

Variabilidad espacial de la gomosis (*Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*) en caña de azúcar

Gumming disease (*Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*) spatial variability on sugar cane

Rosalba Quiñones-Valdez¹ , Hilda Silva-Rojas² , Jesús Ricardo Sánchez-Pale^{1*} ,
Apolonio Valdez-Valero³ , Álvaro Castañeda-Vildozola¹ , Omar Franco-Mora¹ ,
Alejandra Contreras-Rendon¹ 

¹Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Autónoma del Estado de México, Campus El Cerrillo, Toluca, 50200, Estado de México, México.

²Laboratorio de Biotecnología y Patología de Semillas del Colegio de Postgraduados, Km 36.5 carretera México-Texcoco, Montecillo, 56230, Estado de México, México.

³Colegio de Postgraduados, Campus Tabasco, Periférico S/N Heroica, Cárdenas, 86500, Tabasco, México.

*Correspondencia: jrsanchezp@uaemex.mx

Fecha de recepción:

31 de mayo de 2022

Fecha de aceptación:

10 de diciembre de 2022

Disponible en línea:

23 de octubre de 2023

Este es un artículo en acceso abierto que se distribuye de acuerdo a los términos de la licencia Creative Commons.



Reconocimiento-

NoComercial-

CompartirIgual 4.0

Internacional

(CC BY-NC-SA 4.0)

RESUMEN

El agroecosistema cañero del centro de México es afectado por la gomosis, inducida por *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* de manera sistémica; reduce la formación de sacarosa y forma una sustancia gomosa, que al mezclarse con los jugos, retarda su cristalización. El manejo integrado sustentable se apoya en el modelado espacio-temporal para la toma de decisiones. El objetivo fue modelar el patrón espacio-temporal de *X. vasicola* pv. *vasculorum* en la zona del ingenio Emiliano Zapata, en Morelos, México. En 2016 y 2017 se georeferenciaron 80 puntos de forma aleatoria para determinar la incidencia en la región y analizarse geoestadísticamente. El patrón espacial obtenido fue agregado, ajustado al modelo esférico en 2016, con incidencia de 19.12 por ciento. En 2017, se ajustó al modelo lineal, con una incidencia de 38.08 por ciento. Los mapas permiten ubicar los puntos de infestación para direccionar las medidas de manejo; también posibilitan visualizar cambios de ubicación y dispersión en tiempo y espacio.

PALABRAS CLAVE

X. vasicola pv *vasculorum*, *Saccharum* spp., enfermedad, modelado espacio-temporal.

ABSTRACT

The sugar cane agroecosystem of central Mexico is affected by gumming disease, which is caused by *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, a systemic bacterium that reduces the formation of sucrose and forms a gummy substance, which, when mixed with cane juice, slows its crystallization. Integrated and sustainable management is supported by spatial-temporal models for decision making. The objective was to generate a spatial-temporal model of *X. vasicola* pv. *vasculorum* around the Emiliano Zapata sugar mill, in Morelos, Mexico. In 2016 and 2017, 80 points were randomly and regionally georeferenced to determine the incidence and to carry out statistical analyses. The spatial pattern obtained was aggregated, fitting a spherical model in 2016 with an incidence of 19.12%. In 2017, it was fitted to a linear model, with an incidence of 38.08%. The maps allow the location of points of infestation to direct management measures; they also make it possible to visualize changes in the location and dispersion through time and space.

KEYWORDS

X. vasicola pv *vasculorum*, *Saccharum* spp., disease, spatio-temporal modeling.

INTRODUCCIÓN

El azúcar extraído de la caña de azúcar (*Saccharum* spp. Híbridos) es el carbohidrato más consumido en el mundo. La producción de este edulcorante es de 1,450 millones de toneladas en 22 millones de hectáreas alrededor del mundo (Castillo-Torres 2004). Su cultivo se encuentra distribuido en casi 130 países, de los cuales, México ocupa el sexto lugar, con casi 900 mil hectáreas sembradas y 53.8 millones de toneladas de azúcar producidas (SIAP 2020); además, su demanda crece para la producción de biocombustibles y biopolímeros, necesarios para la reducción de contaminantes expulsados al ambiente (CONADESUCA 2016a).

Sin embargo, la producción de caña de azúcar se ve afectada por más de 126 enfermedades en diferentes países (Ovalle-Sáenz 1997). Destéfano et al. (2003) consideran que el incremento en la incidencia de las enfermedades bióticas —en especial las de origen bacteriano— es uno de los factores que dañan su producción y causan pérdidas económicas. Dentro de las enfermedades causadas por bacterias, se reporta la gomosis (Gumming) por *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* (XVV), la cual es considerada como una de las tres mayores patologías bacterianas (Oliveira et al. 2018), de tipo vascular (Harrison y Studholme 2014), que afecta las hojas y el tallo de la caña de azúcar, y que es capaz de ocasionar epidemias, como la ocurrida en Isla Mauricio, en variedades susceptibles que fueron completamente destruidas (Dookun et al. 2000). Pese a ser originaria de América y haber sido reportada por primera vez en Brasil en 1869 (Marinho de Moura 2010), actualmente afecta a 22 países de América, África y Asia (Silva-Rojas 2013).

