados). Este análisis evidenció diferencias significativas entre grupos ($\alpha \leq 0.05$), con coeficientes de variación inferiores al 25 %. La comparación de medias indicó que el grupo 5 presentó mayor tolerancia a *R. solani*, al mostrar valores altos de PSR, PSA, AF y LR ($\alpha \leq 0.05$), así como desarrollo intermedio de APF y C (Cuadro 4). Por su parte, los grupos 2 y 4, considerados susceptibles, mostraron reducciones significativas en estas variables ($\alpha \leq 0.05$), mientras que los grupos 1 y 3 tuvieron tolerancia intermedia.



Cuadro 4. Comparación de medias de caracteres fenotípicos de los grupos en la etapa de plántula de 90 genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) inoculados con *Rhizoctonia solani*.

Grupo	APF	PSR	PSA	AF	LR	C
1	0.674 c	1.103 a	0.810 b	0.730 b	1.076 bc	0.637 b
2	0.693 c	0.953 b	0.662 c	0.594 c	1.080 b	0.685 b
3	0.822 a	0.996 b	0.805 b	0.806 ab	1.077 bc	0.840 a
4	0.779 ab	0.877 c	0.622 c	0.523 c	0.972 c	0.807 a
5	0.755 b	1.074 a	0.925 a	0.877 a	1.306 a	0.692 b
DMSH	0.052	0.070	0.095	0.091	0.106	0.063

AP: altura de planta; PSR: peso seco de raíz; PSA: peso seco aéreo; AF: área foliar; LR: largo de raíz; C: tasa de crecimiento. DMSH: diferencia mínima significativa honesta. Letras diferentes en cada columna indican diferencias significativas (Tukey, $\alpha \leq 0.05$).

El grupo 4 presentó reducciones de 22 % en PSR, 38 % en PSA y 48 % en AF, mientras que el grupo 1 redujo 33 % la APF con respecto al testigo. Estas disminuciones se asocian con alteraciones fisiológicas inducidas por el patógeno, como la reducción en la absorción de agua y nutrientes, disminución de clorofila y carbohidratos, así como menor actividad enzimática y fotosintética (Abbas et al., 2024; Rafiq et al., 2024; Sharma et al., 2024).

No se detectaron correlaciones significativas entre los caracteres evaluados en germinación y plántula (datos no mostrados). En germinación, las correlaciones mayores a 0.5 ($\alpha \leq 0.001$) ocurrieron entre IVG y PG, IVD con IN y ABCPE, y LP con PS y LTO. En la prueba en plántula, estas correlaciones fueron entre APF y C, y PSA con AF y PSR.

Se identificaron 24 líneas tolerantes en germinación y 17 en plántula (Cuadro 5). Las líneas L12, L13 y RF38 mostraron tolerancia en ambas etapas, lo que las posiciona como materiales promisorios para programas de mejoramiento genético.



Cuadro 5. Clasificación de líneas avanzadas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en grupos definidos por análisis de conglomerados y análisis discriminante durante las etapas de germinación y plántula, bajo inoculación con *Rhizoctonia solani*.

		Germinación			
		Grupo 1: Tolerancia intermedia	Grupo 2: Susceptible	Grupo 3: Tolerante	Grupo 4: Tolerancia intermedia
Plántula	Grupo 1: Tolerancia intermedia	L11-4, L39, L45, L46, L56, L65, L69 y L9 L22, L23, L40, L51, L58, L6,	L28, L43, L5 y L80	L29, L31, L49, L53, L7 y L72	L2
	Grupo 2: Susceptible	L63, L74, L76H, L78, MERM, RF46 y RF48	L4-1, L4-3, L50, L57, L85 y L86	L3, L37, L47S8, L48, L54, L61, RF1, RF81 y SS2	L44, L47B1, L89, L90 y SS5
	Grupo 3: Tolerancia intermedia	L10, L14, L34, L51H, L60 y L64		L36, L73 y L75	
	Grupo 4: Susceptible	L30, L41, L59, L68, RF12, y RF41	L27 y L35	L1, L47S2 y L47SINV	L33
	Grupo 5: Tolerante	L15, L19, L24, L42, L52, L71, L8, L91 y L18	L55 y L92D	L12, L13 y RF38	L20, L66 y L88

