Ciencia, Tecnología y Salud

Revista Centroamericana de Investigación y Postgrado
Universidad de San Carlos de Guatemala

ISSN: 2409-3459 Volumen 6 Número 1 enero / junio 2019

Artículos científicos

Artículos de revisión

Ensayos científicos

Resúmenes de congresos

Reporte de casos

Reseñas

USAC TRICENTENARIA Universidad de San Carlos de Guatemala

Dirección General de Investigación Universidad de San Carlos de Guatemala

CG-Sep Coordinadora General Sistema de Estudios de Postgrado

CONCYT SENACYT Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología GUATEMALA

Ciencia, Tecnología y Salud es una publicación de la Dirección General de Investigación (Digi), con la colaboración de la Coordinadora General del Sistema de Estudios de Postgrado (CG-SEP), de la Universidad de San Carlos de Guatemala (Usac) y el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (Concyt). Está orientada a divulgar investigaciones originales en las áreas de ciencias, tecnologías y salud humana y animal. Constituye una publicación en formato digital Open Journal System (OJS) en línea, y semestral en forma impresa. Los manuscritos aceptados para publicación son sometidos a procesos de arbitraje por revisores externos, lo que garantiza al lector y autores un alto nivel y rigor académico. Aprobada en el punto Séptimo, Inciso 7.1 del Acta No. 20-2014 de la sesión ordinaria celebrada por el Consejo Superior Universitario, el dia miércoles 12 de noviembre de 2014.

500
C569 Ciencia, Tecnología y Salud / Revista Centroamericana de Investigación y Postgrado.
- - Volumen 6, número 1. (enero / junio 2019). - - Guatemala : Universidad de San Carlos de Guatemala, Dirección General de Investigación, Coordinadora General del Sistema de Estudios de Postgrado, Unidad de Publicaciones y Divulgación, 2019.
volumnes : ilustraciones ; 27 cm.

Semestral

ISSN impreso: 2409-3459
ISSN electrónico: 2410-6356

Disponible en: http://digi.usac.edu.gt/ojsrevistas

1. Alimentación 2. Agronomía 3. Biología 4. Conservación de los recursos naturales 5. Física 6. Industrias 7. Matemática 8. Medicina 9. Medio ambiente natural 10. Recursos naturales 11. Salud pública 12. Química I. Dirección General de Investigación II. Coordinadora General del Sistema de Estudios de Postgrado

Universidad de San Carlos de Guatemala

Murphy O. Paiz Recinos
Rector

Carlos E. Valladares Cerezo
Secretario General

Manuel de Jesús Martínez Ovalle
Director General de Investigación, Digi

Julio R. Salazar Pérez
Coordinador General de Programas, Digi

Jorge Ruano Estrada
Coordinador General, SEP

La correspondencia debe ser dirigida a:
Armando Cáceres Estrada
Edificio S-11, 3er. Nivel, Ciudad Universitaria, Zona 12
Teléfono: 2418 7950
Correo: cts@digi.usac.edu.gt

Fotografía de portada: Ana Gabriela Dávila Recinos.

Descripción de la fotografía de portada: Espécimen de *Anacroneuria* sp. (Plecoptera: Insecta).

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterios especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

©Universidad de San Carlos de Guatemala, Dirección General de Investigación, 2019
Los textos publicados en este documento son responsabilidad exclusiva de sus autores.

Ciencia, Tecnología y Salud

ISSN: 2409-3459 Vol. 6 Num. 1 ene/jun 2019

Directorio / Board-Staff

Director de la revista

Manuel J. Martínez-Ovalle
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Editor en jefe

Manuel J. Martínez-Ovalle
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Editor Adjunto

Armando Cáceres
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Co-editores y Editora Ejecutiva

Augusto S. Guerra Gutiérrez
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

María R. Godínez y Godínez
Sistema de Estudios de Postgrado, Usac, Guatemala

Andrea E. Rodas-Morán
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala
Asistente de Editores

Comité Editorial

Liuba M. Cabrera-Ovalle
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Oscar M. Cóbar
Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología

José A. Franco
Universidad del Norte de la Florida

Dennis Guerra-Centeno
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Usac, Guatemala

Hugo R. Muñoz-Roldán
Facultad de Odontología, Usac, Guatemala

Oscar F. Nave
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Julio R. Salazar-Pérez
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Hilda E. Valencia Marroquín
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Erick José Velásquez Castillo
Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología

Patricia Velez-Möller
Facultad de Ciencias Médicas, Usac, Guatemala

Consejo Editorial

Ania Torres
Centro Nacional Coordinador de Ensayos Clínicos (CENCEC), Cuba

Mary Almanzar Santos
Universidad Autonoma de Santo Domingo, República Dominicana

Carolina Arévalo-Valdéz
Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Guatemala

Byron Calgua
Naciones Unidas, Suiza

Silvia Durán
Universidad Autónoma de Nicaragua (Unan-León), Nicaragua

Fernando García-Santamaría
Universidad de Costa Rica (UCR), Costa Rica

Cristian Kraker-Castañeda
Colegio de la Frontera Sur, México

Eduardo López-Bastida
Centro de Estudios de Energía y Medio Ambiente, Cuba

Ciencia, Tecnología y Salud

ISSN: 2409-3459 Vol. 6 Num. 1 ene/jun 2019

Directorio / Board-Staff

Carmen Elena Madriz
Instituto Tecnológico de Costa Rica, Costa Rica

María Carlota Monroy
Facultad de Ciencias Químicas y Farmacia, Usac, Guatemala

Leonardo Mendoza Blanco
Universidad Nacional Autonoma de Nicaragua (Unan-León), Nicaragua

Enrique Pazos
Escuela de Física y Matemáticas, Usac, Guatemala

José Leonel Plazao Prado
Universidad Nacional de Ingeniería, Nicaragua

María Guadalupe Reyes
Universidad Maritima Internacional de Panamá, Panamá

Francisco Romero Royo
Universidad Tecnológica Nacional, Costa Rica

Benjamin Antonio Rosales Rivera,
Universidad Nacional de Ingeniería (Uni), Nicaragua

Igor Iván Slowing Umaña
Iowa State University, United States of America

Janzel Villalaz
Universidad de Panamá, Panamá

Unidad de Publicaciones y Divulgación

Marlene Pawlova Pérez Muñoz
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Mynor Alexander Alegria Monterroso
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Asesores de edición

José David Marroquín
Dirección General de Investigación, Usac, Guatemala

Ciencia, Tecnología y Salud

ISSN: 2409-3459 Vol. 6 Num. 1 ene/jun 2019

Contenido / Contents

Editorial / Editorial 5

Artículo Científico / Scientific Article

Efecto del microhábitat sobre la abundancia y riqueza específica de los macroinvertebrados bentónicos en dos ríos tropicales de montaña, Guatemala

Effect of microhabitat on the abundance and specific richness of benthic macroinvertebrates in two tropical mountain streams, Guatemala

Gabriela Dávila-Recinos, José R. Ortíz-Aldana, Fátima Reyes-Morales 7

Evaluación de la resistencia de genotipos de tomate frente a aislados de *Phytophthora infestans* provenientes de Guatemala

Evaluation of the resistance of tomato genotypes against isolates of Phytophthora infestans *from Guatemala*

Julio E. Berdúo-Sandoval, José A. Ruiz-Chután, Amílcar Sánchez-Pérez.....22

Aislamiento y producción de basidiomas de cepas nativas de *Volvariella bombycina* (Schaeff.) Singer, utilizando desechos agrícolas

Isolation and production of basidiomes from native strains of Volvariella bombycina *(Schaeff.) Singer, using agro-industrial wastes*

Julio E. Peralta-Rivera, Osberth Morales, María C. Bran Roberto Flores Arzú, Edin F. Orozco 34

Evaluación de dos fórmulas de yogur enriquecido con harina de *Acheta domesticus* y harina de *Brosimum alicastrum* Swartz como alimentos complementarios

*Evaluation of two formulas of yogurt enriched with A*cheta domesticus *flour and* Brosimum alicastrum *flour, as complementary foods*

Sergio A. Hernandez, Claudia I. Ralda, Axel J. Godoy, Edgar A. Polanco, Hugo R. Pérez.....43

Ensayo Científico / Scientific Essay

La tabla de eclipses en el códice de Dresden. Más de cien años de estudio y discusión

The Dresden codex eclipse table. More than one hundred years of study and discussion

David Marín, Joshua Lemus 53

Las malezas, plantas incomprendidas

Weeds, misunderstood plants

Mauricio Guzmán, Manuel J. Martínez-Ovalle.....68

Reporte de Casos / Case Report

Patrón sugestivo de anticuerpos contra el aparato de Golgi en un paciente con uveitis

Sugestive pattern of anti-Golgi complex antibodies in a patient with uveitis

Kevin Ortiz, Egly Álvarez, Ricardo Arreola, Maynor Herrera...77

Instruciones para autores

Instructions for authors.....83

Ciencia, Tecnología y Salud

ISSN: 2409-3459 Vol. 6 Num. 1 ene/jun 2019

Editorial / Editorial

En el volumen 6 de la revista *Ciencia, Tecnologia y Salud*, les compartimos con mucho agrado, el trabajo de investigación relacionado con el impacto del hábitat y la abundancia de los macro invertebrados bentónicos, organismos que se desarrollan en los ríos tropicales de montaña. El documento se refiere a un interesante estudio científico interinstitucional, realizado por Gabriela Dávila-Recinos, José Roberto Ortiz y Fátima Reyes-Morales. El mismo se hizo con el respaldo del Instituto de Investigaciones Hidrobiológicas, del Centro de Estudios del Mar y Acuicultura (Cema) a través del Departamento de Investigación y Calidad Ambiental (Dica) de la Autoridad para el Manejo Sustentable de la Cuenca del lago de Atitlán y su entorno (Amsclae).

En seguida les compartimos el segundo artículo de investigación donde se muestra la reacción de genotipos de tomate frente a cepas aisladas de *Phytophthora infestans.* El tomate es un cultivo de importancia económica mundial que ocupa una posición relevante en la dieta humana, pero el tizón tardío, es una enfermedad causada por el hongo *P. infestans,* amenaza con causar pérdidas económicas considerables, por lo que se presenta el reto fitopatológico de determinar genotipos de tomate resistentes a este patógeno. El trabajo de campo y laboratorio lo realizaron los investigadores *Julio E. Berdúo-Sandoval, José A. Ruiz-Chután, Amilcar Sanchéz-Pérez,* todos pertenecientes al Instituto de Investigaciones Agronómicas de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala (Usac).

Los físicos David Marín y Joshua Lemus de la Escuela de Ciencias Físicas y Matemáticas de la Usac, presentan un interesante ensayo científico producto de una cuidadosa investigación sobre la tabla de eclipses en el códice de Dresden, el cual abarca alrededor de cien años de estudio y discusión. El códice Dresden es el más antiguo de tres libros escritos con glifos mayas y que han sobrevivido hasta nuestros días. Contiene tablas y almanaques relacionados a los planetas visibles y una tabla con 69 intervalos de 177 o 148 días, relacionados a eclipses de sol y de luna, que a pesar de haber sido estudiada por más de 100 años, sigue motivando ideas y propuestas sobre su posible uso y significado. Les compartimos ésta interesante investigación y los invitamos a continuar la discusión académica.

Si usted se desea aportar insumos para la nutrición humana usando hongos comestibles, o quisiera generar ingresos adicionales cultivándolos aprovechando desechos agrícolas locales, le recomendamos consultar el artículo: Aislamiento y producción de basidiomas de cepas nativas de *Volvariella bombycina* (Schaeff.: Fr.) Singer. Este trabajo de investigación científica, lo realizaron los investigadores Julio E. Peralta-Rivera1, Osberth Morales, María del Carmen Bran, Roberto Flores Arzú y Edin F. Orozco, apoyados por la Facultades de Agronomía y de Ciencias Químicas y Farmacia de la Usac.

Evaluación de dos fórmulas de yogur enriquecido con harina de *Acheta domesticus,* y harina de *Brosimum alicastrum* Swartz como alimentos complementarios, es una interesante investigación innovadora que evalúa harina de grillos para la nutrición en niños. Este interesante trabajo de investigación nos los presentan Sergio A. Hernández*, Claudia I. Ralda, Axel J. Godoy, Edgar A. Polanco y Hugo R. Pérez del Instituto de Investigaciones de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, en la Universidad de San Carlos de Guatemala.

El reporte de caso que les compartimos en este número, se relaciona con el patrón sugestivo de anticuerpos contra el aparato de Golgi, asociados a un paciente con uveítis. Es una interesante investigación observacional hecha por los investigadores Kevin Ortiz, Elgy Álvarez, Ricardo Arreola y Maynor Herrera en la Unidad de Reumatología del Hospital Roosevelt.

Augusto S. Guerra-Gutiérrez
Co-editor

Ciencia, Tecnología y Salud

ISSN: 2409-3459 Vol. 6 Num. 1 ene/jun 2019

Editorial / Editorial

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Artículo Científico / Scientific Article

Efecto del microhábitat sobre la abundancia y riqueza específica de los macroinvertebrados bentónicos en dos ríos tropicales de montaña, Guatemala

Effect of microhabitat on the abundance and specific richness of benthic macroinvertebrates in two tropical mountain streams, Guatemala

Gabriela Dávila-Recinos[1]*, José R. Ortíz-Aldana[1], Fátima Reyes-Morales[2]

[1]Instituto de Investigaciones Hidrobiológicas, Centro de Estudios del Mar y Acuicultura (Cema), Universidad de San Carlos de Guatemala (Usac).
[2]Departamento de Investigación y Calidad Ambiental (Dica), Autoridad para el manejo sustentable de la cuenca del lago de Atitlán y su entorno (Amsclae).

***Autor al que se dirige la correspondencia:** gabydavila_91@hotmail.com

Recibido: 11 de septiembre 2018 / Revisión: 25 de febrero 2019 / Aceptado: 25 de abril 2019

Resumen

Los macroinvertebrados bentónicos cumplen funciones ecológicas importantes en los sistemas lóticos, como el traspaso de energía a través de las redes tróficas, la descomposición de la materia orgánica, el reciclaje de nutrientes y la mezcla de sedimentos. Uno de los principales factores que definen la composición del ensamble de macroinvertebrados es la disponibilidad de microhábitats. Debido a ello, se evaluó el efecto de ocho microhábitats (hojarasca, grava, piedras, roca, musgo, vegetación acuática, pozas y cataratas), así como de la velocidad y profundidad, sobre la abundancia y riqueza específica de los macroinvertebrados en los ríos La Labor y Tzununá en la cuenca del lago Atitlán en el altiplano de Guatemala. Se colectaron 19,529 organismos correspondientes a 91 taxa, 49 familias y 65 géneros. El microhábitat que presentó mayor abundancia fue hojarasca (7,723 organismos) y pozas presentó la menor (652 organismos). En cuanto a riqueza, piedras presentó la mayor riqueza (41 taxa) y musgo tuvo la menor (28 taxa). Se evidenció que el microhábitat tuvo un efecto significativo sobre la abundancia y la riqueza ($p < .05$), ésta última también se vio influenciada por la profundidad ($p = .030$). Se concluyó que el microhábitat es un factor importante, para determinar la composición de la comunidad de macroinvertebrados; ya que la presencia y dominancia de elementos de heterogeneidad en los ríos, contribuye a incrementar la diversidad del hábitat físico, así como las opciones de alimento y refugio, promoviendo la abundancia y riqueza de macroinvertebrados en los sistemas lóticos.

Palabras claves: Macroinvertebrados Hojarasca, Piedras, Heterogeneidad

Abstract

Benthic macroinvertebrates serve important ecological functions in lotic systems, such as the transfer of energy through trophic networks, decomposition of organic matter, nutrient recycling and sediment mixing. One of the main factors that define the composition of the macroinvertebrate assemblage is the availability of microhabitats. The survey evaluated the effect of eight microhabitats (leaf litter, gravel, stones or pebbles, rock, moss, aquatic vegetation, pools and waterfalls), as well as speed and depth, on the abundance and specific richness due to rarefaction of the macroinvertebrates in La Labor and Tzununá rivers, which are part of the Lake Atitlán basin in the Guatemalan highlands. In this area 19,529 organisms corresponding to 91 taxa, 49 families and 65 genera were collected. The highest abundance was in leaf litter microhabitat (7,723 organisms), while stones showed the highest richness (41 taxa). Pools had the lowest abundance (652 organisms) and moss had the lowest richness (28 taxa). The microhabitat has a significant effect on abundance and richness ($p < .05$), also depth has a significant effect on richness ($p = .030$). The microhabitat is an important factor, to determine the composition of the macroinvertebrate community, because the presence and dominance of elements of heterogeneity in the rivers contributes to increase the diversity of the physical habitat, which provides refuge and food that satisfy the requirements of organisms promoting the abundance and richness of macroinvertebrates in lotic systems.

Keywords: Leaf litter, Stones, Heterogeneity

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

Los macroinvertebrados bentónicos son organismos cuya vida, o parte de ella se desarrolla en el agua, estos incluyen principalmente insectos (tricópteros, efímeras, moscas, escarabajos, chinches de agua, libélulas, entre otros), anélidos (lombrices de agua y sanguijuelas), moluscos y crustáceos. Estos son importantes en la ecología fluvial debido a su respuesta a perturbaciones en el ecosistema (Alonso & Camargo, 2005), también forman parte de las redes tróficas, descomposición de materia orgánica, reciclaje de nutrientes y mezcla de sedimentos (Covich, Palmer, & Crowl, 1999). Dentro de los ríos se encuentran sustratos, los cuales proveen soporte, permiten el desplazamiento, son lugar de interacción con otros organismos y reproducción de adultos, entre otros (Jiménez-Sandoval, 2015).