Esta enfermedad causa dificultades en el procesamiento de los tallos maduros, debido a la presencia de goma que, al mezclarse con el jugo de la caña (Destéfano et al. 2003), lo torna espumoso y retarda la cristalización; generalmente entorpece todo el proceso de elaboración del azúcar, desde la molienda hasta su centrifugación, lo que repercute en la reducción de hasta 25 por ciento de sacarosa y 6 por ciento de la pureza del jugo, así como aumento de glucosa, en comparación con cañas sanas (Mehnaz 2011), por lo que se requiere de alternativas de manejo de esta enfermedad durante el ciclo de producción.

En las diferentes acciones de manejo que se establezcan es necesario conocer el comportamiento espacial y temporal de la enfermedad a nivel local y regional, lo cual permita entender los posibles mecanismos de dispersión (Lamichhane et al. 2013). La distribución espacial da soporte en la toma de decisiones en programas de manejo integrado, en el desarrollo de prácticas agrícolas eficientes de tipo cultural, biológico y químico, así como en eficientizar las técnicas de muestreo que permitan localizar puntos o sitios específicos (Karimzadeh et al. 2011) que requieren la implementación del manejo. Entre las técnicas que se han desarrollado para determinar el aspecto espacial de una enfermedad se encuentra la geoestadística, la cual ha permitido obtener y visualizar la distribución espacio-temporal de un patógeno o insecto plaga en un sitio específico, así como direccionar las alternativas de control, al reducir la contaminación y pérdidas económicas (Sánchez-Pale et al. 2011). El objetivo del presente trabajo fue obtener el modelado espacial de la incidencia de *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* en parcelas comerciales de caña de azúcar de la región de influencia del Ingenio Emiliano Zapata, en el estado de Morelos, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

La investigación se realizó en parcelas comerciales del área de producción de caña de azúcar del Ingenio Emiliano Zapata, ubicado en el estado de Morelos, México, en las coordenadas 18°50'5" N; 99°11'0" O máximas y 18°36'4" N; 99°10'5" O mínimas, con una altitud de 917 msnm. La zona tiene clima semi-seco-cálido, temperatura promedio de 24.3°C y precipitación media anual de 892 mm. Se obtuvieron las temperaturas promedio y humedad relativa de los años 2016 y 2017 (Figura 1) (CONAGUA 2018).

Se realizó un muestreo a los cuatro meses de la siembra (plantilla) y a los 10 meses de la cosecha (soca y resocas) de plantas con síntomas del moteado clorótico; se recolectaron hojas para determinar y diagnosticar el agente asociado a la enfermedad con pruebas de identidad molecular en el Laboratorio de Biotecnología y Patología de Semillas del Colegio de Posgraduados, campus Montecillo, en Texcoco, Estado de México. En

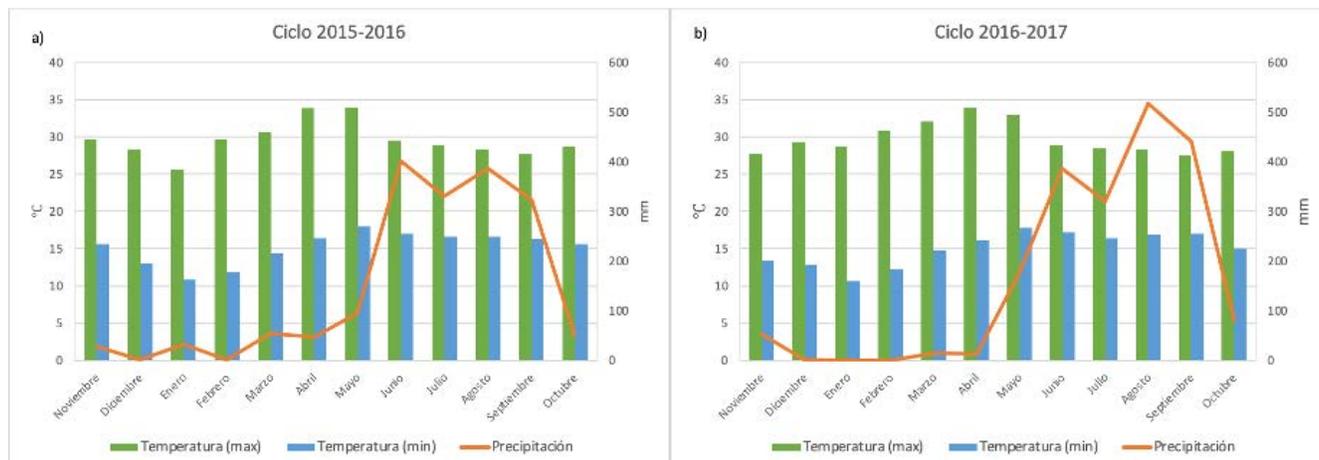


Figura 1. Precipitación, temperatura máxima y temperatura mínima en la zona de producción de caña de azúcar en Zacatepec, Morelos, México ciclo 2015-2016 a) y 2016-2017 b).