La ausencia de reportes en la literatura sobre genes mayores de resistencia a esta enfermedad (Zhao et al., 2022) sugiere que la tolerancia observada es de naturaleza cuantitativa (poligénica), por lo que podría ser más duradera (Ajayi-Oyetunde & Bradley, 2018; Nelson et al., 2018). Este tipo de resistencia se asocia con mecanismos fisiológicos y bioquímicos complejos, como la actividad de enzimas antioxidantes y de defensa (por ejemplo, peroxidasas, catalasas, fenilalanina amonio-liasas)



y polifenol oxidasa), así como con la expresión coordinada de genes relacionados con la respuesta a patógenos. Dicha actividad enzimática ha sido reportada en estudios de tomate y maíz contra *Alternaria solani* y *R. solani*, respectivamente (Kumar et al., 2023; Nafisa et al., 2020). En lenteja (*Lens culinaris* Medik) infectada con *R. bataticola* se identificaron genes asociados con la defensa, incluyendo proteínas de resistencia, factores de transcripción, quinasas, receptores de señalización, proteínas PR y enzimas antioxidantes. Lo anterior refleja que parte de la respuesta de las plantas a *Rhizoctonia* es multifactorial y poligénica (Mishra et al., 2022).

Desde el punto de vista del mejoramiento genético, estos resultados indican que la selección se debe orientar hacia esquemas de resistencia horizontal, mediante estrategias como la selección recurrente o estudios de asociación genómica (GWAS) que permitan capturar efectos poligénicos.

Las metodologías desarrolladas permitieron evaluar múltiples genotipos en un periodo corto (10 días), lo que representa una ventaja significativa en términos de eficiencia y reducción de costos. Además, los resultados destacan la importancia de evaluar la tolerancia a *R. solani* en diferentes etapas del desarrollo, debido a la naturaleza dinámica de la interacción planta-patógeno (Sumalatha et al., 2018; Taheri et al., 2024).

En la etapa de germinación, los indicadores más eficientes para discriminar tolerancia fueron IVD, IN, ABCPE y PG. En plántula, las variables más informativas fueron la biomasa (PSA, PSR), el AF y los parámetros de crecimiento (APF y C).

Aunque la duración del ensayo en plántula (10 DDI) limitó la aparición de síntomas visibles en la parte aérea, la evaluación temprana del sistema radical permitió detectar efectos del patógeno de manera oportuna. Este enfoque contrasta con estudios previos que requieren de 20 a 21 DDI para observar síntomas visibles (Errifi et al., 2019; Gondal et al., 2019), lo que resalta la eficiencia del método propuesto.

Conclusiones



La variabilidad genética de las 90 líneas avanzadas de tomate frente a *Rhizoctonia solani* permitió clasificar a los genotipos en grupos con distintos niveles de tolerancia. Las líneas L12, L13 y RF38, con tolerancia en germinación y en plántula, pueden servir como fuente de resistencia en programas de mejoramiento genético de tomate. Asimismo, las líneas que mostraron tolerancia en una sola etapa representan recursos valiosos que pueden integrarse en esquemas de selección específicos.

El comportamiento diferenciado de la tolerancia de los genotipos en distintas etapas fenológicas evidencia que la respuesta a *R. solani* es dependiente del desarrollo de la planta, lo que subraya la necesidad de realizar evaluaciones durante todo el desarrollo de la planta.

La metodología empleada demostró ser eficiente, reproducible y adecuada para la evaluación simultánea de numerosos genotipos en periodos cortos. Su capacidad para discriminar niveles de tolerancia se sustenta en el uso de condiciones controladas, la inclusión de testigos de referencia y la validación del agente causal mediante los postulados de Koch.