Uno de los factores que define la estructura del ensamble de macroinvertebrados bentónicos en ríos neotropicales es el medio físico, el cual se compone del tipo de hábitat que a su vez determina la calidad ecológica de los ecosistemas. Se considera que los sitios de mayor elevación y zonas no urbanizadas ofrecen la mayor variedad de sustratos (Cortelezzi, 2010; Ramírez & Pringle, 1998; Vásquez-Ramos, Guevara-Cardona, & Reinoso-Flórez, 2014), sin embargo, se desconoce el efecto de microhábitats específicos sobre la riqueza específica y abundancia del ensamble de macroinvertebrados en Guatemala.

Scullion, Parish, Morgan y Edwards (1982) y Logan y Brooker (1983) se delimitaron a comparar áreas deposicionales y rápidos, concluyendo que existe similitud en el número de taxa, sin embargo, las zonas de aguas corrientes presentaron una mayor abundancia y biomasa de macroinvertebrados.

La hojarasca como sustrato para macroinvertebrados acuáticos ha sido uno de los microhábitats más estudiados. Eyes-Escalante, Rodríguez-Barrios y Gutiérrez-Moreno (2012), reportaron 41 taxa y 1,895 individuos en un estudio de descomposición de este material. Crisci, Bispo y Froehlich (2007), confirmaron la alta abundancia y diversidad de organismos en zonas lóticas, enfocando el estudio en los órdenes Ephemeroptera, Trichoptera y Plecóptera. Manrique y Gómez (2017), también estudiaron guijarros, sin embargo, la hojarasca siempre presentó la mayor riqueza. Por último, Cogerino, Cellot y Bournaud (1995), identificaron 18 microhábitats (desde arcilla hasta piedras), de los cuales, la vegetación acuática presentó la mayor riqueza específica.

Se ha evidenciado que la elevada diversidad de insectos acuáticos está asociada a la heterogeneidad del microhábitat disponible, así como también a las condiciones de la calidad del agua que prevalezcan en los cuerpos de agua. Algunos factores medio ambientales pueden llegar a ser más determinantes en la regulación de la ocurrencia y distribución de los insectos acuáticos, como la velocidad de la corriente, temperatura del agua, altitud, estacionalidad, vegetación acuática, disponibilidad de alimento y la competencia interespecífica (Maneechan & Prommi, 2015).

En Guatemala se realizó un estudio en la ecorregión Lachuá en el cual se quería determinar qué variables físicoquímicas afectaban la distribución de macroinvertebrados a nivel de microhábitat en los ríos Peyán, Lachuá y Tzetoc. Se encontró que la velocidad de corriente y pH determinaron la distribución en una misma sección de río (García & Méndez, 2010).

Dentro de la cuenca del lago Atitlán se ha generado información acerca de los macroinvertebrados que se encuentran en los principales ríos. Reyes-Morales y Springer (2014), recolectaron hasta 47,482 individuos de 54 familias y 16 ordenes en 12 sitios de muestreo con distintos usos de suelo. Arriola y Reyes (2016), determinaron que el río Tzununá obtuvo una mayor abundancia de organismos, mientras que el río Panasacar presentó el mayor número de taxa. Hasta la fecha, ninguna investigación se ha dirigido a los microhábitats y el efecto de estos sobre la abundancia y riqueza específica de macroinvertebrados.

El objetivo principal del estudio fue evaluar el efecto que tienen ocho microhábitats (piedras, hojarasca, catarata, roca o peña, pozas, grava, musgo y vegetación acuática) sobre la riqueza específica y abundancia de macroinvertebrados bentónicos de dos ríos tropicales de montaña, dentro de la cuenca del lago Atitlán. También se detalla la composición de dicho ensamble en los microhábitats, demostrando la importancia de algunos sustratos dentro de los ríos. Estos sitios poco intervenidos brindan información valiosa que puede usarse para comparar lo que pasa con estas variables río abajo e incluso en otras cuencas (por ejemplo el río Quiscab), donde se ha reportado una tendencia al deterioro de la calidad biológica (Gil, 2016). Los datos obtenidos también promueven la toma de decisiones en cuanto al manejo adecuado de las cuencas, principalmente a la conservación y/o restauración del hábitat, lo cual fomentaría la heterogeneidad de microhábitats.

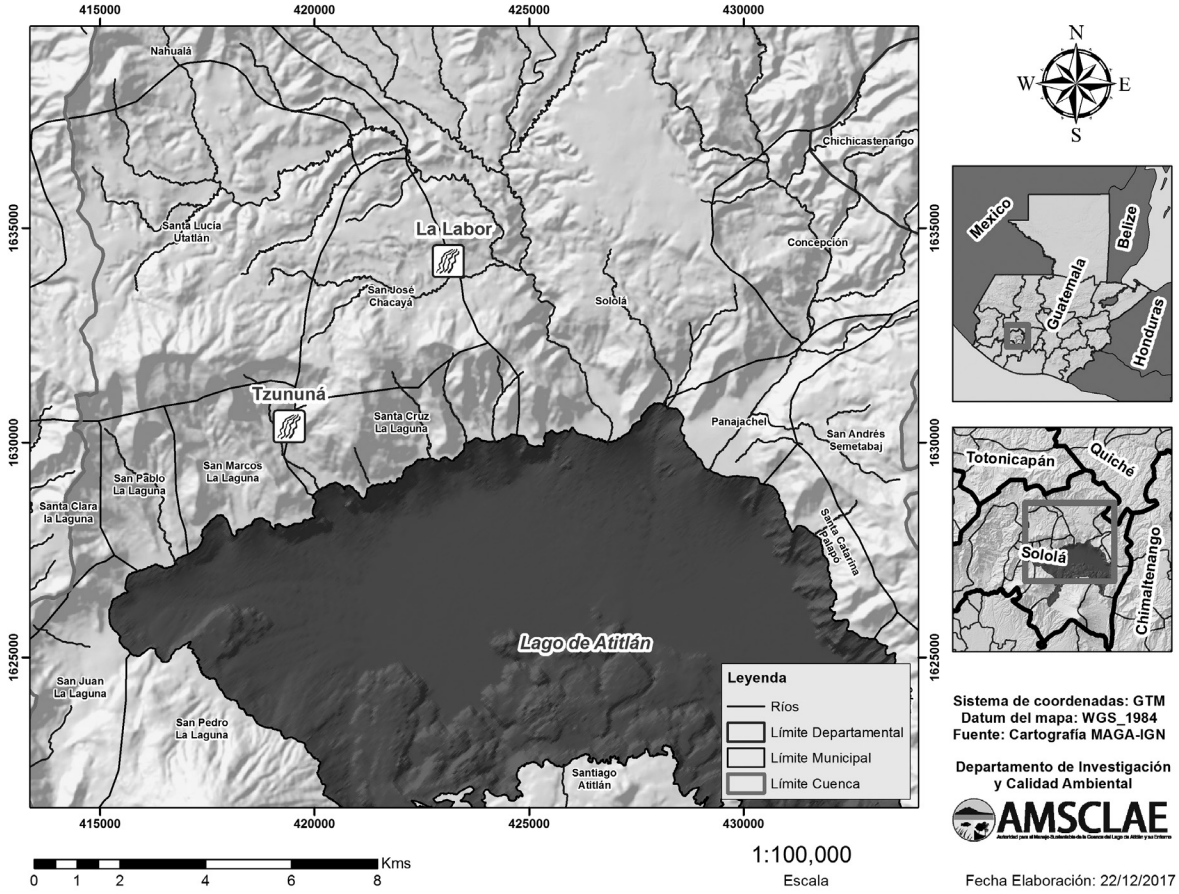


Figura 1. Ubicación geográfica del río La Labor y Tzununá en la cuenca del lago Atitlán, Sololá, Guatemala.

Materiales y métodos

Área de estudio

Se seleccionaron dos sitios de muestreo ubicados dentro de la cuenca del lago Atitlán, la cual se encuentra ubicada en el sureste del altiplano de Guatemala (Figura 1).

El río La Labor se ubica en el municipio de San José Chacayá, Sololá, a una altitud de 2,124 msnm. Este río presentó gran cobertura boscosa, caídas de agua de todos tamaños y rocas de tamaño variable. El ancho del río osciló entre los 0.5 y 1.5 m aproximadamente. Con agua clara e inodora y grandes parches de hojarasca en toda el área. El río Tzununá se ubica en el municipio de Santa Cruz La Laguna, Sololá, a una altitud entre los 1,708 y 1,761 msnm (Arriola & Reyes, 2016).

Este río presentó áreas boscosas y rocosas en ambos márgenes, una catarata de gran dimensión y un gran número de caídas de agua de tamaño variable. El ancho del río osciló entre los 0.5 y 1.8 m aproximadamente. Con agua clara e inodora y presencia de material rocoso de tamaño variable.

Selección de la muestra

Se realizó un solo muestreo en cada río en época seca (abril), esto con el fin de evitar perturbaciones en los datos por el efecto de deriva, el cual ocasiona la pérdida de organismos en algunos microhábitats, o bien,

Figura 2. Microhábitats seleccionados. Arriba: piedras o guijarros, hojarasca, musgo. Centro: vegetación acuática, roca o peña, catarata. Abajo: grava o cascajo y pozas.

el arrastre de los organismos de un sitio a otro, lo cual es propio de la temporada lluviosa (Brown & Brussock, 1991; Reyes-Morales & Springer, 2014). Se seleccionaron ocho tipos de microhábitats: hojarasca, grava o cascajo, piedras o guijarro, roca o peña, musgo, vegetación acuática, pozas y cataratas (Tabla 1, Figura 2).

Debido a que la investigación es descriptiva, se seleccionó un muestreo no probabilístico, por lo que no se precisó estimar el tamaño de la muestra. Se seleccionaron sitios de poca intervención humana, tomando en cuenta el índice de calidad de hábitat, el cual se realizó por medio del Protocolo de evaluación biológica rápida (RBP) (Barbour, Gerritsen, Snyder, & Stribling, 1999; Reyes, 2012). La metodología consiste en la evaluación de 10 parámetros físicos del río, los cuales se ponderan de 1 a 20 puntos dependiendo la calidad de la variable evaluada. La sumatoria brinda un número, donde 200 cataloga un sitio como de excelente calidad de hábitat. Los ríos evaluados fueron de buena calidad con puntuaciones de 137 para río La Labor y 156 para río Tzununá,

Tabla 1
Descripción de los microhábitats

Micro hábitat	Descripción del microhábitat
Hojarasca	Se encontró en forma de paquetes grandes o dispersos en sitios con corriente que oscilaron entre los 0.001 y 0.382 m/s y profundidades desde 0.022 a 0.426 m. Los paquetes se encontraron en aguas estancadas, pozas y previo a pequeñas caídas de agua.
Grava o cascajo	Se encontró en forma de bancos, principalmente dentro de pozas y cerca de piedras o guijarro. La velocidad de corriente osciló entre 0.019 y 0.215 m/s, mientras que la profundidad varió entre 0.010 y 0 m.
Piedras o guijarro	Este microhábitat se encontró únicamente en el río Tzununá, donde fue muy abundante y ocupaba gran parte del cauce del río, el flujo laminar generalmente era mediano. La velocidad de corriente osciló entre los 0.014 y 0.668 m/s y la profundidad entre los 0.016 y 0.080 m.
Roca o peña	Este microhábitat era propio de grandes y pequeñas caías de agua que presentaron un flujo laminar delgado, la velocidad de corriente osciló entre 0.017 y 0.687 m/s y la profundidad 0.005 a 0.217 m.
Musgo	Este microhábitat fue abundante únicamente en la zona de salpique de la catarata que presentó mayor altitud del río Tzununá. La velocidad de corriente varió entre los 0.001 y 0.340 m/s, mientras que la profundidad osciló entre los 0.002 y 0.011 m.
Vegetación acuática	Este microhábitat se encontró únicamente en el río Tzununá. La vegetación presente estaba compuesta principalmente de la familia Commelinaceae y raíces que se encontraron en la zona ribereña, la cual contaba con plantas de la familia Asteraceae, Poaceae, Urticaceae, Ulmaceae, Liliaceae y Convolvulaceae. La velocidad de corriente osciló entre los 0.133 y 0.311 m/s, mientras que la profundidad varió entre 0.021 y 0.050 m.
Pozas	Estos sitios estaban compuestos principalmente de arena, materia orgánica en descomposición y un poco de hojarasca. La velocidad de corriente varió entre 0.002 y 0.246 m/s, y la profundidad se encontró entre 0.168y 0.383 m.
Catarata	De este microhábitat se tomó en cuenta la zona de salpique y zona de rápidos. La velocidad de corriente osciló entre 0.000 y 1.604 m/s, y la profundidad entre 0.000 y 0.051 m.

la buena calidad se atribuye a la gran heterogeneidad de sustratos disponibles para colonización, poca o nula alteración del cauce, ocurrencia frecuente de rápidos y baja deposición de sedimentos.

Otro criterio para la selección de los sitios de muestreo y la muestra fue la abundancia y riqueza de macroinvertebrados reportada en ambos ríos por Arriola y Reyes (2016) en años anteriores.

Procedimiento

En cada cuerpo de agua se seleccionó un tramo de aproximadamente 200 m sobre el cauce principal del río, donde se identificaron todos los microhábitats presentes. En cada microhábitat identificado, se recolectaron muestras de macroinvertebrados con una red en D, por cada muestra se muestreó un área de 900 cm^2. Se recolectaron 65 muestras de macroinvertebrados bentónicos, de las cuales 23 fueron tomadas en el río La Labor y 42 en el río Tzununá. En cuanto a cantidad de muestras por tipo de microhábitat, se tomaron 12 muestras de hojarasca, grava y piedras, ocho de catarata, siete de pozas, seis de roca y cuatro de musgo y vegetación acuática. Cabe destacar que el esfuerzo de muestreo por cada microhábitat fue distinto, debido a la disponibilidad de cada uno dentro del río. Adicionalmente, se tomaron la velocidad y profundidad en cada punto de muestreo (Tabla 2) por medio de un medidor magnético de caudal (OTT®).

Las muestras colectadas se lavaron para retirar el exceso de material fino, se almacenaron en bolsas con cierre hermético y fueron fijadas con alcohol etílico al 95% e identificadas con su respectiva información para ser trasladadas al laboratorio. En el laboratorio, se procedió a la limpieza de las muestras mediante pinzas entomológicas. Los especímenes se depositaron

Tabla 2

Promedio y desviación estándar de velocidad y profundidad de muestras de microhábitats

	Profundidad	Velocidad
Catarata	0.012 (0.017)	0.431 (0.591)
Grava	0.062 (0.075)	0.077 (0.066)
Hojarasca	0.078 (0.111)	0.109 (0.137)
Musgo	0.005 (0.004)	0.148 (0.174)
Piedras	0.041 (0.024)	0.313 (0.195)
Poza	0.209 (0.077)	0.045 (0.089)
Roca	0.091 (0.100)	0.337 (0.301)
Vegetación	0.039 (0.013)	0.187 (0.083)

en botes plásticos herméticos y fueron preservados y almacenados en alcohol etílico al 70%.

Se procedió a la identificación de los organismos hasta el más bajo nivel taxonómico posible, mediante un estereoscopio óptico (Olympus® SZ61) y claves taxonómicas especializadas (Flowers & De la Rosa, 2010; Gutiérrez-Fonseca, 2010; Merritt, Cummings, & Berg, 2008; Ramírez, 2010; Silva, Nissimian, & Ferreira, 2007; Springer, 2010; Vinson, 2006). Cabe destacar que existió limitación en algunos grupos por falta de bibliografía a nivel centroamericano.

Análisis de la información

La riqueza fue analizada por medio de rarefacción basada en individuos, que es una técnica de interpolación que estima los valores de riqueza de especies en cada microhábitat para diferentes esfuerzos de muestreo, esto permite realizar una comparación objetiva a pesar del tamaño muestral (Kraker-Castañeda & Cóbar-Carranza, 2011). Este análisis se hizo por medio del programa PAST 2.17c (Hammer et al., 2001).

Por medio del programa Minitab17, se realizó un modelo lineal general (MLG) tomando como variable independiente el microhábitat y las covariables (velocidad y profundidad) para determinar su efecto sobre la abundancia y riqueza de macroinvertebrados (variables dependientes), cada una analizada por separado. Cabe notar que estas últimas dos fueron tratadas aplicando la distribución de Poisson, es decir, una transformación loglinear, la cual aproxima los recuentos obtenidos a la distribución normal. Para comprobar la aplicabilidad del modelo, se comprobó con el análisis de residuos.

Resultados

Composición del ensamble de macroinvertebrados bentónicos

Se colectaron 19,529 organismos pertenecientes a 91 taxa, correspondientes a cuatro clases, once órdenes, 49 familias y 65 géneros (Tabla 3). Los taxa más abundantes fueron Tanytarsini (Chironomidae: Diptera) con 3,967 organismos, seguido de Orthocladiinae (Chironomidae: Diptera) con 2,051 organismos y *Culoptila* (Glossosomatidae: Trichoptera) con 1,536.

Dentro de la composición, se encontró que taxa como *Heterelmis,* Tipulidae, *Americabaetis, Baetis, Calosopsyche* y los quironómidos Orthocladiinae, Tanytarsini y Tanypodinae, se encontraron en todos los microhábitats evaluados.