cada muestreo se consideraron 80 puntos georreferenciados y distribuidos en forma aleatoria en la región de estudio; en cada punto se contaron los tallos presentes en 10 m lineales, para determinar el número total, número de tallos con síntomas característicos ocasionados por XVV, llamada comúnmente gomosis. Para obtener el porcentaje de incidencia, se utilizó la fórmula: $% I = 100 \times \Sigma PA / \Sigma PT$; donde: % I: corresponde al porcentaje de incidencia de la enfermedad, PA: es la suma de tallos afectadas por la bacteria; PT: es la suma total de tallos muestreados en 10 m lineales del surco evaluado.

De las hojas que presentaron las típicas rayas amarillas a naranja en los 80 puntos de muestreo, se cortó el tejido y se desinfectó con una solución de hipoclorito de sodio a 1 por ciento (v/v) durante 1 min; se enjuagaron tres veces con agua destilada estéril y luego se colocaron sobre papel absorbente para eliminar el exceso de humedad. Se transfirieron secciones de tejido de 0.5×0.5 mm a placas de Petri que contenían medio King's B; las placas se mantuvieron a 28 °C. Después de 48 h se desarrollaron colonias de color amarillo pálido, las cuales se subcultivaron para obtener cultivos puros. Los nombres y claves de aislamientos llevan una secuencia continua a partir de CPO 12.300. La identificación molecular de las bacterias aisladas en las 80 muestras recolectadas fue realizada a partir de la extracción del ADN de cultivos puros bacterianos, de acuerdo con la metodología de Doyle y Doyle (1990). La amplificación del ADNr 16S se realizó con los primers 8F (5-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') y 1492R (5'-GGTTACCTTGTACGACTT-3'). La reacción de

PCR, la electroforesis, la limpieza de los productos obtenidos y la secuenciación se realizaron de acuerdo con la metodología utilizada por Quisehuatl-Tepexicuapan et al. (2016).

Las secuencias obtenidas en las dos hebras del ADNr 16S fueron ensambladas y editadas en el programa BioEdit v7.0.5 (Hall 1999), para formar la secuencia consenso de 65 aislamientos. Las secuencias consenso fueron analizadas y comparadas en la base de datos del NCBI (National Center for Biotechnology Information) por BLASTN 2.10.0 (Altschul et al. 1997), además se depositaron en el GenBank.

Los datos de incidencia fueron transformados a logaritmo inverso para homogenizar su varianza y proceder a su análisis geoestadístico, para estimar el semivariograma, los parámetros del modelo de semivariograma y generar los mapas a partir de la interpolación del kriging. El valor experimental del semivariograma se calculó con base en lo establecido por Isaaks y Srivastava (1989) y Goovaerts (1999), con la fórmula:

$$\gamma^E(h) = \frac{1}{2N(h)} \sum_{i=1}^{N(h)} z(x_i) - z(x_i+h)$$

Donde: $\gamma^E(h)$ es el valor experimental del semivariograma para el intervalo de distancia h ; $N(h)$ es el número de pares de puntos muestreados separados por el intervalo de distancia h ; $z(x_i)$ es el valor de la variable de interés en el punto muestral x_i , y $z(x_i+h)$ es el valor de la variable de interés en el punto muestral x_i+h .

El semivariograma experimental se ajustó a un semivariograma teórico preestablecido. Se calculó el

nivel de dependencia espacial para determinar el nivel de relación entre los datos obtenidos en los muestreos; este valor se obtuvo al dividir el efecto pepita y la meseta, expresado en porcentaje: con menos de 25 por ciento es alto; entre 26 y 75 por ciento es moderado, y mayor a 76 por ciento es bajo (Frank et al. 2011).

El semivariograma experimental y los valores del modelo teórico fueron obtenidos a través del programa R (Bivand et al. 2008; R Core Team 2012) con la librería gstat (Pebesma 2004; Cruz-Cárdenas et al. 2013). Se evaluaron siete modelos teóricos (esférico, exponencial, gaussiano, lineal, matern, bessel y pentaesférico), para seleccionar el que mejor se ajustó a la semivarianza experimental de los valores de incidencia de XVV, y se seleccionó el de menor error, con la fórmula:

$$SSE = \sum_{i=1}^m w_i [\bar{y} - y]^2$$

Donde: m es el número de lag (puntos separados por una distancia determinada); \bar{y} son los valores de semivarianza para cada distancia; y son los valores de semivarianza del modelo de predicción permisible; w son los factores de semivarianza obtenidos mediante la ecuación: $m = N/\bar{y}^2$; donde: N es el número de pares de puntos usados para calcular; \bar{y} son los valores de semivarianza para cada distancia (Cruz-Cárdenas et al. 2013).