Agradecimientos

Al C. Jorge Luis Sánchez Galicia, a la C. Mariana Romualda Calzada Millán y al Quím. Ricardo Gaspar Hernández por su apoyo en el desarrollo de la fase experimental en invernadero y laboratorio.

Referencias

- Abbas, M. M., Ismael, W. H., Mahfouz, A. Y., Daigham, G. E., & Attia, M. S. (2024). Efficacy of endophytic bacteria as promising inducers for enhancing the immune responses in tomato plants and managing *Rhizoctonia* root-rot disease. *Scientific Reports*, *14*, 1331. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-51000-8>
- Ajayi-Oyetunde, O. O., & Bradley, C. A. (2018). *Rhizoctonia solani*: taxonomy, population biology and management of rhizoctonia seedling disease of soybean. *Plant Pathology*, *67*(1), 3–17. <https://doi.org/10.1111/ppa.12733>



- Akber, M. A., & Fang, X. (2024). Research progress on diseases caused by the soil-borne fungal pathogen *Rhizoctonia solani* in alfalfa. *Agronomy*, *14*(7), 1483. <https://doi.org/10.3390/agronomy14071483>
- Ali, M. Y., Sina, A. A., Khandker, S. S., Neesa, L., Tanvir, E. M., Kabir, A., Khalil, M. I., & Gan, S. H. (2021). Nutritional composition and bioactive compounds in tomatoes and their impact on human health and disease: A review. *Foods*, *10*(1), 45. <https://doi.org/10.3390/foods10010045>
- Bartz, F. E., Cubeta, M. A., Toda, T., Naito, S., & Ivors, K. L. (2010). An in planta method for assessing the role of basidiospores in *Rhizoctonia* foliar disease of tomato. *Plant Disease*, *94*(5), 515–520. <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-5-0515>
- Cadahía-López, C. (2005). *Fertirrigación: cultivos hortícolas, frutales y ornamentales*. Ediciones Mundi-Prensa.
- Datta, S., Sarkar, M., Chowdhury, A., Rakwal, R., Agrawal, G. K., & Sarkar, A. (2022). A comprehensive insight into the biology of *Rhizoctonia solani* AG1-IA Kühn, the causal organism of the sheath blight disease of rice. *Journal of Plant Pathology*, *104*, 1–20. <https://doi.org/10.1007/s42161-021-00974-3>
- Errifi, A., Touhami, A. O., Mouden, N., Chliyah, M., Al Batnan, A., Selmaoui, K., Benkirane, R., & Douira, A. (2019). Comparative pathogenicity of *Rhizoctonia solani* against different plant species widely cultivated in Morocco. *Plant Archives*, *19*(2), 2379-2399. [https://www.plantarchives.org/19-2/2379-2399%20\(5072\).pdf](https://www.plantarchives.org/19-2/2379-2399%20(5072).pdf)
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2024, December). *FAOSTAT Statistical Database: Datos sobre alimentación y agricultura*. FAOSTAT. <https://www.fao.org/faostat/es/>
- Friedman, S., Dalal, A., Batat, D., Burdman, S., Sela, Y., Hipsch, M., Rosenwasser, S., Hadad, E. M., Covo, S., & Moshelion, M. (2025). Early detection and quantification of *Fusarium* wilt in greenhouse-grown tomato plants using water-relation measurements. *Plant Disease*, *109*(10). <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-24-1523-RE>