Tabla 3

Abundancia de orden/familia/género por los microhábitats evaluados en los ríos La Labor y Tzununá. Catarata (Cat), grava (Gra),hojarasca (Hoj), musgo (Mus), piedras (Pie), pozas (Poz), roca (Roc), vegetación acuática (Veg)

ORDEN/Familia	Genero	Cat	Gra	Hoj	Mus	Pie	Poz	Roc	Veg
COLEOPTERA									
Elmidae	*Cylloepus*	-	-	17	90	19	-	2	3
	Heterelmis	3	52	207	23	141	39	2	91
	Macrelmis	5	12	105	256	119	6	-	198
	Mycrocylloepus	-	-	1	8	2	-	-	6

Tabla 3
Continuación. *Abundancia de orden/familia/género por los microhábitats evaluados en los ríos La Labor y Tzununá. Catarata (Cat), grava (Gra),hojarasca (Hoj), musgo (Mus), piedras (Pie), pozas (Poz), roca (Roc), vegetación acuática (Veg)*

ORDEN/Familia	Genero	Cat	Gra	Hoj	Mus	Pie	Poz	Roc	Veg
	Phanocerus	-	-	13	-	3	5	-	164
	Gen. Indet.	-	-	-	193	-	-	-	3
Limnichidae	*Limnichus*	-	-	-	-	-	-	-	1
Psephenidae	*Psephenus*	-	-	-	-	-	-	-	1
Scirtidae	*Scirtes*	-	1	84	-	-	-	-	3
Staphilinidae		-	-	7	3	-	-	-	1
Ptilodactylidae		-	-	-	-	-	-	-	1
Hydrophilidae		-	-	13	4	1	-	-	7
Dytiscidae		-	-	24	-	-	-	-	-
Lampyridae		2	-	-	-	-	-	-	1
DIPTERA									
Blephaceridae	*Aposonalco*	149	-	-	1	-	-	-	-
	Paltostoma	65	-	2	-	1	-	1	-
	Gen. Indet	1	-	-	-	-	-	-	-
Ceratopogonidae	*Atrichopogon*	1	-	2	-	1	-	-	3
	Bezzia	3	16	36	19	10	30	-	-
	Probezzia	-	-	1	-	-	1	-	1
	Gen. Indet.	-	2	1	1	-	1	-	-
Simuliidae	*Simulium*	92	2	54	17	38	-	499	94
	Gen. Indet.	-	-	-	2	1	-	-	-
Dixidae	*Dixella*	-	1	4	1	4	1	-	9
Empididae	*Clinocera*	-	-	14	-	3	-	-	2
	Neoplasta	-	-	9	-	-	-	-	-
	Gen. Indet.	-	1	2	-	-	-	-	-
Psychodidae	*Maruina*	450	-	-	12	6	-	2	-
	Psychoda	-	-	1	1	10	-	2	2
	Gen. Indet.	5	-	-	4	12	-	-	-
Chironomidae		1	19	89	11	46	11	3	-
Chironominii		-	56	211	2	14	47	-	2
Orthocladiinae		40	44	848	856	139	27	51	46
Tanypodinae		2	41	566	224	14	33	1	1
Tanytarsini		51	300	2,143	856	491	106	14	6
Dolichopodidae		-	-	-	-	-	1	-	-
Ephydridae		-	-	1	-	-	-	1	-

Tabla 3
Continuación. *Abundancia de orden/familia/género por los microhábitats evaluados en los ríos La Labor y Tzununá. Catarata (Cat), grava (Gra),hojarasca (Hoj), musgo (Mus), piedras (Pie), pozas (Poz), roca (Roc), vegetación acuática (Veg)*

ORDEN/Familia	Genero	Cat	Gra	Hoj	Mus	Pie	Poz	Roc	Veg
Muscidae		1	-	1	40	-	1	-	-
Stratiomyidae		3	-	1	1	1	2	-	1
Tabanidae		-	-	-	1	-	-	-	-
Tipulidae		2	24	56	9	1	15	1	6
EPHEMEROPTERA									
Baetidae	*Americabaetis*	12	227	625	89	159	31	6	15
	Baetis	11	18	69	11	195	2	48	9
	Baetodes	52	-	6	1	23	-	102	1
	Camelobaetidius	-	7	6	-	45	2	4	-
	Cloeodes	-	1	1	-	-	-	-	-
	Fallceon	1	232	1	-	10	21	2	-
	Gen. Indet.	4	43	58	20	30	22	17	9
Heptageniidae	*Epeorus*	1	-	-	-	28	-	-	-
Leptohyphidae	*Leptohyphes*	-	15	92	-	75	-	-	193
	Tricorythodes	-	1	9	-	-	1	-	-
Leptophlebiidae	*Farrodes*	1	59	1,201	-	28	190	2	32
HEMIPTERA									
Belostomatidae	*Abedus*	-	-	1	-	-	-	-	3
Gerridae	*Aquarius?*	1	1	-	-	15	3	3	-
Hebridae	*Hebrus*	-	-	-	-	-	-	-	1
Naucoridae	*Cryphocricos*	19	-	2	-	2	-	1	1
Notonectidae	*Notonecta*	-	-	-	-	-	1	-	-
Veliidae	*Microvelia*	1	3	4	4	2	-	1	-
	Rhagovelia	-	5	3	-	-	7	-	5
	Gen. Indet.	-	8	10	-	1	-	1	-
LEPIDOPTERA									
Crambidae	*Petrophila*	3	-	1	-	4	-	-	2
ODONATA									
Aeshnidae	*Rhionaeschna?*	-	-	1	-	3	-	-	-
Calopterygidae	*Hetaerina*	-	2	14	-	-	1	-	21
Coenagrionidae	*Argia*	-	-	43	-	-	-	-	-
Gomphidae	*Epigomphus*	-	-	-	-	1	-	-	-
Libellulidae		-	5	2	-	5	-	-	-

Tabla 3
Continuación. *Abundancia de orden/familia/género por los microhábitats evaluados en los ríos La Labor y Tzununá. Catarata (Cat), grava (Gra),hojarasca (Hoj), musgo (Mus), piedras (Pie), pozas (Poz), roca (Roc), vegetación acuática (Veg)*

ORDEN/Familia	Genero	Cat	Gra	Hoj	Mus	Pie	Poz	Roc	Veg
PLECOPTERA									
Perlidae	*Anacroneuria*	-	-	5	-	39	1	-	7
TRICHOPTERA									
Glossosomatidae	*Culoptila*	4	9	147	-	1,085	2	247	42
	Gen. Indet.	-	-	-	-	13	-	1	-
Helicopsychidae	*Helicopsyche*	-	1	19	-	40	2	15	12
Hydrobiosidae	*Atopsyche*	8	2	27	23	51	-	2	1
Hydropsychidae	*Calosopsyche*	2	35	222	56	199	1	15	227
	Leptonema	-	-	-	-	3	-	-	6
	Gen. Indet.	4	1	24	-	8	2	-	1
Hydroptilidae	*Cerasmotrhichia*	3	-	-	26	-	-	2	-
	Hydroptila	17	2	3	99	6	-	20	-
	Leucotrichia	1	-	-	-	-	-	-	-
	Mayatrichia	-	1	2	-	5	-	2	3
	Metrichia	1	-	-	-	5	-	1	-
Lepidostomatidae	*Lepidostoma*	-	4	235	-	16	2	5	178
	Gen. Indet.	-	-	56	-	-	-	-	-
Leptoceridae	*Nectopsyche*	-	1	2	-	-	-	-	-
	Oecetis	-	-	1	-	-	-	-	-
	Triaenodes	-	-	-	-	-	-	-	1
Philopotamidae	*Wormaldia*	6	-	9	66	5	-	1	-
Polycentropodidae	*Cernotina*	-	5	253	-	18	30	2	-
	Cyrnellus	1	-	-	-	-	-	-	-
NEOOPHORA									
Dugesiidae		1	2	54	16	40	-	-	45
TROMBIDIFORMES		1	-	-	2	-	-	-	-
TUBIFICIDA		5	13	-	6	2	5	-	3
COLLEMBOLA		-	-	2	2	-	-	-	-
Abundancia total		1,036	1,274	7,723	3,056	3,238	652	1,079	1,471
Número de taxa		42	41	65	39	56	35	35	49

También se registraron taxa exclusivos de ciertos microhábitats, por ejemplo, en hojarasca se encontró *Neoplasta, Argia, Oecetis* y Dytiscidae; en vegetación se registró la presencia de *Psephenus,* Ptilodactylidae, *Hebrus* y *Triaenodes*; Tabanidae se encontró únicamente en musgos, *Epigomphus* en piedras, por último, *Notonecta* y Dolichopodidae en pozas.

Riqueza especifica de macroinvertebrados bentónicos por microhábitat

La curva de rarefacción permitió hacer una comparación objetiva de la riqueza de especies para una muestra estándar de 641 individuos (Figura 3), donde se obtuvieron los siguientes valores: piedras (41), vegetación (38), hojarasca (37), catarata (35), pozas (34), grava (34), roca o peña (29) y musgo (28).

Abundancia de macroinvertebrados bentónicos por microhábitat

En cuanto a las abundancias por microhábitat destacó hojarasca (7,723 organismos), piedras (3,238) y musgo (3,056), se encontraron abundancias relativamente grandes en vegetación (1,471), grava (1,274), roca o peña (1,079) y cataratas (1,036), por último, la menor abundancia se encontró en pozas (652).

En hojarasca, se registró mayor abundancia de los taxa Tanytarsini (2,143), *Farrodes* (1,201) y Orthocladiinae (848). En piedras predominó *Culoptila* (1,085), Tanytarsini (491) y *Calosopsyche* (199). En musgo Tanytarsini (856), Orthocladiinae (856) y *Macrelmis* (256), en vegetación dominó *Calosopsyche* (227), *Macrelmis* (198) y *Leptohyphes* (193), mientras que en grava abundó Tanytarsini (300), *Fallceon* (232) y *Americabaetis* (227), en roca o peña *Simulium* (499), *Culoptila* (247) y *Baetodes* (102), en cataratas dominó *Maruina* (450), *Aposonalco* (149) y *Simulium* (92) y en pozas *Farrodes* (190), Tanytarsini (106) y Chironominii (47).

Efecto de microhábitats y variables ambientales sobre la riqueza específica y abundancia

El análisis de varianza del modelo lineal general indicó que los microhábitats catarata (p = .001), hojarasca (p > .001), piedras (p = .001) y roca (p = .002) tienen un efecto significativo en la riqueza de taxones de macroinvertebrados bentónicos, al igual que la profundidad (p = .030), la cual presentó una relación inversa. La velocidad no mostró efecto alguno.

El análisis de varianza del modelo linear general mostró que el microhábitat tiene un efecto significativo en la abundancia de macroinvertebrados, específicamente grava (p = .007) y hojarasca (p > .001), mientras que las variables ambientales, velocidad de corriente (p = .864) y profundidad (p = .085), no presentaron significancia con respecto a la abundancia.

Discusión

La presencia de *Heterelmis,* Tipulidae, *Americabaetis, Baetis, Calosopsyche* y los quironómidos Orthocladiinae, Tanytarsini y Tanypodinae en todos los microhábitats pone en evidencia que los mismos taxa pueden encontrarse en una amplia gama de velocidades y profundidades, debido al microambiente complejo y la capacidad de tolerancia de los organismos (Brown & Brussock, 1991; Jowett, 2003).

La poca abundancia de organismos en pozas puede deberse a la baja diversidad de sustratos, los cuales reducen la disponibilidad de espacios intersticiales, el bajo suministro de alimento y de oxígeno (Sepulcre, 2012). La riqueza fue relativamente alta, principalmente por el orden Diptera, quienes son afines a este hábitat (Moya, Gibon, Oberdorff, Rosales, & Domínguez, 2009). Aunque pozas y grava presentaron la misma riqueza taxonómica y un hábitat pobre, este último microhábitat sostuvo una mayor abundancia de organismos colectores como *Fallceon* y *Americabaetis* (Ephemeroptera) y quironómidos, quienes aprovechan la cantidad de detritus y arena acumulada (Chacón, 2003; Rodríguez-Barrios, Ospina-Torres, & Turizo-Correa, 2011; Vásquez-Ramos & Reinoso-Flórez, 2012).

Cataratas fue un microhábitat singular, la alta presencia de organismos raspadores como *Maruina* (Psychodidae) y *Aposonalco* (Blephaceridae), así como el filtrador *Simulium* (Simuliidae), presentan adaptaciones morfológicas especializadas como la obtención de oxígeno por la piel, estructuras de fijación como ventosas y producción de seda, las cuales permitieron su establecimiento en microhábitats expuestos a corrientes (Merritt et al., 2008).

El efecto abrasivo de la corriente sobre el sustrato limita a grupos como Trichoptera y Coleoptera, ya que disminuye la disponibilidad y estabilidad del hábitat (Vásquez-Ramos & Reinoso-Flórez, 2012). Este caso

fue evidente en catarata donde predominó Diptera, sin embargo, roca o peña, que presentó velocidad de corriente menor, posibilitó el establecimiento y abundancia de Trichoptera (*Culoptila*), *Baetodes* (Ephemeroptera) y *Simulium* (Diptera), pero no de Coleoptera.

Piedras o guijarro fue uno de los microhábitats con más riqueza y abundancia de macroinvertebrados. El tipo de sustrato es idóneo para el crecimiento de algas y la disponibilidad de espacios intersticiales que permiten la presencia de materia orgánica, ambas fuentes importantes de alimento (Velásquez & Miserendino, 2003). Así mismo, este microhábitat brinda refugio principalmente a *Culoptila* y *Calosopsyche* (Trichoptera), los cuales se encontraron en abundancias importantes.

Según Dodds (2002), "las aguas rápidas deberían ser más ricas en nutrientes, lo que permitiría la presencia de especies filtradoras" (citado en Vásquez-Ramos & Reinoso-Flórez, 2012, p. 356), esto explica la alta presencia de *Simulium* en cataratas y roca, así como de *Calosopsyche* en piedras. Estos tres microhábitats presentaron corriente media a alta y según el modelo lineal general, ejercen un efecto sobre la riqueza, la cual fue bastante alta en piedras, media en cataratas y pequeña en roca o peña, por lo que la relación puede deberse a la textura del sustrato.

El material vegetal se considera importante debido a que brinda estructura física, así como alimento abundante y de buena calidad. Estos factores influenciaron positivamente la riqueza en microhábitats como la vegetación acuática (Meza, Rubio, Días, & Walteros, 2012; Rivera, 2004).

La hojarasca se encuentra fácilmente en tramos boscosos poco intervenidos y brinda una mayor disponibilidad de recursos (Burdett & Watts, 2009; Meza et al., 2012), por lo que alberga la mayor abundancia y riqueza de taxa de macroinvertebrados, tanto en zona de rápidos como de remansos (Baptista, Buss, Dorvillé, & Nessimian, 2001).

La alta heterogeneidad de hábitat de la hojarasca ofrece buena fuente de alimento, lo cual promueve la alta abundancia de organismos colectores como Tanytarsini y Orthocladiinae (Chironomidae) (Rodríguez-Barrios et al., 2011). Según Chará-Serna y colaboradores (2012), la gran abundancia de *Farrodes* se debe a la degradación de las hojas las cuales brindan materia orgánica fina, el principal alimento de este taxa (citado en Sajamí & Huamantico, 2016, p. 100).

Estos atributos definen la importancia de los bosques en los sistemas lóticos. Se ha demostrado que la disminución en la cobertura boscosa afecta la calidad de hábitat de los ríos, ya que genera aumento en la longitud del cauce y temperatura del agua, fomenta la sedimentación en zonas de rápidos y promueve la cobertura perifítica, por lo que afecta significativamente la abundancia de macroinvertebrados (Davies & Nelson, 1994). La hojarasca es un microhábitat importante en la comunidad de macroinvertebrados, ya que posee un efecto sobre la abundancia, además en sistemas tropicales, los paquetes de hojas se encuentran todo el año (Ramírez, Paaby, Pringle, & Agüero, 1998).

Se ha registrado que la alteración de las condiciones ecológicas dentro de los ríos afecta a los grupos ya establecidos en cuanto a abundancia. Por lo que promueve la colonización de otros grupos, los cuales también afectan la distribución de la comunidad de macroinvertebrados dentro de los sistemas acuáticos (Reyes, 2012). Esto demuestra la importancia del buen manejo de las cuencas, en especial la del lago Atitlán. Donde existen amenazas como la construcción de nuevas vías de acceso, expansión de la frontera agrícola, urbanización, incendios forestales, degradación de hábitats y contaminación (Rejmánková et al., 2018). Dichas acciones afectan negativamente la calidad de hábitat de los ríos, por ende, la disponibilidad de microhábitats y la estructura de la comunidad de macroinvertebrados.

Como se ha comprobado, el microhábitat juega un papel fundamental en la riqueza de macroinvertebrados. Algunos autores confirman los resultados obtenidos en esta investigación, incluso han reportado que ciertos parámetros fisicoquímicos pueden influenciar la composición de macroinvertebrados, tales como sólidos disueltos, pH, temperatura y turbidez (Moya et al., 2009; Roy & Homechaudhuri, 2017).

Esta investigación demostró que el microhábitat es muy importante para determinar la composición de la comunidad de macroinvertebrados (Costa & Sánchez, 2008). La presencia y dominancia de elementos de heterogeneidad en los ríos contribuye a incrementar la diversidad de hábitat físico y de las fuentes alimenticias como material alóctono y autóctono, además de proveer refugio en abundancia (Pardo et al., 2002; Villamarín, 2008), esto determina la riqueza y productividad de los macroinvertebrados en los ríos (Velásquez & Miserendino, 2003).