Después de seleccionar el modelo que mejor se ajustó a la semivarianza experimental de los datos obtenidos de incidencia, se realizó la interpolación del semivariograma ajustado con Kriging para estimar los valores insesgados a puntos que no fueron muestreados. Se evaluó el kriging simple, ordinario y universal con la técnica de validación cruzada, y se seleccionó el de menor error de precisión para realizar la interpolación con base en el error medio (ME): $ME = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [z(x_i) - \hat{z}(x_i)]$, el cual se debe acercar a cero; de igual forma, la raíz del error cuadrático medio $RMSE = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [z(x_i) - \hat{z}(x_i)]^2}$, que debe ser menor que la varianza de la muestra y la medida estandarizada del error de predicción $MSPE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{ME}{\sigma^2(x_i)}$, la cual debe ser cercana a cero (Agresti 2002; Cruz-Cárdenas et al. 2013), donde: $\hat{z}(x_i)$ es el valor estimado de la incidencia de la bacteria en el área de estudio y $z(x_i)$ es el valor de la incidencia conocida; N es el tamaño de la muestra o el número de puntos muestreados; σ es la varianza de los valores medidos de la incidencia de la bacteria en el área de estudio (Agresti 2002; Cruz-Cárdenas et al. 2013).

Los análisis geoestadísticos fueron generados a través del paquete estadístico R versión 3.3.3. (Bivand et al. 2008; R Core Team 2012), utilizando las librerías *sp* y *gstat*. El resultado del kriging fue una capa espacial en formato Geotiff obtenida con la librería *rgdal* del programa R. Finalmente, el mapa se editó con el programa Surfer 15.0 (Golden Software Inc, Golden, Estados Unidos) para visualizar el comportamiento espacial de la enfermedad y el origen bacteriano dentro de la zona de influencia del área de estudio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se registró la presencia de XVV en 100 por ciento de las muestras evaluadas con síntomas característicos de gomosis, como fue la presencia de estrías de color amarillo a naranja y puntos rojizos con manchas rojas tornándose a color café en la lámina foliar y con un desarrollo de forma paralela a la nervadura, en concordancia con lo reportado por Silva-Rojas (2018), aspecto que reduce la acumulación de sacarosa debido a la deficiente fotosíntesis realizada por la planta (Francisco et al. 2013).

Los 80 aislamientos de *Xhantomonas* obtenidos correspondieron a *X. vasicola*, que fueron 100 por ciento idénticas en la subunidad pequeña del gen ribosomal 16s. Se seleccionó una secuencia representativa por municipio y se depositaron en el Genbank, con el código para aislamientos de: Tlaltizapan, SUB13510949 Seq_ID1 OR117339; para Tlalquitenango, SUB13510949 Seq_ID2 OR117340; Puente de Ixtla, SUB13510949 Seq_ID3 OR117341; Mazatepec, SUB13510949 Seq_ID4 OR117342; Jojutla, SUB13510949 Seq_ID5 OR117343, y Xochitepec, SUB13510949 Seq_ID6 OR117344.

Se determinó una incidencia de 19.12 por ciento y 38.08 por ciento en el ciclo 2016 y 2017, respectivamente (Cuadro 1), lo que indica la prevalencia de la bacteria por las características climáticas de humedad relativa y temperatura presentes en la zona centro del país (Figura 1). El patógeno permanece de forma latente (Destéfano et al. 2003) en la zona, pero ha encontrado un ambiente favorable para su desarrollo y, posiblemente, una posterior manifestación del síntoma de emisión de goma del tallo, que hasta el momento no se ha detectado. En este sentido, CABI (2021) menciona que la presencia de dicha goma en la expresión de la

Cuadro 1. Incidencia, parámetros de los modelos ajustados a los semivariogramas obtenidos y estadísticos de validación cruzada de la gomosis (*Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*) en caña de azúcar, durante los ciclos 2016 y 2017, en Zacatepec, Morelos, México.

| Ciclo | DDS*/ Ca | Incidencia (%) | Modelo | Pepita | Meseta | Rango | Pepita/ Meseta (%) | Nivel de dependencia | Kriging | Validación cruzada | | |
|-------|-------------|-------------------|----------|--------|--------|--------|--------------------------|-------------------------|-----------|--------------------|------|------|
| | | | | | | | | | | ME | RMSE | MSPE |
| 2016 | 305 | 19.12 | Esférico | 1.87 | 1.25 | 4563.5 | 149 | Baja | Ordinario | -0.00 | 0.36 | 0.13 |
| 2017 | 305 | 38.08 | Lineal | 0.67 | 1.94 | 346.85 | 34.5 | Medio | Ordinario | 0.01 | 1.81 | 3.29 |

*DDS: Días Después de la Siembra; ME: Error medio; RMSE: raíz del error cuadrático medio; MSPE: medida estandarizada del error de predicción.

enfermedad se debe a la susceptibilidad de la variedad o a condiciones favorables de humedad y temperatura.