- Gondal, A.S., Rauf, A., & Naz, F. (2019). Anastomosis groups of *Rhizoctonia solani* associated with tomato foot rot in Pothohar Region of Pakistan. *Scientific Reports*, 9(1), 3910. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40043-5>
- Gower, J. C. (1967). A comparison of some methods of cluster analysis. *Biometrics*, 23(4), 623–637. <https://doi.org/10.2307/2528417>
- Hotelling, H. (1951). A generalized T test and measure of multivariate dispersion. *Proceedings of the Second Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, 1, 23–41. <https://doi.org/10.1525/9780520411586-004>
- Johnson, D. E. (2000). *Métodos multivariados aplicados al análisis de datos*. Thompson Editores.
- Kumar, S., Kaur, H., Hunjan, M. S., & Kaur, K. (2023). Biochemical changes induced in the maize leaf sheath upon inoculation with *Rhizoctonia solani* incitant of banded leaf and sheath blight. *Cereal Research Communications*, 51(2), 413–423. <https://doi.org/10.1007/s42976-022-00310-0>
- Lakshman, D. K., Jambhulkar, P. P., Singh, V., Sharma, P., & Mitra, A. (2016). Molecular identification, genetic diversity, population genetics, and genomics of *Rhizoctonia solani*. In P. Chowdappa (Ed.), *Perspectives of Plant Pathology in Genomic Era* (pp. 55–89). Indian Phytopathological Society. <https://www.researchgate.net/publication/299487816>
- Lamichhane, J. R., & Aubertot, J. N. (2021). Effect of early and conventional sowings on soybean establishment quality, nodulation, and early biomass development under inoculation with *Rhizoctonia solani*. *PhytoFrontiers*, 1(3), 205–218. <https://doi.org/10.1094/PHYTOFR-12-20-0046-R>
- Lata, S., Hussain, Z., Yadav, R. K., Jat, G. S., Kumar, P., & Tomar, B. S. (2024). Insights into the genetic improvement of tomato. In S. Tiwari & B. Koul (Eds.), *Genetic engineering of crop plants for food and health security* (pp. 165–184). Springer Singapore. https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-981-97-3119-0_7
- Maguire, J. D. (1962). Speed of germination-aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Science*, 2(2), 176–177. <https://doi.org/10.2135/cropsci1962.0011183X000200020033x>



- Melzer, M. S., Yu, H., Labun, T., Dickson, A., & Boland, G. J. (2016). Characterization and pathogenicity of *Rhizoctonia spp.* from field crops in Canada. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *38*(3), 367–374. <https://doi.org/10.1080/07060661.2016.1199596>
- Mishra, G. P., Aski, M. S., Bosamia, T., Chaurasia, S., Mishra, D. C., Bhati, J., Kumar, A., Javeria, S., Tripathi, K., & Kohli, M. (2022). Insights into the host-pathogen interaction pathways through RNA-Seq analysis of *Lens culinaris* Medik. in response to *Rhizoctonia bataticola* infection. *Genes*, *13*(1), 90. <https://doi.org/10.3390/genes13010090>
- Nafisa, Shoaib, A., Iqbal, J., & Khan, K. A. (2020). Evaluation of phenotypic, physiological and biochemical attributes connected with resistance in tomato against *Alternaria solani*. *Acta Physiologiae Plantarum*, *42*, 1–17. <https://doi.org/10.1007/s11738-020-03076-2>
- Nasimi, Z., Barriuso, J., Keshavarz, T., & Zheng, A. (2024). Molecular, physiological, and biochemical properties of sclerotia metamorphosis in *Rhizoctonia solani*. *Fungal Biology Reviews*, *48*, 100351. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2023.100351>
- Nelson, R., Wiesner-Hanks, T., Wisser, R., & Balint-Kurti, P. (2018). Navigating complexity to breed disease-resistant crops. *Nature Reviews Genetics*, *19*(1), 21–33. <https://doi.org/10.1038/nrg.2017.82>
- Ortega-Acosta, S. Á., Palemón-Alberto, F., Terrones-Salgado, J., Molina-Gayosso, E., Romero-Ramírez, Y., Toribio-Jiménez, J., Villar-Luna, E., Bárcenas-Santana, D., Juárez-López, P., Cruz-Lagunas, B., & Reyes-García, G. (2022). First report of *Rhizoctonia solani* AG-4 HG-I causing fruit rot on tomato in Mexico. *Plant Disease*, *106*(5), 1531. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-2005-PDN>
- Panno, S., Davino, S., Caruso, A. G., Bertacca, S., Crnogorac, A., Mandić, A., Noris, E., & Matic, S. (2021). A review of the most common and economically important diseases that undermine the cultivation of tomato crop in the mediterranean basin. *Agronomy*, *11*(11), 2188. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112188>
- Peng, Y., Li, S. J., Yan, J., Tang, Y., Cheng, J. P., Gao, A. J., Yao, X., Ruan, J. J., & Xu, B. L. (2021). Avances en la investigación sobre hongos fitopatógenos y su papel como agentes de biocontrol. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 670135. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.670135>