Por último, la información generada debe permitir la toma de decisiones que mejoren las condiciones ecológicas de los ríos de la cuenca del lago Atitlán. Primordialmente se debe mantener la heterogeneidad de hábitats en los cuerpos de agua, los cuales a su vez

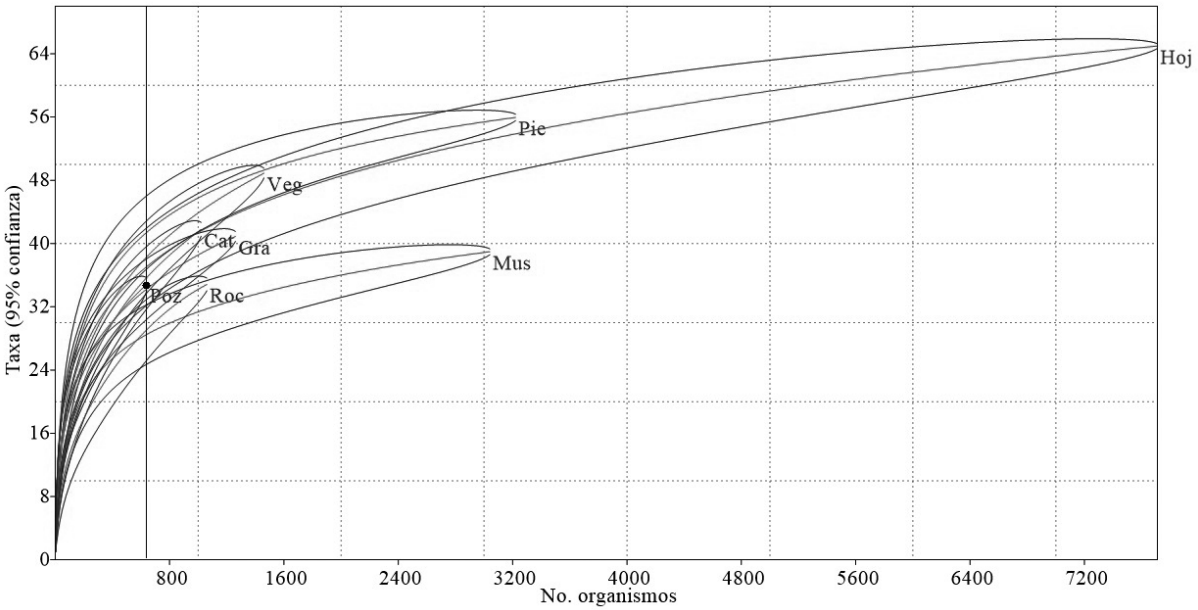


Figura 3. Curva de rarefacción para una muestra estándar de 641 individuos. Línea roja: curva de rarefacción y línea azul: intervalo de confianza 95%.

mantienen la población de macroinvertebrados. Esto se alcanza a través del buen manejo de la cuenca, principalmente la restauración de bosques nativos, los cuales aumentan microhábitats como hojarasca (uno de los más productivos). El buen manejo también puede alcanzarse por medio de la educación ambiental, sobre todo en la importancia de la zona ribereña de, ya que existe gran expansión de la frontera agrícola y de urbanización, las cuales fomentan la degradación de hábitats y contaminación.

Agradecimientos

La realización de este trabajo ha sido posible gracias a la colaboración de Isabel Arriola, Cristina Martínez, Federico Nave, Natanael Xamínez, Domingo Ujpán, Flor Barreno y Cristian Craker.

Referencias

Alonso, A., & Camargo, J. A. (2005). Estado actual y perspectivas en el empleo de la comunidad de macroinvertebrados bentónicos como indicadora del estado ecológico de los ecosistemas fluviales españoles. *Ecosistemas, 14*(3), 87-99. doi:10.7818/re.2014.14-3.00.

Arriola, A. I., & Reyes, E. M. F. (2016). *Informe de calidad de agua de ríos de la cuenca del lago de Atitlán 2015*. Panajachel, Sololá, Guatemala: Autoridad para el Manejo Sustentable de la Cuenca del Lago de Atitlán y su Entorno Departamento de Investigación y Calidad Ambiental. Recuperado de http://www.amsclae.gob.gt/wp-content/uploads/2016/12/rios2016.pdf

Baptista, D. F., Buss, D. F., Dorvillé, L. F. M., & Nessimian, J. L. (2001). Diversity and habitat preference of aquatic insects along the longitudinal gradient of the macaé river basin, Rio de Janeiro, Brazil. *Revista Brasileira de Biología*, *61*(2), 249-258. doi:10.1590/S0034-71082001000200007

Barbour, M. T., Gerritsen, J., Snyder, B. D., & Stribling, J. B. (1999). Rapid bioassessment protocols for use in streams and wadeable rivers: Periphyton, benthic macroinvertebrates and Fish (2nd ed.). Washington DC: U.S. Environmental Protection Agency.

Brown, A. V., & Brussock, P. P. (1991). Comparisons of benthic invertebrates between riffles and pools. *Hydrobiologia, 220*(2), 99-108. doi: 10.1007/BF00006542.

Burdett, A. S., & Watts, R. J. (2009). Modifying living space: An experimental study of the influences of vegetation on aquatic invertebrate community structure. *Hydrobiologia, 618*(1), 161-173. doi:10.1007/s10750-008-9573-z

Chacón, M. M. (2003). *Comunidades de Ephemeroptera (Insecta) en la cuenca del río Chama y su relación con la variabilidad ambiental* (Tesis de doctorado). Universidad de los Andes, Mérida.

Cogerino, L., Cellot, B., & Bournaud, M. (1995). Microhabitat diversity and associated macroinvertebrates in aquatic banks of a large European river. *Hydrobiologia, 304*(2), 103-115. doi:10.1007/BF02579416

Cortelezzi, A. (2010). *Hábitats funcionales y macroinvertebrados en cauces modificados de arroyos de llanura* (Tesis de doctorado). Universidad Nacional de La Plata, La Plata.

Costa, S. S., & Sánches, A. (2008). Beta diversity in stream macroinvertebrate assemblages: among-site and among-microhabitat components. *Hydrobiologia*, *598*(1), 131-138 doi:10.1007/s10750-007-9145-7

Covich, A. P., Palmer, M. A., & Crowl, T. A. (1999). The role of benthic invertebrate species in freshwater ecosystems. *BioScience*, *49*(2), 119-127.

Crisci, V., Bispo, P., & Froehlich, C. (2007). Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera assemblages in litter in a mountain stream of Atlantic Rainforest from Southeastern Brazil. *Revista Brasileira de Zoologia, 24*(3), 545-551. doi:10.1590/S0101-81752007000300004

Davies, P. E., & Nelson, M. (1994). Relationships between riparian buffer widths and the effects of logging on stream habitat, invertebrate community composition and fish abundance. *Australian Journal of Marine and Freshwater Research, 45*(7), 1289-1305.

Eyes-Escalante, M., Rodríguez-Barrios, J., & Gutiérrez-Moreno, L. C. (2012). Descomposición de la hojarasca y su relación con los macroinvertebrados acuáticos del río Gaira (Santa Marta-Colombia). *Acta Biológica Colombiana, 17*(1), 77-92.

Flowers, R. W., & De la Rosa, C. (2010). Ephemeroptera. *Revista Biología Tropical,* 58(4), 63-93.

García, P., & Méndez, C. (2010). Análisis de la distribución de macroinvertebrados acuáticos a escala detallada en la ecorregión Lachuá, Cobán, Alta Verapaz. *Revista Científica del Instituto de Investigaciones Químicas y Biológicas, 19*(2), 37-50.

Gil, N. E. (2016). Caracterización y evaluación de la calidad del agua de los ríos Quiscab y San Francisco, Guatemala. *Ciencia, Tecnología y Salud*, *3*(2), 193.

Gutiérrez-Fonseca, P. E. (2010). Guía ilustrada para el estudio ecológico y taxonómico de los insectos acuáticos del Orden Coleoptera en El Salvador. En M Springer & J. M. Sermeño (Eds.), *Formulación de una guía metodológica estandarizada para determinar la calidad ambiental de las aguas de los ríos de El Salvador, utilizando insectos acuáticos.* San Salvador, El Salvador: Editorial Universitaria (UES).

Hammer, Ø. (Ed.) (2001). *Paleontological statistics*. *Reference Manual*. Noruega: Natural History Museum. University of Oslo,

Jiménez-Sandoval, J. A. (2015). *Morfología funcional y hábitat de macroinvertebrados acuáticos en lagunas del parque nacional natural Chingaza* (Tesis de licenciatura). Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá.

Jowett, I. G. (2003). Hydraulic constraints on habitat suitability for benthic invertebrates in grave-bed rivers. *River Research and Applications, 19*(6), 495-507. doi:10.1002/rra.734

Kraker-Castañeda, C., & Cóbar-Carranza, A. J. (2011). Uso de rarefacción para comparación de la riqueza de especies: el caso de las aves de sotobosque en la zona de influencia del Parque Nacional Laguna Lachuá, Guatemala. *Naturaleza y Desarrollo, 9*(1), 60-70.

Logan, P., & Brooker, M. P. (1983). The macroinvertebrate faunas of rifles and pools. *Water Research, 17*(3), 263-270. doi:10.1016/0043-1354(83)90179-3.

Maneechan, W., & Prommi, T. O. (2015). Diversity and distribution of aquatic insects in streams of the Mae Klong watershed, western Thailand. *Psyche, 2015*(1), 1-7. doi:10.1155/2015/912451.

Manrique, E., & Gómez, S. (2017). *Colonización de sustratos por macroinvertebrados acuáticos en las aguas de la quebrada Charquira del municipio de Carmen de Carupa* (Tesis de licenciatura).

Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá.

Merritt, R. W., Cummins, K. W., & Berg, M. B. (Eds.). (2008). *An introduction to the aquatic insects of North America.* Dubuque, Iowa: Kendall/Hunt Publishing.

Meza, A. M., Rubio, J., Dias, L. G., & Walteros, J. M. (2012). Calidad de agua y composición de macroinvertebrados acuáticos en la subcuenca alta del río Chinchiná. *Caldasia, 34*(2), 443-456.

Moya, N., Gibon, F. M., Oberdorff, T., Rosales, C., & Domínguez, E. (2009). Comparación de las comunidades de macroinvertebrados acuáticos en ríos intermitentes y permanentes del altiplano boliviano: Implicaciones para el futuro cambio climático. *Ecología Aplicada, 8*(2), 105-114.

Pardo, I., Álvarez, M., Casas, J., Moreno, J. L., Vivas, S., Bonada, N., … Vidal-Abarca, M. R. (2002). El hábitat de los ríos mediterráneos: Diseño de un índice de diversidad de hábitat. *Limnetica, 21*(3-4), 115-133.

Ramírez, A. (2010). Odonata. *Revista Biología Tropical*, *58*(4), 97-136.

Ramírez, A., Paaby, P., Pringle, C. M., & Agüero, G. (1998). Effect of habitat type on benthic macroinvertebrates in two lowland tropical streams, Costa Rica. *Revista Biología Tropical, 46*(6), 201-213. doi:10.15517/rbt.v46i6.29826

Ramírez, A., & Pringle, C. M. (1998). Structure and production of a benthic insect assemblage in a neotropical stream. *Journal of the North American Benthological Society, 14*(4), 443-463. doi:10.2307/1468365

Rejmánková, E., Sullivan, B. W., Ortiz, J. R., Snyder, J. M., Castle, S. T., & Reyes, F. (2018). Regime shift in the littoral ecosystem of volcanic Lake Atitlán in Central America: combined role of stochastic event and invasive plant species. *Freshwater Biology,* 1-19. doi:10.1111/fwb.13119.

Reyes, E. M. F. (2012). *Uso de macroinvertebrados acuáticos como indicadores biológicos de la calidad del agua en la cuenca del lago Atitlán, Guatemala* (Tesis de maestría). Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica.

Reyes-Morales, F., & Springer, M. (2014). Efecto del esfuerzo de muestreo en la riqueza de taxones de macroinvertebrados acuáticos y el índice BMWP/Atitlán. *Revista Biología Tropical, 62*(2), 291-301.

Rivera, R. (2004). *Estructura y composición de la comunidad de macroinvertebrados bentónicos en ríos de páramo y zonas boscosas, en los andes venezolanos* (Tesis de licenciatura). Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela.

Rodríguez-Barrios, J., Ospina-Torres, R., & Turizo-Correa, R. (2011). Grupos funcionales alimentarios de macroinvertebrados acuáticos en el río Gaira, Colombia. *Revista de Biología Tropical, 59*(4), 1537-1552. doi: 10.15517/rbt.v59i4.3418

Roy, A., & Homechaudhuri, S. (2017). Comparing diversity of freshwater macroinvertebrate community along habitat gradients within a riverine system in North Bengal, India. *Journal of Entomology and Zoology Studies, 5*(4), 86-93.

Sajamí, J. I., & Huamantico, A. A. (2016). Distribución espacial de Ephemeroptera, Plecoptera, Trichoptera y Coleoptera (Insecta) en una quebrada de primer orden, bosque montano, Junín, Perú. *Revista Peruana de Biología*, *23*(2), 95-102. doi:10.15381/rpb.v23i2.12377

Scullion, J., Parish, C. A., Morgan, N., & Edwards, R. W. (1982). Comparison of benthic macroinvertebrate fauna and substratum composition in riffles and pools in the impounded river Elan and de unregulated river Wye, mid-wales. *Freshwater Biology, 12*(6), 579-595. doi:10.1111/j.1365-2427.1982.tb00650.x

Sepulcre, N. (2012). *Estudio de los macroinvertebrados acuáticos en ríos europeos de montaña en relación con las características del microhábitat* (Tesis de licenciatura). Universidad Politécnica de Valencia, Escuela Politécnica Superior de Gandia, Valencia.

Silva, M. I., Nessimian, J. L., & Ferreira, N. (2007). Chaves para identificação dos gêneros de Elmidae (Coleoptera) ocorrentes no Estado do Rio de Janeiro, Brasil. *Revista Brasileira de Entomologia, 51*(1), 42-53. doi:10.1590/S0085-56262007000100008

Springer, M. (2010). Trichoptera. *Revista Biología Tropical, 58*(4), 151-198.

Vásquez-Ramos, J. M., Guevara-Cardona, G., & Reinoso-Flórez, G. (2014). Factores ambientales asociados con la preferencia de hábitat de larvas de tricópteros en cuencas con bosque seco tropical (Tolima, Colombia). *Revista Biología Tropical, 62*(2), 21-40.

Vásquez-Ramos, J. M., & Reinoso-Flórez, G. (2012). Estructura de la fauna béntica en corrientes de los Andes colombianos. *Revista Colombiana de Entomología 38*(2), 351-358.

Velásquez, S. M., & Miserendino, M. L. (2003). Análisis de la materia orgánica alóctona y organización funcional de macroinvertebrados en relación con el tipo de hábitat en ríos de montaña de Patagonia. *Ecología Austral, 13,* 67-82.

Villamarín, C. P. (2008). *Estructura y composición de las comunidades de macroinvertebrados acuáticos en ríos altoandinos del Ecuador y Perú: Diseño de un sistema de medida de la calidad del agua con índices multimétricos* (Tesis de doctorado). Universidad de Barcelona, Barcelona.

Vinson, M. (2006). *Annotated guide to common aquatic invertebrates*. Logan, UT: Utah State University.

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Artículo Científico / Scientific Article

Evaluación de la resistencia de genotipos de tomate frente a aislados de *Phytophthora infestans* provenientes de Guatemala

Evaluation of the resistance of tomato genotypes against isolates of *Phytophthora infestans* from Guatemala

Julio E. Berdúo-Sandoval[1], José A. Ruiz-Chután[1,2], Amílcar Sánchez-Pérez[1]*

[1]Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala
[2]Department of Crop Sciences and Agroforestry, Czech University of Life Sciences Prague, Czech Republic

***Autor al que se dirige la correspondencia:** gramisp@hotmail.com

Recibido: 25 de octubre 2018 / Revisión: 28 de marzo 2019 / Aceptado: 10 de mayo 2019

Resumen

El oomicete *Phytophthora infestans* (Mont) DeBary es el patógeno responsable de causar la enfermedad denominada comúnmente como tizón tardío. Dicho patógeno afecta cultivos de importancia económica para el país, entre ellos el tomate, cultivo en el cual puede generar pérdidas totales en la producción. Dada la agresividad del patógeno, los programas de mejoramiento desarrollan nuevos genotipos de tomate resistentes a esta enfermedad mediante la incorporación de genes de resistencia, como los genes *Ph*. Sin embargo, las nuevas cepas de *P. infestans*, producto de la recombinación genética, pueden sobrepasar la resistencia de los genotipos mejorados. En este estudio se evaluó la resistencia genética de 13 genotipos de tomate mejorados, ante cinco aislados de *P. infestans* obtenidos de un estudio previo. Mediante inoculaciones in vitro y con la variable de respuesta de área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC), se determinó que existió diferencia estadísticamente significativa ($p < 0.05$) entre el comportamiento de la resistencia, la agresividad de los aislados del patógeno y la interacción entre ambos factores. Además, se sugiere el uso de algunas líneas para ser incorporadas en programas de mejoramiento genético y así desarrollar nuevos genotipos aptos para el país y, por último, la profundización para establecer las bases genéticas de la resistencia de los dos cultivares evaluados en este estudio.

Palabras claves: tizón tardío, genes *Ph*, variabilidad genética, área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC)

Abstract

The oomycete *Phytophthora infestans* (Mont) DeBary causes late blight disease. This pathogen affects economically important crops for the country, including tomato, a crop in which it can causes total losses in production. Given the aggressiveness of the pathogen, tomato breeding programs develop new genotypes with resistance to *P. infestans*, being a source of resistance *Ph* genes. However, the new strains of *P. infestans*, product of the genetic variability of their populations, can overcome the resistance of the genotypes. In this study, the genetic resistance of 13 tomato materials was evaluated against 5 isolates of *P. infestans* obtained from a previous study. Through in vitro inoculations and with the area under the disease progress curve (AUDPC), it was determined that there was a statistically significant difference ($p < 0.05$) between the behavior of the genetic resistance, the aggressiveness of the isolates of the pathogen and the interaction between both factors. It is also suggested the use of some lines to be incorporated into tomato breeding programs and develop new genotypes suitable for the country and, finally, to establish the genetic basis of the resistance of the two cultivars evaluated in this study.