La variación en el porcentaje de incidencia entre ciclos fue de 18.96 por ciento, probablemente generado por el incremento de la temperatura promedio de 22.37°C (2016) a 22.40°C (2017), consideradas como óptimas para el desarrollo de XVV, de acuerdo con los rangos óptimos de 20 a 30°C (Salem y Asha 2004), así como un periodo mayor de humedad durante el ciclo (Figura 1). Una posible infección latente es muy común en XVV, por lo que tallos de apariencia sana son indudablemente la forma más importante de diseminación de la bacteria (Destéfano et al. 2003), aunado a la susceptibilidad potencial en las variedades ITV-92-1424 y CP-72-2086; esta última, la más sembrada y preferida por los productores de la zona por generar rendimientos superiores a 120 t ha⁻¹.

En este sentido, CONADESUCA (2016a) menciona que uno de los problemas severos para la industria azucarera de México es que la producción nacional se basa en cuatro variedades: CP-72-2086, MEX-69-290, MEX-79-431 e ITV-92-1424, dos de las cuales, de acuerdo con los resultados generados en la presente investigación, expresaron mayor grado de susceptibilidad a gomosis (CP-72-2086, ITV-92-1424), pero son de alto rendimiento (Cuadro 2); por ello, se requiere renovar y diversificar las variedades utilizadas en las zonas productoras de caña de México, pero bajo un esquema de producción de semilla o propágulos libres de la enfermedad a partir de condiciones *in vitro* (Lal et al. 2015), o bien propiciar la introducción de nuevas variedades que generen beneficios directos tanto a los productores en el campo, como a la industria azucarera (CONADESUCA 2016b).

Respecto a la presencia de la enfermedad en los genotipos de caña que se siembran en la zona del ingenio Emiliano Zapata, en el Cuadro 2 se indican

Cuadro 2. Incidencia de la gomosis expresada en las diferentes variedades de caña de azúcar sembradas en la zona de influencia del Ingenio Emiliano Zapata de la región centro de México, en 2016 y 2017.

| No. | Variedad | Incidencia (%) | |
|-----|--------------|----------------|------|
| | | 2016 | 2017 |
| 1 | ITV-92-1424 | 24.6 | 37.1 |
| 2 | CP-72-2086 | 11.6 | 26.0 |
| 7 | MEX-80-1415 | 0.4 | 1.3 |
| 9 | MEX-69-290 | 0 | 0 |
| 10 | ATEMEX-96-40 | 0 | 0 |
| 13 | MAYAN-55-14 | 0 | 0 |

las variedades en las cuales se observaron hojas con la estriación a base de rayas de color rojo-naranja en toda la lámina foliar, la cual prevaleció por las características climáticas de humedad relativa y temperatura de la zona centro del país, mientras que se careció de la fase sistémica correspondiente a la exudación de una masa gomosa amarillenta o naranja-amarillenta en los cortes de tallos afectados. Los niveles de incidencia cuantificados en las diferentes variedades es un indicativo del nivel de susceptibilidad que expresa la enfermedad.

El análisis geoestadístico indicó un comportamiento espacial de tipo agregado de la gomosis de la caña de azúcar en la zona de influencia del ingenio, indicativo de la presencia focalizada de la bacteria, especialmente en variedades susceptibles, aunado a condiciones climáticas adecuadas para su reproducción y expresión. Aunque presentó patrones espaciales diferentes a nivel regional en los dos años analizados, la cantidad y ubicación de sus centros de agregación variaron de un año a otro. De los siete modelos evaluados, el teórico esférico fue el que mejor se ajustó a los datos de incidencia de XVV en 2016 (Cuadro 1); para 2017, se ajustaron al modelo teórico lineal, ambos con efecto pepita, debido a las características del mues-

treo regional. El variograma del ciclo 2016 mostró la existencia de autocorrelación espacial entre los datos de incidencia de la enfermedad a una distancia no mayor de 4,563.5 m (rango), y más allá de ésta distancia la correlación de datos disminuye; en 2017, la distancia de correlación espacial disminuyó a 346.8 m, pero con mayores puntos de agregación, debido a una mayor expresión de la enfermedad en la zona, lo que representa el tamaño del área de agregación o punto caliente del patógeno consistente con lo reportado por Contreras-Rendón et al. (2014).

Por otro lado, el nivel de dependencia espacial fue bajo en 2016 y medio para 2017 (Mulla y McBratney 2002). La existencia de baja dependencia espacial en 2016 se sustenta en el hecho de tener un valor alto en el rango del semivariograma (Belan et al. 2018) y una menor incidencia.

Sin embargo, los dos tipos de patrones espaciales de XVV en la zona de estudio son un indicativo de que la bacteria se ha dispersado de forma aleatoria y con potencial de dispersión a las otras zonas de los ingenios azucareros que posee la región: la dispersión aleatoria sugiere un posible medio de diseminación a corta distancia, de planta a planta o de una parcela a otra, originado por el uso de propágulos infestados, lo que representa la fuente de inóculo primario. Además,

su expresión indica una posible condición latente para alcanzar mayores niveles de infestación, al prevalecer las condiciones ambientales y varietales favorables para el desarrollo de la enfermedad. En este mismo sentido, Groves et al. (2005) mencionan que los patrones de una bacteria pueden estar influenciados por la susceptibilidad del hospedante, lo que puede explicar una mayor presencia de las variedades susceptibles de caña en 2017, como son ITV-92-1424 y CP-72-2086. Lamichhane et al. (2013) mencionan que el patrón determinado permite investigar los diversos factores que afectan a la enfermedad, como son las características climáticas relacionadas con la patología y las características del suelo, así como el progreso de la epidemia en la zona y la elaboración de protocolos de muestreo (Belan et al. 2018).