- Pourmahdi, A., & Taheri, P. (2015). Genetic diversity of *Thanatephorus cucumeris* infecting tomato in Iran. *Journal of Phytopathology*, 163(1), 19–32. <https://doi.org/10.1111/jph.12276>
- Quiroz-Ojeda, C. M., Betancourth-García, C. A., & Salazar-González, C. E. (2022). Revisión del estado actual de las investigaciones sobre *Rhizoctonia solani* Kühn. *Revista Facultad de Ciencias Básicas*, 18(1), 61–74. <https://doi.org/10.18359/rfcb.6523>
- Rafiq, M., Shoaib, A., Javaid, A., Perveen, S., Umer, M., Arif, M., & Cheng, C. (2024). Exploration of resistance level against Black Scurf caused by *Rhizoctonia solani* in different cultivars of potato. *Plant Stress*, 12, 100476. <https://doi.org/10.1016/j.stress.2024.100476>
- Raihan, T., Animesh, S., Harun, R., & Motaher, H. (2024). Biocontrol of damping off disease in brinjal (*Solanum melongena*) and tomato (*Solanum lycopersicum*) by arbuscular mycorrhiza. *Journal of Biological Sciences*, 24(4), 633–642. <https://doi.org/10.3844/ojbsci.2024.633.642>
- Schneider, C. A., Rasband, W. S., & Eliceiri, K. W. (2012). NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods*, 9(7), 671–675. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2089>
- Sharma, A., Ghasolia, R. P., Sharma, P., Sharma, R. L., Godika, S. Goyal, S. K., Mittal, G. K., Gaur, K., Jain, S. k., Yadav, P., Yadav, S. & Chopra, S. (2024) Status of root rot of pea caused by *Rhizoctonia solani* in zone-III A of Rajasthan, India. *Biological Forum-An International Journal*, 16(7), 274–276. https://www.researchtrend.net/bfij/pdf/54_Status-of-Root-Rot-of-Pea-Caused-by-Rhizoctonia-solani-in-Zone-III-A-of-Rajasthan-India-Astha-Sharma-54.pdf
- Sumalatha, N., Pushpavathi, B., Jagadeeshwar, R., & Reddy, R. V. (2018). Studies on blight of tomato incited by *Rhizoctonia solani*. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(3), 1050–1059. <https://doi.org/10.20546/ijemas.2018.703.125>
- Taheri, P., Hosseini-Zahani, F., & Tarighi, S. (2024) Binucleate *Rhizoctonia* induced tomato resistance against *Rhizoctonia solani* via affecting antioxidants and cell wall reinforcement. *Heliyon*, 10(6), e27881. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e27881>
- Watanabe, T. (2002). *Pictorial atlas of soil and seed fungi: morphologies of cultured fungi and key to species*. CRC Press.



Winstead, N. N., & Kelman, A. (1952). Inoculation techniques for evaluating resistance to *Pseudomonas solanacearum*. *Phytopathology*, 42(11), 628–634.
<https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19531601563>

Zhao, H., Wang, X., & Wang, W. (2022). *Bacillus amyloliquefaciens* SN16-1-induced resistance system of the tomato against *Rhizoctonia solani*. *Pathogens*, 11(1), 35.
<https://doi.org/10.3390/pathogens11010035>

PUBLICACIÓN
EN AVANZADA