Keywords late blight disease, *Ph* genes, genetic variability, area under the disease progress curve (AUDPC)

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

En Guatemala, el cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es considerado uno de los cultivos hortícolas de mayor importancia económica, ya que en el 2016 se proyectó una cosecha de 318,181.8 Tm en un área de 8,248.5 ha (Maga, 2016). La producción de tomate trae consigo el reto del manejo de plagas, enfermedades, malezas y condiciones climáticas adversas. De esta lista de factores, las enfermedades representan la mayor complicación, al estimarse más de 200 alrededor del mundo capaces de afectar la producción del cultivo. Dentro de estas, el tizón tardío, causado por el oomicete *Phytophothora infestans* (Mont.) DeBary, representa el mayor problema a nivel mundial (Fry, 2008). Este patógeno tiene un devastador impacto económico, ya que puede causar pérdidas de hasta el 100% de la producción en regiones tropicales y subtropicales (Chowdappa et al., 2013).

Debido a esto, el patógeno ha sido motivo de estudios patológicos y genéticos desde la gran hambruna irlandesa en la década de 1840, la cual dejó tras de sí la muerte y desplazamiento de millones de personas (Martin et al., 2013; Panthee, Gardner, Ibrahem, & Anderson, 2015; Stroud, Shaw, Hale, & Steele, 2016). El continuo estudio del patógeno ha demostrado que en años recientes han surgido nuevas cepas de *P. infestans* más agresivas, dificultando así el manejo de la enfermedad (Cooke et al., 2012) por la resistencia desarrollada al control químico (Hu et al., 2012) debido aparecimiento de líneas clonales (Danies, Small, Myers, Childers, & Fry, 2013; Lees et al., 2012).

Debido a su capacidad de reproducirse de forma sexual (Gallegly & Galindo, 1958), existen claros indicios de que el proceso de recombinación ha generado un incremento en su variabilidad genética, provocando cambios en su epidemiología resistencia a fungicidas y adaptación a nuevos factores bióticos y abióticos (Cooke et al., 2011) como lo reportado en las poblaciones del sur de India (Chowdappa et al., 2015) y China (Li et al., 2013).

La latente amenaza de nuevos brotes de *P. infestans*, así como su alcance devastador y la vulnerabilidad del sistema de producción en el cultivo de tomate, quedó demostrada en el 2009 durante la pandemia de tizón tardío ocurrida en el noreste de los Estados Unidos. Esto fue el resultado de condiciones ambientales favorables para el patógeno, la amplia dispersión de plántulas de tomate infectadas a través de distribuidores menores, la falta de conocimiento público sobre los síntomas y la presencia de las nuevas líneas clonales US-22, US-23 y US24 (Fry et al., 2013; Hu et al., 2012). Entre las estrategias para el control de esta enfermedad, el factor genético juega un papel preponderante, por lo que, desde la década de 1940, se iniciaron programas de mejoramiento para desarrollar materiales de tomate resistentes a *P. infestans* mediante la identificación e introgresión de genes de resistencia (Richards & Barrat, 1946; Walter & Conover, 1952).

El gen dominante de resistencia *Ph-1* fue el primero en ser incorporado en un material de tomate domesticado a partir del pariente silvestre *Solanum pimpinellifolium* L. Dicho gen le confirió resistencia cualitativa ante la raza 0 de *P. infestans*, pero fue rápidamente superado por nuevos genotipos del patógeno. Este gen se encuentra ubicado en el cromosoma 7 (Gallegly, 1968; Pierce, 1971). El gen incompletamente dominante *Ph-2*, ubicado en el cromosoma 10 y proveniente de *S. pimpinellifolium*, confiere resistencia parcial hacia algunos genotipos de *P. infestans* por lo que se asemeja a una resistencia de tipo cuantitativa. Dicho gen tiene una acción de retraso en el desarrollo de la enfermedad, pero no logra detenerla por completo (Moreau, Thoquet, Olivier, Laterrot, & Grimsley, 1998) y generalmente fracasa ante la presencia de cepas más agresivas (Black, Wang, Hanson, & Chen, 1996; Goodwin, Schneider, & Fry, 1995). Este gen fue introducido en la década de 1960 (Gallegly, 1968).

El gen incompletamente dominante *Ph-3* ha demostrado conferir una fuerte resistencia y fue identificado en la década de 1990 por investigadores del *World Vegetable Center*, Centro Asiático de Investigación y Desarrollo de Vegetales en Taiwán (Black et al., 1996). Desde entonces, este gen ha sido el principalmente utilizado, debido a que la resistencia que presenta es efectiva a un amplio rango de cepas de *P. infestans,* incluyendo aquellas que han superado la resistencia conferida por los genes *Ph-1* y *Ph-2*, desarrollándose importantes materiales como las líneas CULBPT-A46 and CULBPT-A48 (Kim & Mutschler, 2006), NC 1 CELBR and NC 2 CELBR (Gardener & Panthee, 2010a) y los híbridos Plum Regal (Gardener & Panthee, 2010b) y Moutaian Merit (Panthee & Gardner, 2010). Se han desarrollado otras caracterizaciones del gen Ph 3, a partir de diversas accesiones de *S. pimpinellifolim,* en busca de nuevas formas más efectivas en el control de *P. infestans* (Kim & Mutschler, 2005).

Sin embargo, se ha determinado que existen nuevas cepas que han superado la resistencia conferida por el gen *Ph-3* (Chunwongse, Chunwongse, Black,

& Hanson, 2002) pero al parecer, la combinación de los genes *Ph-2* y *Ph-3* confieren una fuerte resistencia a muchas más cepas. Por esto, prestigiosos programas de mejoramiento alrededor del mundo, como los de la Universidad Estatal del Norte de Carolina, la Universidad Estatal de Pensilvania, la Universidad de Cornell y el Centro Asiático de Investigación y Desarrollo de Vegetales en Taiwán; han logrado la incorporación exitosa de genes de resistencia a *P. infestans* en nuevos materiales de tomate a través de la combinación de marcadores morfólogicos y la selección asistida por marcadores moleculares. Algunos ejemplos de estos son las líneas NC1CELBR y NC2CELBR las cuales incorporan los genes *Ph-2* y *Ph-3* y los híbridos Plum Regal F1 (*Ph-3*), Mountain Magic F1 (*Ph-2* y *Ph-3*) y Moutain Merit F1 (*Ph2* y *Ph3*), que han sido liberados a través del programa de mejoramiento de la Universidad Estatal de Carolina del Norte (Gardener & Panthee, 2010b; Panthee & Gardner, 2010; Panthee et al., 2015).

Otros cultivares denominados como heirloom, dentro de los cuales destacan los cultivares Matt´s Wild Cherry (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforemes (Dunal) Spooner*) y Wapsipinicon Peach (*Solanum lycopersicum* L.), han manifestado una fuerte resistencia a diferentes cepas de *P. infestans*. No obstante, las bases genéticas de su resistencia son aún desconocidas, tras no haberse identificado los genes *Ph-2* ni *Ph-3*, por lo cual es necesario continuar con la caracterización de estos genotipos, ya que la resistencia podría provenir de genes diferentes a los ya identificados (Hoagland et al., 2015; Seidl Johnson, Jordan, & Gevens, 2014).

Se planteó esta investigación debido a la importancia del cultivo de tomate para la economía guatemalteca, tras haberse demostrado la alta diversidad genética de *P. infestans* en el país (Ruiz-Chután, Berdúo-Sandoval, & Sánchez-Pérez, 2018) y luego de la identificación de cepas cada vez más agresivas, que han sobrepasado la resistencia de muchos variedades mejoradas (Foolad, Merk, & Ashrafi, 2008; Foolad, Sullenberger, Ohlson, & Gugino, 2014; Fry et al., 2015; Yin et al., 2017). El objetivo fue evaluar la resistencia de seis líneas puras de tomate, cinco híbridos y dos cultivares contra la infección de cinco aislados de *P. infestans*. Dichos aislados representan los grupos filogenéticos identificados en Guatemala, determinados en un estudio previo (Ruiz-Chután et al., 2018). Para la evaluación se colectaron muestras de tejido vegetal con los síntomas típicos causados por *P. infestans* en plantaciones de tomate y papa en Guatemala, a partir de las cuales se aisló el patógeno y posteriormente se realizaron los ensayos de inoculación sobre los genotipos de tomate. Se tomaron lecturas de severidad sobre las hojas afectadas y se calculó el área bajo la curva del progreso de la enfermedad, como parámetro para determinar la efectividad de la resistencia de los genotipos evaluados.

Materiales y métodos

Colecta y aislamiento de *P. infestans*

Debido a que el patógeno no discrimina en su ataque entre plantas de tomate y papa, se decidió realizar el aislamiento de este a partir de ambos cultivos. Se colectaron 45 muestras de tejido foliar de plantas de tomate y 20 de tejido foliar de plantas de papa durante los meses de mayo a septiembre, periodo en el cual prevalecen las condiciones de alta humedad, temperaturas frescas y periodos nublados en las zonas productoras de tomate y papa en Guatemala, las cuales favorecen el desarrollo del patógeno según Rick y Chetelat (1995). A partir de estas se logró el aislamiento del patógeno en siete muestras de tomate y 15 de papa. Los detalles sobre la procedencia de los sitios de colecta se presentan en la Tabla 1.

Para la evaluación de resistencia se emplearon únicamente los aislados identificados como Patzicía (P10), Sanarate (P16), San Juan Ostuncalco (P17), San Marcos (P19) y Todos Santos Cuchumatán (P22) por representar los grupos filogenéticos identificados en algunas de las principales zonas productoras de tomate y papa de Guatemala en un estudio previo (Ruiz-Chután et al., 2018)

En cada parcela se colectaron 10 hojas afectadas por *P. infestans* procurando identificar los síntomas iniciales de la enfermedad para reducir el riesgo de contaminación provocados por patógenos secundarios. Tras el traslado de las muestras al laboratorio de Biotecnología Vegetal de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala, se realizó un proceso de desinfección a las hojas a través de inmersiones en etanol al 70%, hipoclorito de sodio 1.25% y agua destilada estéril.

Luego, las hojas fueron sembradas en placas de Petri con medio de cultivo sólido de arveja suplementado con 100 ppm de penicilina y 30 ppm de procloraz e incubadas en oscuridad a 20°C. Se obtuvieron cultivos puros a partir de zoosporas únicas. Para propiciar el desarrollo del oomicete, se realizaron resiembras a intervalos de 4 semanas empleando para ello el medio de cultivo de arveja sin la adición de ningún antibiótico.

Tabla 1
Aislados de P. infestans *utilizados en este estudio y su procedencia de algunas zonas productoras de tomate y papa de Guatemala*

Aislado	Lugar de colecta	Cultivo	Departamento	Coordernadas	
P10	Patzicía 1	Papa	Chimaltenango	14.640814	-90.940335
P16	Sanarate	Tomate	El Progreso	14.81018	-90.213296
P17	San Juan Ostuncalco	Papa	Quetzaltenango	14.866048	-91.602249
P19	San Marcos 1	Papa	San Marcos	15.022028	-91.798506
P22	Todos Santos Cuchumatán	Papa	Huehuetenango	15.456613	-91.501255

Selección de genotipos de tomate

Debido a que en Guatemala no existen híbridos comerciales con resistencia genética al tizón tardío, se seleccionaron genotipos basados en los siguientes criterios, (a) presencia documentada de genes de resistencia y (b) datos publicados que indican la resistencia del genotipo al tizón tardío. Los genotipos seleccionados se comercializan en Estados Unidos. Las semillas fueron compradas en las siguientes compañías distribuidoras de semillas Matt's Wild Cherry, Defiant PHR F1, Mountain Magic, Moutain Merit F1 y Plum Regal en Johnny's Selected Seeds, Waterville, ME; Iron Lady y Wapsipinicon Peach, en High Mowing Organic Seeds, Wolcot, VT, y las semillas NC1CELBR1, NC1CELBR2, NC2CELBRa, NC2CELBRb, NC25Pa, NC25Pb, fueron proporcionados por el Dr. Dillip Panthee, de la Universidad Estatal de Carolina del Norte. Las plántulas del híbrido Retana, que fue utilizado como control susceptible, fueron compradas en la empresa Pilones de Antigua, S.A. El detalle de los genotipos puede consultarse en la Tabla 2.

Preparación del inóculo

A partir de cada caja de Petri que contenía el oomicete en desarrollo, se agregaron 5 ml de agua destilada estéril y cuidadosamente se realizó un raspado sobre el medio con una espátula de vidrio, colocando la suspensión de esporangios dentro de un vaso de precipitar estéril. La suspensión se ajustó a una concentración de 50,000 esporangios por ml como sugiere Seidl Johnson y colaboradores (2014) y Akhtar y colaboradores (2012) y se incubó por dos horas a 10°C en condiciones de oscuridad para promover la liberación de zoosporas (Nelson, 2006).

Ensayo para evaluación de resistencia genética a aislados de *P. infestans*

Los genotipos de tomate se evaluaron utilizando la técnica de cámara húmeda en un diseño experimental completamente al azar bifactorial con tres repeticiones, siendo los factores evaluados los genotipos de tomate (14 niveles) y los aislados de *P. infestans* (5 niveles) más un control negativo,siguiendo la metodología propuesta por Seidl y colaboradores (2014). Cada repetición consistió de una caja de Petri de 90 mm de diámetro, conteniendo papel toalla húmeda. En cada caja Petri fue colocada una hoja de cada genotipo, por lo cual el experimento consistió de 252 unidades experimentales.

Las semillas de cada genotipo fueron sembradas en bandejas conteniendo peatmoss como sustrato, las cuales fueron ubicadas en un invernadero libre de *P. infestans*. Tras 5 semanas se procedió a trasplantar 20 plántulas de cada genotipo hacia un invernadero en la Facultad de Agronomía, Usac. Dos semanas después del trasplante se colectaron hojas bien formadas de la parte media de la planta y estas se colocaron en cajas de Petri donde fueron inoculadas haciendo una aplicación de 10 µl de suspensión de esporas de *P. infestans* al centro del haz de cada hoja. Como control susceptible se empleó la variedad Retana, y como control negativo del patógeno se empleó agua destilada. Después de la inoculación, las cajas de Petri fueron colocadas en

Tabla 2
Descripción genética y morfológica de los materiales de tomate utilizados para pruebas de resistencia genética a P. infestans

No.	Nombre		Bases de resistencia genética	Hábito crecimiento	Color fruto
1	Defiant PHR F1	Híbrido	Heterocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
2	Mountain Merit F1	Híbrido	Heterocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
3	Plum Regal F1	Híbrido	Heterocigoto *Ph3*	Determinado	Rojo
4	Iron Lady F1	Híbrido	Homocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
5	NC1CELBR1	Linea	Homocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
6	NC1CELBR2	Linea	Homocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
7	NC2CELBRa	Linea	Homocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
8	NC2CELBRb	Linea	Homocigoto *Ph2* y *Ph3*	Determinado	Rojo
9	Matt´s Wild Cherry	Cultivar	Desconocido	Indeterminado	Rojo
10	Mountain Magic F1	Híbrido	Heterocigoto *Ph2* y *Ph 3*	Indeterminado	Rojo
11	Wapsipinicon Peach	Cultivar	Desconocido	Indeterminado	Amarillo
12	NC25Pa	Linea	Homocigoto *Ph 3*	Determinado	Rojo
13	NC25Pb	Linea	Homocigoto *Ph 3*	Determinado	Rojo
14	Retana	Híbrido		Determinado	Rojo

un incubador a 20°C para favorecer el desarrollo de la enfermedad. Las lecturas para evaluar la resistencia de los genotipos de tomate se realizaron a los 3, 4, 5 y 7 días a partir de la inoculación y mediante el uso de un estereoscopio, se procedió a identificar la presencia de las estructuras del oomicete (micelio y esporangios), así como el área de la lesión provocado por *P. infestans* (Figura 2).

Análisis de datos

Los datos de área de lesión fueron relacionados con el área foliar total para transformarlos en datos de severidad según el siguiente modelo, severidad = (área de lesión/área foliar total)*100. Con los datos de severidad se calculó el área bajo la curva de progreso de la enfermedad, AUDPC por sus siglas en inglés, ya que, por tratarse de una enfermedad policíclica, este es el parámetro de medición que mejor se ajusta (de la Cruz, Lozoya-Saldaña, Sahagún-Castellanos, & Peña-Lomelí, 2014). Con los datos obtenidos se realizó un análisis de varianza con un nivel de significancia del 5% en base al diseño experimental descrito anteriormente, seguido de una comparación de medias mediante la prueba de Tukey con un nivel de significancia del 5%.

Resultados

Tras realizarse el análisis de varianza se determinó que existió diferencia estadísticamente significativa entre el comportamiento de los aislados de *P. infestans*, los genotipos de tomate evaluados y la interacción entre el patógeno y los genotipos bajo evaluación, con un $p < .001$ para todos los casos.

Se identificó que los valores AUDPC son variables y están en función al aislado del patógeno utilizado para la inoculación. Para el primer caso, en el cual la inoculación se llevó a cabo con el aislado P10, la comparación de medias mediante la prueba de Tukey generó seis grupos o tipos de comportamiento, siendo los cultivares Wapsipinicon Peach, Matt´s Wild Cherry y las líneas NC2CELBRa, NC2CELBRb, NC1CELBR1 y NC25Pa los menos afectados. Las líneas NC1CELBR2, NC25Pb fueron clasificados en un segundo grupo. Los híbridos Mountain MeritF1 y Mountain Magic F1conformaron un tercer grupo. El híbrido Iron Lady F1 se colocó en un cuarto grupo. Los híbridos Plum Regal y Defiant PHR F1quedaron en un quinto grupo. Finalmente, el híbrido comercial Retana en el sexto grupo como el más susceptible (Figura 1A).