La predicción espacial se realizó utilizando un Kriging ordinario para ambos años, al mostrar el menor error de estimación, de acuerdo con la prueba de validación cruzada (Cuadro 1). Los modelos de ambos años fueron validados al presentar valores dentro de los parámetros. En los dos años se logró visualizar el comportamiento espacial agregado en los mapas generados de modelado espacial de la enfermedad (Figura 2).

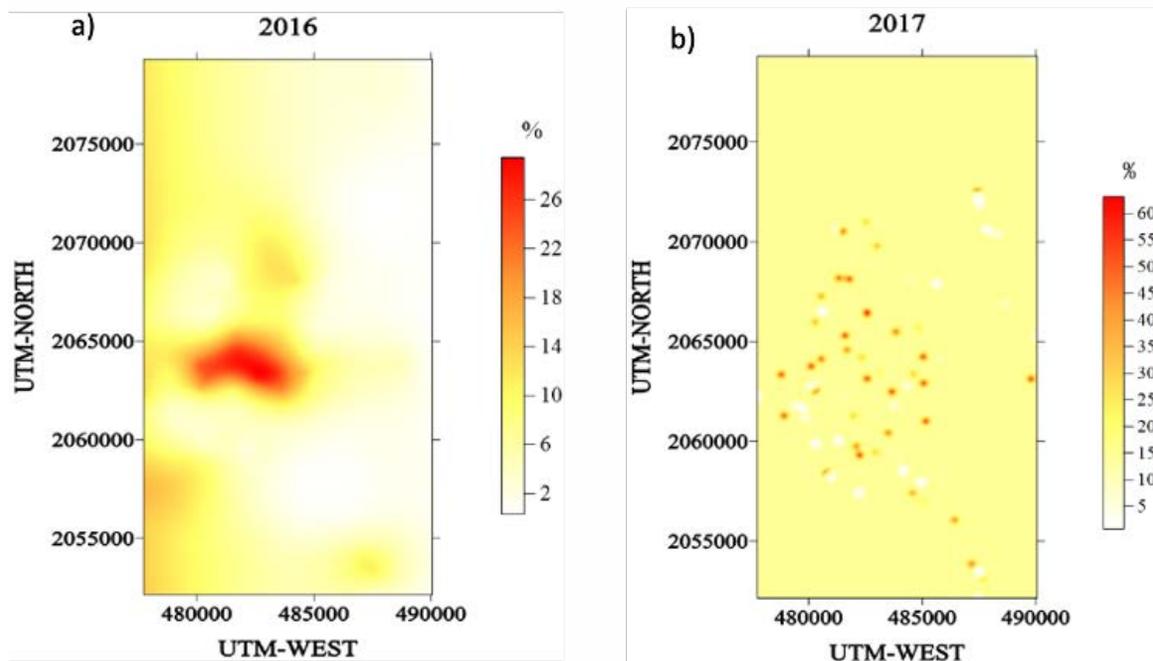


Figura 2. Mapas de distribución espacial de la incidencia por gomosis en caña de azúcar obtenidos en 2016 (a) y 2017 (b), en la zona de influencia del Ingenio Emiliano Zapata, Zacatepec, Morelos, México.

Los mapas de distribución de la bacteria en un espacio continuo a nivel regional permitieron identificar las áreas con mayor grado de infección que requieren un control inmediato, así como aquellas que requieren un manejo preventivo, con lo que podemos direccionar los controles y reducir la contaminación ambiental, así como pérdidas económicas (Sánchez-Pale et al. 2011) para la región centro de México. Entre las medidas que deben direccionarse están el cambio de variedades, un programa de producción de semilla a partir de propagación *in vitro* (Lal et al. 2015) o siembra de propágulos con algún tratamiento químico (Anwar et al. 2010) o provenientes de termoterapia (Anwar et al. 2010; Salem y Asha 2004). En el mapa del segundo año se observó coalescencia de los puntos de agregación de la enfermedad, por condiciones ambientales favorables al desarrollo de la enfermedad de origen bacteriano (Belan et al. 2018).

Además, los mapas permitieron detectar la preferencia de la estructura de agregación y conocer las zonas que no presentan infección (Figura 2a y 2b), relacionando los patrones de distribución de la bacteria con las características del medio donde se desarrolla y las variedades de caña que prefiere (Karimzadeh et al. 2011).

CONCLUSIÓN

La gomosis de la caña de azúcar en la zona de influencia del ingenio Emilia Zapata del centro de México presenta una distribución agregada en patrones espaciales diferentes.

AGRADECIMIENTOS

Al Programa de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Autónoma del Estado de México, que proporcionó el espacio, los conocimientos y el apoyo para realizar estudios doctorales del primer autor. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), que otorgó parte del financiamiento para la investigación doctoral y por proporcionar beca para el Programa de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales de la UAEMéx. A la Secretaría

de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), que brindó parte del financiamiento para la investigación doctoral con el proyecto Conacyt: 2013-02-230876, con recursos provenientes del Fondo sectorial SAGARPA/CONACYT de la convocatoria SAGARPA 2013-2. A los directivos del ingenio Emiliano Zapata de Zacatepec, Morelos, una felicitación y agradecimiento por la colaboración y las facilidades otorgadas durante el tiempo de la investigación.

LITERATURA CITADA

- Agresti A. 2002. *Categorical Data Analysis*. John Wiley & Sons, Inc. Hoboken, Estados Unidos.
- Altschul SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research* 25: 3389-3402. <https://doi.org/10.1093/nar/25.17.3389>
- Anwar SM, Khan HWA, Munir M, Chattha AA, Zia A. 2010. Integrated control strategies for sugarcane disease. *Pakistan Sugar Journal* 25: 7-9.
- Belan LL, Pozza EA, Alves MC, Freitas MLO. 2018. Geostatistical analysis of bacterial blight in coffee tree seedlings in the nursery. *Summa Phytopathologica* 44: 317-325. <https://doi.org/10.1590/0100-5405/179559>
- Bivand R, Pebesma E, Gómez-Rubio V. 2008. *Applied Spatial Data Analysis with R*. Springer. Nueva York, Estados Unidos.
- CABI. 2021. *Xanthomonas axonopodis* pv. *vasculorum* (sugarcane gumming disease). Datasheet. CABI Head Office, Wallingford, Reino Unido. [citado 2022 dic 17]. Disponible en: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/10.1079/cabicompndium.56980>
- Castillo-Torres R. 2004. Fisiología, floración y mejoramiento genético de la caña de azúcar en Ecuador. Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador. Quito, Ecuador.
- [CONADESUCA] Comité Nacional para el Desarrollo Sustentable de la Caña de Azúcar. [internet]. 2016a. Cifras de cierre de la zafra 2013-2014. [citado 2022 abril 18]. Disponible en: <https://www.gob.mx/conadesuca/>
- [CONADESUCA] Comité Nacional para el Desarrollo Sustentable de la Caña de Azúcar. [internet]. 2016b. Nuevas variedades de caña de azúcar. [citado 2022 mayo