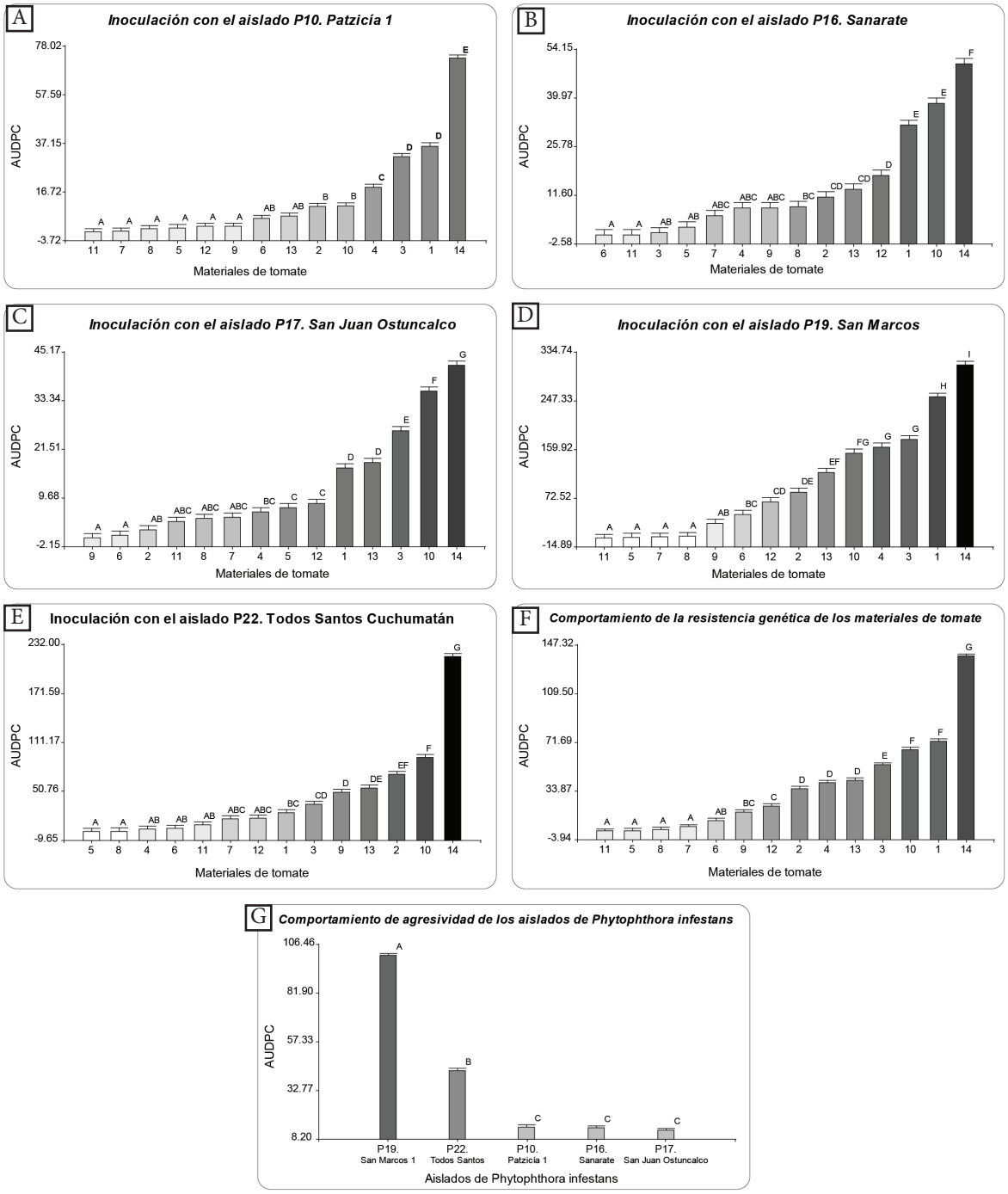


Figura 1. **A, B, C, D, E** muestra los valores de las pruebas de medias de Tukey del área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC) producto de la inoculación con aislados de *Phytophthora infestans* de distintas procedencias de Guatemala. **F** muestra el comportamiento de la resistencia genética de los materiales de tomate contra todos los aislados de *P. infestans*. **G** muestra el comportamiento de la agresividad de los aislados de *P. infestans* contra todos los materiales de tomate. Letras diferentes indican diferencia estadísticamente significativa $p < .05$. La identificación de los materiales de tomate puede observarse en la Tabla 2.

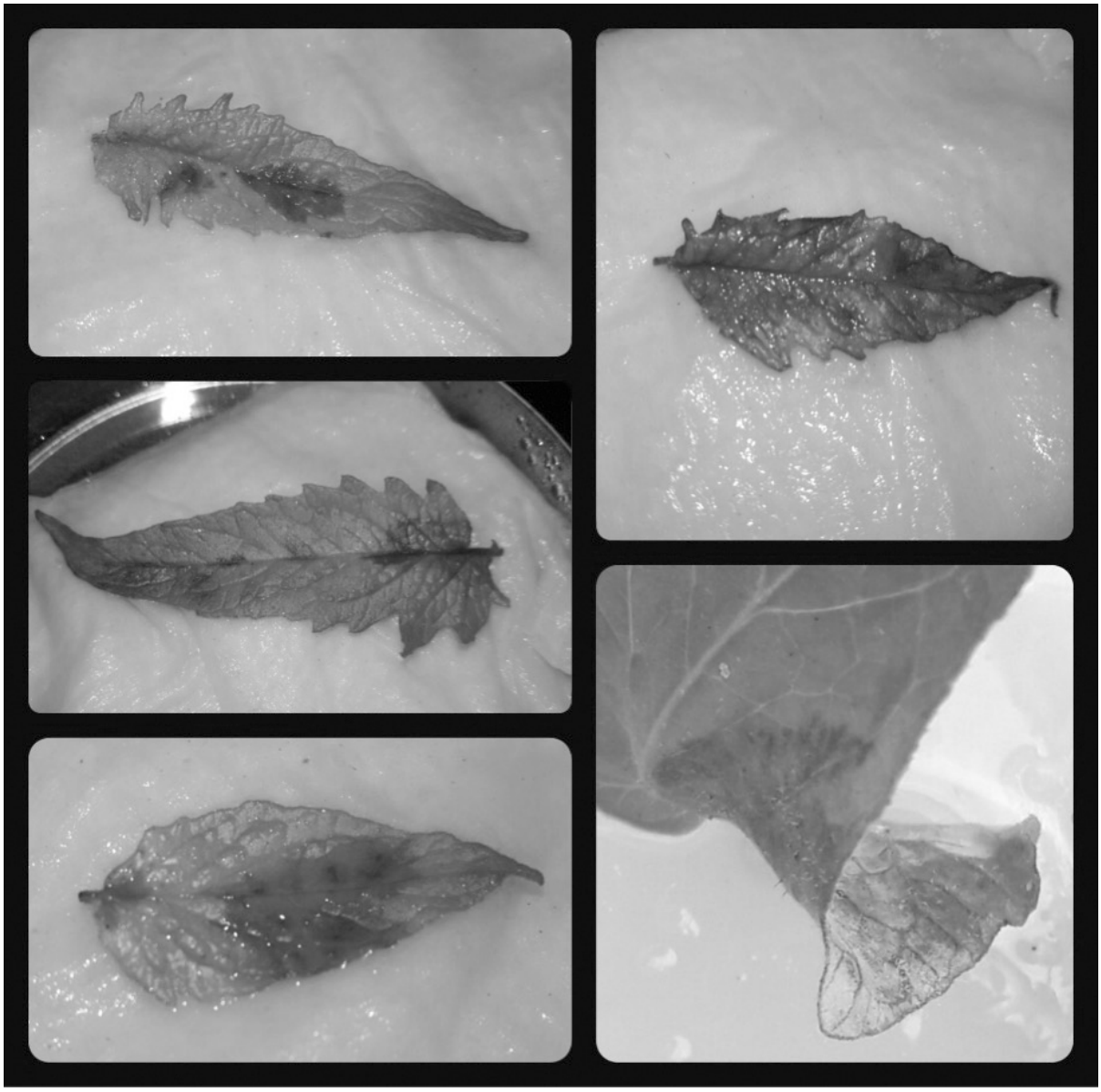


Figura 2. Desarrollo de la enfermedad del tizón tardío sobre hojas de tomate durante los ensayos de inoculación con los aislados de *Phytophthora infestans*.

En el segundo caso, se utilizó el aislado P16 (Figura 1B), los genotipos fueron clasificados en ocho grupos según la prueba de Tukey. Sin embargo, el orden de agrupación fue distinto al primer caso, siendo los genotipos con los valores más bajos de AUDPC el cultivar Wapsipinicon Peach y la línea NCICELBR2, seguido del segundo grupo con híbrido Plum Regal F1 y la línea NC1CELBR1. El tercer grupo agrupó la linea NC2CELBRa, el híbrido Iron Lady F1 y el cultivar Matt´s Wild Cherry. El cuarto grupo quedó conformado con la línea NC2CELBRb. En el quinto grupo se encontró el híbrido Moutain Merit F1 y la línea NC25Pb. En el sexto grupo se ubicó a la línea NC25Pa. El séptimo grupo quedó compuesto por los híbridos Defiant PHR F1 y Mountain Magic F1. En el octavo y último grupo se ubicó nuevamente el híbrido Retana.

Los datos obtenidos de la inoculación realizada con el aislado P17, permitió realizar una clasificación

de nueve grupos tras la prueba de Tukey. Los menores valores de AUDPC corresponden al cultivar Matt´s Wild Cherry y la línea NCCELBR2, mientras que los genotipos más afectados fueron los híbridos Mountain Magic F1 y Retana. El comportamiento del resto de genotipos puede observarse en la Figura 1C.

En el caso de las inoculaciones con el aislado P19, se generaron 10 grupos en base a la prueba de media usando la prueba de Tukey, siendo los genotipos con los menores valores de AUDPC el cultivar Wapsipinicon Peach y las líneas NC1CELBR1, NC2CELBRa y NC2CELBRb. Los genotipos mayormente afectados y por lo tanto con los mayores valores de AUDPC fueron los híbridos Defiant PHR F1 y Retana. La distribución del resto de genotipos puede observarse en la Figura 1D.

En el caso del comportamiento de las inoculaciones con el aislado P22, la prueba de Tukey clasificó a los genotipos en diez grupos, siendo los menos afectados las líneas NC1CELBR1, NC1CELBRb, NC1CELBR2, el híbrido Iron Lady F1 y el cultivar Wapsipinicon Peach; mientras que el híbrido Retana fue de nuevo el más afectado. La distribución del resto de genotipos puede observarse en la Figura 1E.

Con la prueba de Tukey también se determinó que los genotipos que mostraron los valores más bajos de AUDPC contra todos los aislados de *P. infestans* fueron el cultivar Wapsipinicon Peach y las líneas NC1CELBR1, NC2CELBRb y NC2CELBRa. Seguido hubo un segundo grupo donde se encontró la línea NC1CELBR2, luego un tercer grupo compuesto del cultivar Matt´s Wild Cherry, un cuarto grupo con la línea NC25Pa, un quinto grupo con los híbridos Moutain Merit F1, Iron Lady F1, y la línea NC25P. El sexto grupo se conformó únicamente por el híbrido Plum Regal F1, un séptimo grupo con los híbridos Mountain Magic F1 y Defiant PHR F1. Por último, se encontró el híbrido Retana, como se observa en la Figura 1F. El análisis de varianza también indicó que existió diferencia estadísticamente significativa en los valores de AUDPC entre los diferentes aislados de *P. infestans* utilizados en las pruebas de inoculación. Los aislados fueron clasificados en 3 grupos según la prueba de comparación de medias de Tukey, en la cual el aislado P19 se ubicó como primer grupo por mostrar los valores más altos de AUDPC y por lo tanto la mayor agresividad. Seguido se encontró el aislado P22 como un segundo grupo de Tukey y finalmente los aislados P17, P16 y P10 se agruparon juntos por poseer los valores más bajos de AUDPC, como puede observarse en la Figura 1G.

Discusión

Los ensayos de inoculación, para evaluar la resistencia de los genotipos de tomate ante la inoculación de distintos aislados de *P. infestans*, mostraron que, dichos genotipos respondieron de formas diferentes según el grupo filogenético de los aislados con los cuales se realizaron las inoculaciones. De esta forma se reafirman que la diversidad genética de *P. infestans* es un factor crucial en el desarrollo de nuevas poblaciones cada vez más agresivas (Cooke et al., 2012; Danies et al., 2013; Foolad et al., 2008, 2014; Fry et al., 2015; Hu et al., 2012; Lees et al., 2012). Al profundizar en el comportamiento de los diversos genotipos, se puede observar que tras la inoculación realizada con el aislado P10, el cultivar Wapsipinicon Peach fue el que mostró la mayor resistencia frente a *P. infestans* por haber presentado el menor valor de AUDCP.

A pesar de esto, dicho cultivar no presentó el mismo nivel de resistencia cuando fue inoculado con el aislado P17, lo que deja claro que el factor de diversidad genética del patógeno afecta de formas diferentes al mismo genotipo del huesped. Aunque este genotipo fue clasificado en todas las evaluaciones dentro del grupo de Tukey con los genotipos más resistentes, es evidente que su respuesta ante el ataque del patógeno estuvo en función del grupo filogenético del patógeno. Cabe mencionar que la base genética de la resistencia del cultivar Wapsipinicon Peach no está definida, coincidiendo con otros estudios similares en los cuales se determina que la resistencia observada no depende únicamente de los genes *Ph-2* y/o *Ph-3*. Esto es debido a que otros híbridos evaluados, que contienen uno o ambos genes, nunca mostraron el mismo nivel de resistencia ante ninguno de los aislados del patógeno (Hoagland et al., 2015; Seidl et al., 2014). No obstante, este cultivar debería ser considerado como un candidato para un programa de mejoramiento para resistencia frente a las poblaciones del oomicete propias del país.

En el caso del híbrido Plum Regal F1, el cual tiene como base de su resistencia al gen *Ph-3* (Gardener & Panthee, 2010b), este fue clasificado dentro de los grupos que mostraron un bajo nivel de resistencia ante los aislados P10, P17 y P19, indicando que, la resistencia genética del gen *Ph-3* puede ser superada por nuevas cepas del patógeno cuando no se acompaña de otro tipo de genes *Ph* (Chunwongse et al., 2002). Sin embargo, este mismo híbrido manifestó un comportamiento interesante al mostrar una resistencia de nivel medio cuando fue inoculado con el aislado P22, siendo este

un aislado agresivo, ya que ocupó el segundo lugar, en cuanto a la agresividad, en las pruebas de inoculación (Figura 1G).

Por otra parte, este mismo híbrido fue clasificado en el grupo de los genotipos más resistentes cuando fue inoculado con el aislado P16, lo que demuestra, nuevamente, que la resistencia de cada genotipo se ve afectada de forma diferente por el genotipo del patógeno. Al examinar el pedigrí del hibrído Plum Regal F1, se observó que, la línea NC25P, la cual posee el gen de resistencia *Ph*-3 en estado homocigoto, fue utilizada como uno de los parentales y, esta misma, tras las pruebas de inoculación en su modalidad NC25Pa y NC25Pb como líneas hermanas, manifestaron una mayor resistencia en comparación al híbrido Plum Regal F1 ante los aislados P10, P17 y P19. Aún así, estas líneas, NC25Pa y NC25Pb, fueron más susceptibles que el híbrido Plum Regal F1 ante el aislado P16, por lo cual, se asume que el estado de los alelos del gen de resistencia *Ph-3*, ya sea en estado de dominancia o recesividad, también influye en la respuesta de la planta ante el ataque del patógeno junto al factor de diversidad genética del patógeno.

El comportamiento de los híbridos Mountain Merit F1 y Moutain Magic F1, los cuales poseen los genes de resistencia *Ph-3* y *Ph-2* provenientes del parental NC1CELBR no fue el mismo. Esto se debió a que el híbrido Moutain Magic F1 fue siempre más susceptible, con excepción de los resultados mostrados tras la inoculación con el aislado P16, en el cual ambos híbridos mostraron el mismo nivel de resistencia. Este resultado contrasta con los datos obtenidos por Hansen, *Small*, Mutschler, Fry y Smart (2014) quienes clasifican a ambos híbridos dentro del mismo nivel de resitencia. Cabe mencionar que, la inoculación realizada en dicho estudio, se llevó a cabo con la línea clonal US-23 de *P. infestans*, dejando fuera el factor de diversidad genética de las poblaciones del patógeno. Este factor, sí fue tomado en cuenta en esta evaluación, ya que, según Chen y colaboradores (2014), puede llevar a que la resistencia conferida pueda ser superada, en gran medida, por la fluctuación de las poblaciones a causa de la reproducción sexual, como también menciona Vetukuri y colaboradores (2012).

El nivel de resistencia mostrado por los híbridos Mountain Merit F1 y Moutain Magic F1, también es considerado como similar por Ozores-Hampton (2014), quien a su vez menciona que el híbrido Plum Regal F1, a pesar de poseer solamente el gen *Ph-3* como base de su resitencia, muestra niveles más altos de resistencia en comparación a otros genotipos que poseen los genes *Ph-2* y *Ph3*. Esta situación es concordante con este estudio, ya que el híbrido Plum Regal F1 resultó ser más resistente que el híbrido Defiant PHR F1 (*Ph-2 y Ph-3*) como se observa en la Figura 1F. Otros estudios recientes también han encontrado comportamientos similares en cuanto a la diferencia en los niveles de respuesta de resistencia en función al aislado de *P. infestans* utilizado en las evaluaciones (Ramadan et al., 2017).

En el caso de las líneas NC1CELBR y NC2CELBR mostraron una alta resistencia al ataque del patógeno (Gardener & Panthee, 2010a), y a su vez, tuvieron un nivel de resistencia más alto que los híbridos generados a partir de ellas, como es el caso de los híbridos Mountain Merit F1 y Moutain Magic F1. Uno de los genotipos que destactó por su alto nivel de resistencia ante todos los aislados de *P. infestans* fue el cultivar Matt´s Wild Cherry, que corresponde a la especie *S. lycopersicum* var. *cerasiforme,* del cual no se tiene definida la base de su resistencia genética, ni existen registros que sugieran el mejoramiento de este cultivar. Sin embargo, se puede asumir que, debido a la exposición y desarrollo de este cultivar en las cercanías del valle de Toluca, que es considerado como centro de diversidad secundaria de esta especie (Ferreira, Wetzel, Valois, & Macedo, 2005), donde también se ubica el centro de origen del patógeno (Goodwin, Spielman, Matuszak, Bergeron, & Fry, 1992; Goss et al., 2014; Gründwald et al., 2001), puede ser la razón del desarrollo de su alta resistencia debido a la exposición a diversas poblaciones de *P. infestans* (Seidl et al., 2014).

Al observar el nivel de daño causado por los diferentes aislados empleados para las inoculaciones, es evidente que el más agresivo es el aislado P19 seguido por el aislado P22. Estos aislados fueron clasificados en grupos de Tukey diferentes, a pesar que ambos pertenecen al mismo grupo filogenético, aunque con un valor de similitud de 0.75 por la alta diversidad genética de las poblaciones determinada en un estudio anterior (Ruiz-Chután et al., 2018). El resto de aislados se agruparon juntos en un tercer grupo menos agresivo. Este comportamiento concuerda con los supuestos que el nivel de resistencia de los genes *Ph*, es afectado por la composición de las razas de *P. infestans* presentes en una población, así como la herencia poligenética del oomicete (Harbaoui, Harrabi, Vleeshouwers, & Hamada, 2011; Pule et al., 2013; Tian et al., 2016).

Finalmente, es importante recalcar que en el mejoramiento del tomate para resistencia al tizón tardío, se debe tomar en cuenta la diversidad de las poblaciones

de *P. infestans* presentes en el área en la cual se establacerá el cultivo. Esto es debido a que la resistencia, conferida por uno o más genes *Ph*, puede ser superada por el desarrollo de nuevas cepas cada vez más agresivas, principalmente en zonas donde la diversidad genética del patógeno ya ha sido demostrada. Debido a que los cultivares Wapsipinicon Peach y Matt´s Wild Cherry mostraron una alta resistencia a la mayoría de aislados de *P. infestans* evaluados en este estudio, es importe profundizar en la base genética de su resistencia, debido a que no se tiene certeza sobre la misma y ambos genotipos muestran buen potencial para ser incorporados en un programa de mejoramiento tendiente a desarrollar genotipos resistentes a las poblaciones de *P. infestans* presentes en el país.

Agradecimientos

Esta investigación fue cofinanciada por Digi-Usac-2017, Proyecto: 4.8.63.4.09.

Referencias

Akhtar, K. P., Saleem, M. Y., Asghar, M., Ali, S., Sarwar, N., & Elahi, M. T. (2012). Resistance of Solanum species to *Phytophthora infestans* evaluated in the detached-leaf and whole-plant assays. *Pakistan Journal of Botany*, *44*(3), 1141-1146.

Black, L., Wang, T., Hanson, P., & Chen, J. (1996). Late blight resistance in four wild tomato accessions: Effectiveness in diverse locations and inheritance of resistance. *Phytopathology*, *86*, S24.

Chen, A. L., Liu, C. Y., Chen, C. H., Wang, J. F., Liao, Y. C., Chang, C. H., … Chen, K. Y. (2014). Reassessment of QTLs for late blight resistance in the tomato accession L3708 using a restriction site associated DNA (RAD) linkage map and highly aggressive isolates of *Phytophthora infestans*. *PLoS ONE*, *9*(5), e96417. doi:10.1371/journal.pone.0096417

Chowdappa, P., Kumar, N., Madhura, S., Kumar, M., Myers, K., Fry, W., … Cooke, D. (2013). Emergence of 13_A2 blue lineage of *Phytophthora infestans* was responsible for severe out- breaks of late blight on tomato in South West India. *Journal of Phytopathology*, *161*, 49-58. doi:10.1111/jph.12031

Chowdappa, P., Kumar, N., Madhura, S., Kumar, M., Myers, K., Fry, W., & Cooke, D. (2015). Severe outbreaks of late blight on potato and tomato in south India caused by recent changes in the *Phytophthora infestans* population. *Plant Pathology*, *64*, 191-199. doi:10.1111/ppa.12228

Chunwongse, J., Chunwongse, C., Black, L., & Hanson, P. (2002). Molecular mapping of the Ph-3 gene for late blight resistance in tomato. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, *77*(3), 281-286. doi:10.1080/14620316.2002.11511493

Cooke, D., Cano, M., Raffaele, S., Bain, R., Cooke, L., Etherington, G., … Kamoun, S. (2012). Genome analyses of an aggressive and invasive lineage of the Irish potato famine pathogen. *PLOS Pathogens*, *8*(10), e1002940.

Cooke, D., Schepers, H., Hermansen, A., Bain, R., Dradshaw, N., Ritchie, F., … Nielsen, B. (2011). Epidemiology and integrated control of potato late blight in Europe. *Potato Research*, *54*, 183-222.

Danies, G., Small, I. M., Myers, K., Childers, R., & Fry, W. E. (2013). Phenotypic characterization of recent clonal lineages of *Phytophthora infestans* in the United States. *Plant Disease*, *97*(7), 873-881. doi:10.1094/PDIS-07-12-0682-RE

de la Cruz, J. B. D., Lozoya-Saldaña, H., Sahagún-Castellanos, J., & Peña-Lomelí, A. (2014). The Pathosystem *Solanum tuberosum* L.-*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary in Chapingo, Mexico. Expected, observed, and simulated. *American Journal of Potato Research*, *91*(3), 312-326. doi:10.1007/s12230-013-9351-y

Ferreira, M. A., Wetzel, M. V., Valois, A. C., & Macedo, J. (2005). El estado del arte de los recursos fitogenéticos en las américas. *Agrociencia*, *9*(1), 85-90.

Foolad, M. R., Merk, H. L., & Ashrafi, H. (2008). Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *27*(2), 75-107. doi:10.1080/07352680802147353

Foolad, M. R., Sullenberger, M. T., Ohlson, E. W., & Gugino, B. K. (2014). Response of accessions within tomato wild species, *Solanum pimpinellifolium* to late blight. *Plant Breeding*, *133*(3), 401-411. doi:10.1111/pbr.12172

Fry, W. (2008). *Phytophthora infestans*: the plant (and R gene) destroyer. *Molecular Plant Pathology*, *9*, 385-402.

Fry, W. E., Birch, P., Judelson, H., Grünwald, N., Danies, G., Everts, K., … Smart, C. (2015). Five reasons to consider *Phytophthora infestans* a reemerging pathogen. *Phytopathology*, *105*(7), 966-981. doi:10.1094/PHYTO-01-15-0005-FI

Fry, W., McGrath, M., Seaman, A., Zitter, T., McLeod, A., Danies, G., … Smart, C. (2013). The 2009 late blight pandemic in the eastern United States - causes and results. *Plant Disease*, *97*, 296-306.

Gallegly, M. (1968). Genetics of pathogenicity of *Phytophthora infestans*. *Annual Review of Phytopathology*, *6*, 375-396.

Gardener, R., & Panthee, D. R. (2010a). NC 1 CELBR and NC 2 CELBR: Early blight and late blight-resistant fresh market tomato breeding lines. *HortScience*, *45*, 975-976.

Gardener, R., & Panthee, D. R. (2010b). "Plum Regal" fresh-market plum tomato hybrid and its parents, NC 25P and NC 30P. *HortScience*, *45*, 824-825.

Goodwin, S., Schneider, R., & Fry, W. E. (1995). Use of Cellulose-acetate electrophoresis for rapid identification of allozyme genotypes of *Phytophthora infestans. Plant Disease*, *79*, 1181-1185.

Goodwin, S., Spielman, L., Matuszak, J., Bergeron, S., & Fry, W. (1992). Clonal diversity and genetic differentiation of *Phytophthora infestans* populations in northern and central Mexico. *Phytopatology*, *82*, 955-961.

Goss, E., Tabima, J., Cooke, D., Restrepo, S., Fry, W., Forbes, G., … Gründwald, N. (2014). The Irish potato famine pathogen *Phytophthora infestans* originated in Central Mexico rather than the Andes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *111*, 8791-8796.

Gründwald, N., Flier, W., Sturbaum, A., Garay-Serrano, E., van den Bosch, T., Smart, C., … Fry, W. (2001). Population structure of *Phytophthora infestans* in the Toluca Valley region of central Mexico. *Phytopatology*, *91*, 882-890.

Hansen, Z. R., Small, I. M., Mutschler, M., Fry, W. E., & Smart, C. D. (2014). Differential susceptibility of 39 tomato varieties to *Phytophthora infestans* clonal lineage US-23. *Plant Disease*, *98*(12), 1666-1670. doi:10.1094/PDIS-03-14-0263-RE

Harbaoui, K., Harrabi, M., Vleeshouwers, V., & Hamada, W. (2011). Virulence patterns of *Phytophthora infestans* isolates using R differential set of *Solanum demissum*: A useful tool to identify pathogen races in Tunisia. *Tunisian Journal of Plant Protection Phytophthora*, *6*(1), 1-10.

Hoagland, L., Navazio, J., Zystro, J., Kaplan, I., Vargas, J. G., & Gibson, K. (2015). Key traits and promising germplasm for an organic participatory tomato breeding program in the U.S. midwest. *HortScience*, *50*(9), 1301-1308.

Hu, C. H., Perez, F. G., Donahoo, R., McLeod, A., Myers, K., Ivors, K., … Ristaino, J.B. (2012). Recent genotypes of *Phytophthora infestans* in the Eastern United States reveal clonal populations and reappearance of mefenoxam sensitivity. *Plant Disease*, *96*(9), 1323-1330. doi:10.1094/PDIS-03-11-0156-RE

Jeger, M. J., & Viljanen-Rollinson, S. L. H. (2001). The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, *102*(1), 32-40. doi:10.1007/s001220051615

Kim, M. J., & Mutschler, M. A. (2006). CULBPT-A46 and CULBPT-A48 series of late blight resistant processing tomato breeding lines. *HortScience*, *41*(1), 263-265.

Kim, M. J., & Mutschler, M. A. (2005). Transfer to processing tomato and characterization of late blight resistance derived from *Solanum pimpinellifolium* L. L3708. *Journal of the American Society for Horticultural Sciences 130*(6), 877-884. doi: 10.21273/JASHS.130.6.877

Lees, A. K., Stewart, J. A., Lynott, J. S., Carnegie, S. F., Campbell, H., & Roberts, A. M. I. (2012). The effect of a dominant *Phytophthora infestans* genotype (13_A2) in Great Britain on host resistance to foliar late blight in commercial potato cultivars. *Potato Research*, *55*(2), 125-134. doi:10.1007/s11540-012-9214-9

Li, Y., van der Lee, T., Zhu, J., Jin, G., Lan, C., Zhu, S., … Jacobsen, E. (2013). Population structure of *Phytophthora infestans* in China - Geographic clusters and presence of the EU genotype Blue_13. *Plant Pathology*, *62*, 932-942.

Martin, M. D., Cappellini, E., Samaniego, J. A., Zepeda, M. L., Campos, P. F., Seguin-Orlando, A., …

Gilbert, M. T. P. (2013). Reconstructing genome evolution in historic samples of the Irish potato famine pathogen. *Nature Communications*, *4*, 1-7. doi:10.1038/ncomms3172

Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación. (2016). El Agro en cifras, 2016. Guatemala: Dirección de Planeamiento del Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación.

Moreau, P., Thoquet, P., Olivier, J., Laterrot, H., & Grimsley, N. (1998). Genetic mapping of *Ph-2* , a single locus controlling partial resistance to *Phytophthora infestans* in tomato. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, *11*(4), 259-269. doi:10.1094/MPMI.1998.11.4.259

Nelson, H. E. (2006). Bioassay to detect small differences in resistance of tomato to late blight according to leaf age, leaf and leaflet position, and plant age. *Australasian Plant Pathology*, *35*(3), 297-301. doi:10.1071/AP06020

Ozores-Hampton, M. (2014). Late blight-resistant tomato varieties evaluation. En M. Ozores-Hampton & C. Snodgrass (Eds). *The Florida Tomato Proceedings conference* (pp. 11-13). Florida.

Panthee, D. R., & Gardner, R. G. (2010). "Mountain Merit": A late blight-resistant large-fruited tomato hybrid. *HortScience*, *45*(10), 1547-1548.

Panthee, D. R., Gardner, R. G., Ibrahem, R., & Anderson, C. (2015). Molecular markers associated with Ph- 3 gene conferring late blight resistance in tomato. *American Journal of Plant Sciences*, *6*, 2144-2150. doi:10.4236/ajps.2015.613216

Pierce, L. (1971). Linkage tests with Ph conditioning resistance to race 0, *Phytophthora infestans*. *Report of the Tomato Genetics Cooperative*, *21*, 30.

Pule, B. B., Meitz, J. C., Thompson, A. H., Linde, C. C., Fry, W. E., Langenhoven, S. D., … Mcleod, A. (2013). *Phytophthora infestans* populations in central, eastern and southern African countries consist of two major clonal lineages. *Plant Pathology*, *62*(1), 154-165. doi:10.1111/j.1365-3059.2012.02608.x

Ramadan, A. A., Olfat, M. M., Nour, E. K. S., Kenta, S., Said, M. K., & Mohamed, T. R. (2017). Resistance to *Phytophthora infestans* in tomato wild relatives. *African Journal of Agricultural Research*, *12*(26), 2188-2196. doi:10.5897/AJAR2017.12422

Richards, M., & Barrat, R. (1946). A partial survey of the genus Lycopersicon for resistance to *Phytophthora infestans*. *Plant Disease*, *30*, 16-20.

Rick, C., & Chetelat, R. (1995). Utilization of related wild species for tomato improvement. *Acta Horticulturae*, *4*(12), 21-38.

Ruiz-Chután, J. A., Berdúo-Sandoval, J. E., & Sánchez-Pérez, A. (2018). Diversidad genética de aislados de *Phytophthora infestans* colectados en zonas productoras de papa y tomate de Guatemala. *Ciencia, Tecnología y Salud*, *5*(2), 14-24.

Seidl Johnson, A. C., Jordan, S. A., & Gevens, A. J. (2014). Novel resistance in heirloom tomatoes and effectiveness of resistance in hybrids to *Phytophthora infestans* US-22, US-23, and US-24 clonal lineages. *Plant Disease*, *98*(6), 761-765. doi:10.1094/PDIS-06-13-0674-RE

Stroud, J., Shaw, D., Hale, M., & Steele, K. (2016). SSR assessment of *Phytophthora infestans* populations on tomato and potato in British gardens demonstrates high diversity but no evidence for host specialization. *Plant Pathology*, *65*, 334-341. doi: 10.1111/ppa.12407

Tian, Y. E., Yin, J. L., Sun, J. P., Ma, Y. F., Wang, Q. H., Quan, J. L., & Shan, W. X. (2016). Population genetic analysis of *Phytophthora infestans* in northwestern China. *Plant Pathology*, *65*(1), 17-25. doi:10.1111/ppa.12392

Vetukuri, R. R., Åsman, A. K. M., Tellgren-Roth, C., Jahan, S. N., Reimegård, J., Fogelqvist, J., … Dixelius, C. (2012). Evidence for small RNAs homologous to effector-encoding genes and transposable elements in the oomycete *Phytophthora infestans*. *PLoS ONE*, *7*(12), e51399. doi:10.1371/journal.pone.0051399

Walter, J., & Conover, R. (1952). Hereditary resistance to late blight of tomato. *Phytopathology*, *42*, 197-199.

Yin, J., Gu, B., Huang, G., Tian, Y., Quan, J., Lindqvist-Kreuze, H., & Shan, W. (2017). Conserved RXLR effector genes of *Phytophthora infestans* expressed at the early stage of potato infection are suppressive to host defense. *Frontiers in Plant Science*, *8*(December), 1-11. doi:10.3389/fpls.2017.02155

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Artículo Científico / Scientific Article

Aislamiento y producción de basidiomas de cepas nativas de *Volvariella bombycina* (Schaeff.) Singer, utilizando desechos agrícolas

Isolation and production of basidiomes from native strains of Volvariella bombycina *(Schaeff.) Singer, using agro-industrial wastes*

Julio E. Peralta-Rivera[1]*, Osberth Morales[2], María C. Bran[2], Roberto Flores Arzú[2], Edin F. Orozco[1]

[1]Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Agronomía, y
[2]Departamento de Microbiología, Escuela de Química Biológica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacia, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala

***Autor al que se dirige la correspondencia:** julioepr@hotmail.es

Recibido: 11 de julio de 2018 / Revisión: 05 de marzo 2019 / Aceptado: 27 de mayo 2019

Resumen

Volvariella bombycina es una especie de hongo saprófito comestible que crece en troncos de árboles muertos y sobre la cual existe abundante información acerca de su sabor y propiedades nutricionales y medicinales. En Guatemala esta especie se consume en diversas regiones templado-cálidas del país, pero a la fecha no existe ningún estudio sobre su cultivo a nivel local. La presente investigación se realizó con el fin de conocer el comportamiento de tres cepas guatemaltecas de *V. bombycina* cultivadas en desechos agroindustriales. Las cepas fueron aisladas de basidiomas recolectados en bosques cercanos a la Ciudad de Guatemala, utilizándose medio PDA para el aislamiento y temperatura de 30 ºC para incubación. En la producción de inóculo se calculó la tasa de extensión radial (RER) sobre granos de sorgo y trigo en cajas de Petri. Para la obtención de basidiomas se evaluaron seis sustratos de desechos agrícolas: pasto jaraguá, caña y olote de maíz, rastrojo de frijol, paja de trigo, paja de arroz y tronco de tonché (*Ipomoea murucoides*), en frascos de vidrio. Se encontró que no hubo diferencia estadística significativa en el análisis de la RER entre las cepas VNPNU-01 y AADM-01 ($p > .05$), pero sí con la cepa VNPNU-02 ($p < .05$). Se obtuvieron basidiomas de *V. bombycina* en los seis sustratos evaluados, siendo la cepa AADM-01 la más productiva. De acuerdo con este estudio, las tres cepas guatemaltecas de *V. bombycina* pueden ser utilizadas en la producción de basidiomas en desechos agrícolas, lo que permitiría obtener un alimento nutritivo y generar ingresos a quienes deseen cultivar este hongo.