- 23]. Disponible en: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/136406/NotaNuevasVariedadesd_Cana_deAzucar.compressed.pdf
- [CONAGUA] Comisión Nacional del Agua. [internet]. 2018. Datos del cierre 2017 de la Comisión Nacional del Agua. [citado 2018 agosto 25]. Disponible en: <https://www.gob.mx/conagua>
- Contreras-Rendón A, Gutiérrez-Ibáñez AT, Silva-Rojas HV, Sánchez-Pale JR, Laguna-Cerda A, Ramírez-Dávila JF. 2014. Distribución espacial de *Candidatus Liberibacter solanacearum* y *Bactericera cockerelli* (Sulc) (Hemiptera: Triozidae) en papa (*Solanum tuberosum* L.). *Southwestern Entomologist* 41: 105-114. <https://doi.org/10.3958/059.041.0112>
- Cruz-Cárdenas G, Villaseñor JL, López-Mata L, Ortiz E. 2013. Distribución espacial de la riqueza de especies de plantas vasculares en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 84: 1189-1199. <https://doi.org/10.7550/rmb.31811>
- Destéfano SAL, Almeida IMG, Rodrigues NJ, Ferreira M, Balani DM. 2003. Differentiation of *Xanthomonas* species pathogenic to sugarcane by PCR-RFLP analysis. *European Journal of Plant Pathology* 109: 283-288. <https://doi.org/10.1023/A:1022894907176>
- Dookun A, David E, Stead DE, Autrey LJ-C. 2000. Variation among strains of *Xanthomonas campestris* pv. *vasculorum* from Mauritius and other countries based on fatty acid analysis. *Systematic and Applied Microbiology* 23: 148-155. [https://doi.org/10.1016/S0723-2020\(00\)80056-9](https://doi.org/10.1016/S0723-2020(00)80056-9)
- Doyle JJ, Doyle JL. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
- Francisco N, Gallegos G, Ochoa YM, Hernández FD, Benavides A, Castillo F. 2013. Aspectos fundamentales del tizón común bacteriano (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* Smith): características, patogenicidad y control. *Revista Mexicana de Fitopatología* 31: 147-160.
- Frank DL, Brewster CC, Leskey TC, Bergh JC. 2011. Factors influencing the temporal and spatial patterns of dogwood borer (Lepidoptera: Sesiidae) infestations in newly planted apple orchards. *Environmental Entomology* 40: 173-183. <https://doi.org/10.1603/EN09309>
- Goovaerts P. 1999. Geostatistics in soil science: State-of-the-art and perspectives. *Geoderma* 89: 1-45. [https://doi.org/10.1016/S0016-7061\(98\)00078-0](https://doi.org/10.1016/S0016-7061(98)00078-0)
- Groves RL, Chen J, Civerolo EL, Freeman MW, Viveros MA. 2005. Spatial analysis of almond leaf scorch disease in the San Joaquin Valley of California: Factors affecting pathogen distribution and spread. *Plant Disease* 89: 581-589. <https://doi.org/10.1094/PD-89-0581>
- Hall TA. 1999. BioEdit: A user friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98.
- Harrison J, Studholme DJ. 2014. Draft genome sequence of *Xanthomonas axonopodis* pathovar *vasculorum* NCPPB 900. *FEMS Microbiology Letters* 360: 113-116. <https://doi.org/10.1111/1574-6968.12607>
- Isaaks EH, Srivastava RM. 1989. *An Introduction to Applied Geostatistics*. Oxford University Press. Nueva York, Estados Unidos.
- Karimzadeh R, Hejazi MJ, Helali H, Iranipour S, Mohammadi A. 2011. Analysis of the spatio-temporal distribution of *Eurygaster integriceps* (Hemiptera: Scutelleridae) by using spatial analysis by distance indices and geostatistics. *Environmental Entomology* 40: 1253-1265. <https://doi.org/10.1603/EN10188>
- Lal M, Tiwari AK, Gupta Kavita GN. 2015. Commercial scale micropropagation of sugarcane: Constraints and remedies. *Sugar Tech* 17: 339-347. <https://doi.org/10.1007/s12355-014-0345-y>
- Lamichhane JR, Fabi A, Ridolfi R, Varvaro L. 2013. Epidemiological study of hazelnut bacterial blight in Central Italy by using laboratory analysis and geostatistics. *PLoS ONE* 8: e56298. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056298>
- Marinho de Moura R. 2010. Pioneer reports of plant bacterial diseases. *Anais da Academia Pernambucana de Ciencia Agronómica* 7: 105-118.
- Mehnaz S. 2011. Plant growth-promoting bacteria associated with sugarcane. En: Maheshwari DK, editor. *Bacteria in Agrobiolgy: Crop Ecosystems*. Berlín, Springer Berlin Heidelberg. P. 61-96.
- Mulla DJ, McBratney BA. 2002. Soil spatial variability. En: Warrick A, editor. *Soil Physics*. Boca Ratón, CRC Press. P. 343-373.
- Oliveira MM, Ramos ETA, Drechsel MM, Vidal MS, Schwab S, Baldani JI. 2018. Gluconacin from *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5 is an active bacteriocin against phytopathogenic and beneficial sugarcane bacteria. *Journal of Applied Microbiology* 125: 1812-1816. <https://doi.org/10.1111/jam.14074>
- Ovalle-Sáenz WR. 1997. *Manual para identificación de enfermedades de la caña de azúcar*. Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña. Cotzumalguapa, Guatemala.

- Pebesma EJ. 2004. Multivariable geostatistics in S: The gstat package. *Computers & Geosciences* 30: 683-691. <https://doi.org/10.1016/j.cageo.2004.03.012>
- Quisehuatl-Tepexicuapan E, Ferrera-Cerrato R, Silva-Rojas HV, Rodríguez-Zaragoza S, Alarcón A, Almaraz-Suárez JJ. 2016. Free-living culturable bacteria and protozoa from the rhizoplanes of three floating aquatic plant species. *Plant Biosystems* 150: 855-865. <https://doi.org/10.1080/11263504.2014.989282>
- R Core Team. [internet]. 2012. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. [citado 2018 febrero 8]. Disponible en: <http://www.R-project.org/>
- Salem SA, Asha DS. 2004. Gumming disease: The pathogen and its management. En: Rao GP, editor. *Sugarcane Pathology*. Vol. 3: Bacterial and Nematode Diseases. Boca Ratón, CRC Press. P. 51-63.
- Sánchez-Pale JR, Ramírez-Dávila JF, González-Huerta A, De León C. 2011. Modelization of the spatial distribution of corn head smut (*Sporisorium reilianum* Langdon and Fullerton) in Mexico. *Spanish Journal of Agricultural Research* 9: 882-893. <https://doi.org/10.5424/sjar/20110903-277-10>
- [SIAP] Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. [internet]. 2020. Anuario estadístico de la producción agrícola en México. [citado 2023 agosto 6]. Disponible en: <http://www.siap.gob.mx/cierreagricola/>
- Silva-Rojas HV. 2013. Enfermedades bacterianas asociadas a la caña de azúcar. *Revista Mexicana de Fitopatología* 31 (Suplemento): S63-S64.
- Silva-Rojas HV. 2018. Foliar stage of gumming present in sugarcane plantations in Mexico. International Congress of Plant Pathology (ICPP) 2018: Plant Health in A Global Economy. Boston, Massachusetts, Estados Unidos.