Palabras claves: hongos, tonché, RER, sustratos agrícolas.

Abstract

Volvariella bombycina is a species of edible saprophyte fungus that grows on logs of dead trees and about which there is information about its taste and nutritional and medicinal properties. In Guatemala this species is consumed in several warm regions of the country, but there is still no study on its cultivation locally. The present investigation was carried out in order to know the behavior of three Guatemalan strains of *V. bombycina* when cultivated in agricultural wastes. The strains were isolated from basidiomata collected in forests close to Guatemala City, using PDA medium and a temperature of 30ºC for incubation. In the inoculum production, the radial extension rate (RER) was calculated using sorghum and wheat grains in Petri dishes. For obtaining basidiomata, six agricultural wastes substrates were analyzed: grazing grass, cane and corn cob, stubble of bean, wheat straw, rice straw and tonché trunk (*Ipomoea murucoides*), in glass jars. There was found no significant difference in the statistical analysis of the RER with the VNPNU-01 and AADM-01 strains ($p > .05$), but it was significant with the VNPNU-02 strain ($p > .05$). Basidiomata of *V. bombycina* were obtained in the six substrates evaluated, being the AADM-01 strain the most productive. According to this evaluation, the three Guatemalan strains of *V. bombycina* can be used in the production of basidiomas using agricultural wastes, what would allow the production of a nutritious food and generate another income for those who want to grow this mushroom.

Keywords fungi, tonché, RER, agricultural substrates.

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

Volvariella bombycina (Schaeff.) Singer, es una especie de hongo saprobio comestible que crece en troncos de árboles muertos. Se encuentra ampliamente distribuido a nivel mundial (Seok et al., 2002) y se cultiva artesanalmente por su delicado sabor, alto contenido de nutrientes y por sus propiedades medicinales anticancerígenas, antitumorales y antibacterianas (Badalyan, 2003; Jegadeesh et al., 2010; Karnan, Tamilkani, Senthilkumar, Vijayalakshmi, & Panneerselvam, 2016). Para su cultivo, se ha estudiado el uso de desechos agroindustriales, particularmente de cereales, con los que se han obtenido buenos resultados (Julián & Salmones, 2006; Karnan et al., 2016).

En Guatemala esta especie es consumida por agricultores que la conocen como "hongo del tonché", por crecer en troncos muertos de *Ipomoea murucoides* Roem. & Schult., popularmente llamada tonché o tutumuzco, la cual se distribuye desde el sur de México hasta Guatemala, principalmente en los departamentos de Chiquimula, Jalapa, Jutiapa, Santa Rosa, Guatemala, Sacatepéquez, Quiché y Huehuetenango (Standley & Steyermark, 1970). Debido a que no se ha estudiado el cultivo de *V. bombycina* en Guatemala, se considera oportuno lograr el aislamiento y cultivo de cepas nativas para ensayar la producción de basidiomas utilizando distintos desechos agroindustriales en condiciones de laboratorio. Este estudio tiene como base la importancia local de esta especie comestible, la conveniencia de mantener y promover áreas forestales con su diversidad biológica local y la necesidad de buscar alternativas para el aprovechamiento de los residuos agrícolas y reducir la contaminación ambiental.

Materiales y métodos

Colecta y aislamiento de cepas de *Volvariella bombycina*

Se recolectaron 35 basidiomas de *V. bombycina* en bosques de los municipios de Amatitlán y Villa Nueva, del departamento de Guatemala, durante la época lluviosa de los años 2016 y 2017. De esos especímenes se logró el aislamiento de cinco cepas, de las cuáles tres mostraron buen crecimiento en condiciones de laboratorio. Dos provienen de basidiomas recolectados en el Parque Naciones Unidas, Villa Nueva, identificadas como VNPNU- 01 y VNPNU-02. La tercera fue aislada de un ejemplar recolectado en la aldea Agua de la Mina, Amatitlán, identificada como AADM-01. Las cepas fueron aisladas en medio PDA en cajas de Petri e incubadas a 30°C en el laboratorio de Microbiología de la Facultad de Ciencias Químicas y Farmacia así como en el laboratorio de Fitopatología de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala, donde se encuentran resguardadas.

Revitalización de las cepas y producción de biomasa

Las tres cepas fueron re-sembradas en medio PDA e incubadas a 30°C durante siete días.

Evaluación de la tasa de extensión radial (RER)

Para la evaluación de la tasa de extensión radial (RER) se emplearon granos de trigo y sorgo, los cuales fueron hidratados durante 12 h hasta alcanzar un porcentaje de humedad aproximada del 80%, la cual se determinó con un higrómetro marca Extech, No. 445815. Luego los granos fueron hervidos durante 15 min y posteriormente secados al aire libre sobre una superficie limpia, añadiendo cal ($CaCO_3$) para regular el pH. Más tarde se colocaron 30 g en peso húmedo de esos granos en cajas de Petri de vidrio de 9 cm de diámetro. En ensayos preliminares se observó que al agregar cal al 1% para elevar el pH a 7.0 y estimular el crecimiento miceliar, las cepas VNPNU-01 y AADM-01 no crecían, por lo que se decidió reducir la concentración de $CaCO_3$ al 0.5% (5g/Kg) a tales cepas, mientras que se decidió mantener la concentración de CaCO3 al 1 % p/p (10g/Kg) para la cepa VNPNU-02. Las cajas de Petri con granos fueron esterilizadas durante 30 min a 121ºC y 1.0 kg/cm^2, y se enfriaron a temperatura ambiente. Posteriormente, fueron inoculadas con un fragmento de 5 mm de diámetro de cultivo de *V. bombycina* en PDA, de cada una de las cepas. Se realizaron siete repeticiones por sustrato, cepa y se incubaron a 30ºC.

El crecimiento micelial fue monitoreado cada 3 días de acuerdo con las recomendaciones de Coello-Castillo, Sánchez y Royse (2009), realizando mediciones hasta observar la colonización completa de los granos. Se calculó la tasa de extensión radial (RER) con la fórmula: $RER=X_2-X_1/T_2-T_1$ (mm/día), donde X_1 es el diámetro inicial de la colonia en mm, X_2 el diámetro final, T_1 el tiempo inicial y T_2 el tiempo final de incubación en días.

Producción del inóculo

Para la producción del inóculo, se eligió sorgo por su mayor disponibilidad en el mercado local, bajo costo y porque ha sido el más utilizado para muchas especies de hongos comestibles. Los granos fueron tratados de forma similar como se indicó para la RER, con la diferencia que estos fueron introducidos en bolsas de polipropileno conocidas como "tipo cristal", con capacidad de tres libras, a razón de 400 g por bolsa. La esterilización se realizó en autoclave durante 30 min a 121ºC y 1.0 kg/cm^2, dejándose después enfriar durante 4 h. Las bolsas con granos fueron inoculadas con cada una de las cepas de *V. bombycina* aisladas y se incubaron a 30ºC por 30 días.

Producción de basidiomas

Sustratos

Para la obtención de basidiomas de las tres cepas de *V. bombycina*, se utilizaron como sustratos: caña y olote de maíz (*Zea mays* L.*)*, rastrojo de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), paja de trigo (*Triticum aestivum* L.), pasto jaraguá (*Hyparrhenia rufa* (Nees) Stapf), paja de arroz (*Oryza sativa* L.) y tronco triturado de tonché (I. mucuroides).

Preparación de los sustratos

La mayoría de los sustratos, a excepción del frijol, fueron cortados en trozos de aproximadamente 5 cm de longitud con la ayuda de una picadora de rastrojos marca Mactron©. Luego fueron compostados durante 20 días con un volteo semanal. Al terminar el composteo, fueron sumergidos en agua alcalina a razón de dos libras de $CaCO_3$ por cada 200 L de agua, durante dos días con la finalidad de modificar el pH y disminuir la población microbiana indeseable.

Posteriormente se utilizaron frascos de vidrio de 7 cm de alto y 5.2 cm de diámetro, los cuales se llenaron al 90% de su capacidad con cada uno de los seis sustratos a los que se les tomó el peso seco (ver Tabla 2). Luego, se esterilizaron en autoclave durante una hora a 121°C y 1 kg/cm^2 y se dejaron enfriar.

Siembra e incubación

Los frascos con sustrato fueron inoculados con micelio de cada una de las tres cepas aisladas y se incubaron durante 25 días. Sin embargo, se dispuso una variante en la temperatura de incubación, las cepas AADM-01 y VNPNU-01 se mantuvieron a 30ºC mientras que la cepa VNPNU-02 a temperatura ambiente (21-23ºC), dentro de una caja de cartón. Esta variante se consideró por observación de que el micelio de la cepa VNPNU-02 no crecía a 30°C en los sustratos sino que lo hacía a temperaturas más bajas, lo cual se observó en distintas pruebas realizadas previamente.

Inducción de la fructificación

Para inducir la formación de basidiomas del hongo, se utilizó una bandeja plástica con una lámina de agua de aproximadamente una pulgada y dentro de ella se introdujeron los frascos colonizados. Posteriormente se colocó sobre ellos una película de nylon transparente para mantener la humedad relativa e inducir el aparecimiento de primordios, según lo recomendado por Guzmán y colaboradores (1993). La temperatura a la cual estuvieron los frascos inoculados fue la del ambiente, la cual fluctuaba en el día entre 21 y 23 grados y 90% de humedad relativa, la cual se controló con la ayuda de un higrómetro.

Cosecha de los basidiomas

Los basidiomas fueron cosechados cuando alcanzaron su máximo desarrollo, es decir, al observarse píleos totalmente extendidos, con típica forma de sombrilla (Figura 4).

Diseño y análisis de la información

Para el estudio del crecimiento micelial en granos, se utilizó un diseño factorial 3 x 2 (3 cepas y dos granos). Al finalizar los tiempos de incubación se realizó el cálculo de la media aritmética del diámetro de las colonias, la tasa de extensión radial (RER) y su desviación estándar. Se realizó análisis de varianza (ANOVA) y comparación múltiple de medias con la prueba de Tukey ($\alpha = 0.05$) para determinar diferencias significativas entre los valores de RER de las cepas y cada uno de los dos granos evaluados en la producción de inóculo. No se analizó estadísticamente la eficiencia biológica (EB) de las cepas, únicamente estimación de la EB para la primera producción de la cepa AADM-01.

Resultados

En cuanto al crecimiento micelial de las cepas de *V. bombycina*, se observó que de 30°C, la cepa AADM-01 tuvo mayor crecimiento en granos de trigo (10.21 mm/día), mientras la cepa VNPNU-01 en sorgo (9.21 mm/día) y la cepa VNPNU-02 en trigo (3.69 mm/día). Según el análisis estadístico realizado, hubo diferencias en el crecimiento de las cepas del hongo basado en la RER en los dos sustratos evaluados. En las cajas con sorgo las cepas VNPNU-01 y AADM-01 fueron similares en crecimiento respecto a la cepa VNPNU-02 (Tabla 1). No hubo diferencia significativa entre las cepas VNPNU-01 y AADM-01 ($p > .05$) pero sí con la cepa VNPNU-02 ($p < .05$) (Figura 1). Según el análisis estadístico, sin tomar en cuenta las cepas, se observó que no existió diferencia significativa entre el trigo y el sorgo ($p > .05$), respecto a la RER ya que se obtuvieron datos similares por las cepas VNPNU-01 y AADM-01, (Figura 2). En cuanto al comportamiento de las cepas sin tomar en cuenta los granos utilizados, se encontraron diferencias significativas entre ellas ($p < .05$), observándose que la cepa AADM-01 colonizó más rápidamente, seguido por la cepa VNPNU-01 y la que obtuvo la menor velocidad de colonización fue la cepa VNPNU-2 (Figura 3).

Al estudiar los micelios en el microscopio, se observó que las cepas VNPNU-01 y AADM-01 produjeron abundante cantidad de clamidosporas, estructuras que estuvieron ausentes en la cepa VNPNU-02.

Para la producción de basidiomas, se realizaron pequeños ensayos paralelos a la presente investigación en donde se observó que la cepa VNPNU-01 produjo basidiomas únicamente en tronco triturado de tonché, mientras que la cepa VNPNU-02, lo hizo en paja de trigo.

La cepa AADM-01 formó primordios en los siete sustratos evaluados. La producción de basidiomas bien desarrollados únicamente fue posible en cuatro de ellos (olote de maíz, rastrojo de frijol, pasto jaragua y paja de arroz). Se estimó la eficiencia biológica para esta cepa en la primera oleada que fue la más productiva. De acuerdo con los resultados, el olote de maíz obtuvo el valor más alto y el más bajo fue para el sustrato de paja de arroz (Tabla 2). La temperatura a la cual se produjo la fructificación fue entre 21 y 23°C y una humedad relativa del 90%.

La cepa VNPNU-02 sufrió contaminación por diversos hongos patógenos, especialmente *Chaetomium* sp. y *Fusarium* sp., mientras que las cepas VNPNU-01 y AADM-01, no presentaron contaminaciones.

Tabla 1
Tasa de extensión radial para producción de inóculo

Cepa	Grano	R ER (mm/día)[1]	
VNPNU-01	Sorgo	9.21 (1.09)	a[2]
	Trigo	8.50 (0.00)	a
AADM-01	Sorgo	9.87 (1.77)	a
	Trigo	10.21 (1.32)	a
VNPNU-02	Sorgo	3.13 (1.17)	b
	Trigo	3.69 (0.70)	b

Nota. 1: 1: Media ± la desviación estándar. 2: Letras en la misma columna indican diferencia estadísticamente significativa, de acuerdo con la prueba de comparaciones múltiples de Tukey ($\alpha = 0.05$).

Discusión

Las cepas de *V. bombycina* AADM-01, procedente de Amatitlán y VNPNU-01 de Villa nueva, crecieron vigorosamente en medio PDA a 30 ºC a los 7-8 días. Esto concuerda con lo reportado por Nannapaneni y Subbiah (2016), en condiciones semejantes de temperatura, tiempo y medio de cultivo. Por el contrario, la cepa VNPNU-02 de Villa Nueva, creció menos y produjo colonias con formas irregulares.

Las cepas VNPNU-01 y AADM-01, formaron clamidosporas en PDA durante su incubación a 30°C. Chang y Yau (1971) indicaron que una cepa de alta productividad de *Volvariella* puede determinarse mediante sus caracteres morfológicos, alta tasa de crecimiento micelial, tipo de micelio y formación de hifas aéreas así como por la producción de clamidosporas. Las cepas VNPNU-01 y AADM-01, formaron clamidosporas en PDA durante su incubación a 30°C, por lo que podrían ser consideradas potencialmente adecuadas para su reproducción artesanal y semi-intensiva en Guatemala.

En la producción de inóculo, se observó que las cepas VNPNU-01 y AADM-01, colonizaron rápidamente las placas de Petri con los granos de sorgo y trigo, entre 8 y 12 días, mientras que la cepa VNPNU-02 en 19 días sin cubrir totalmente la placa. Estos datos son parecidos a los de Nannapaneni y Subbiah (2016),

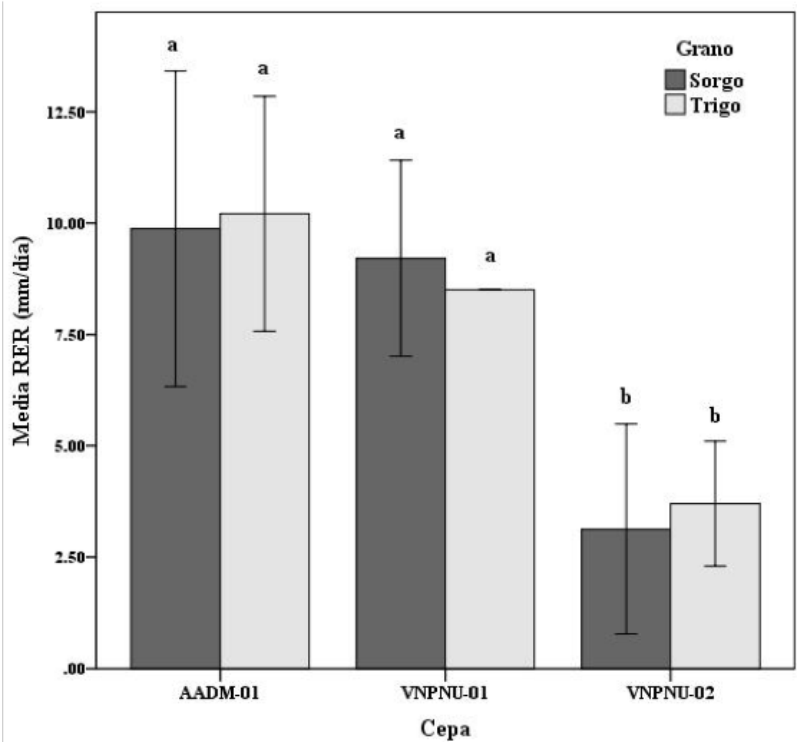


Figura 1. Efecto de las cepas sobre RER en diferentes sustratos. Las barras indican la media. Las barras de error muestran ± la desviación estándar. Letras distintas indican diferencias significativas ($p < .05$).

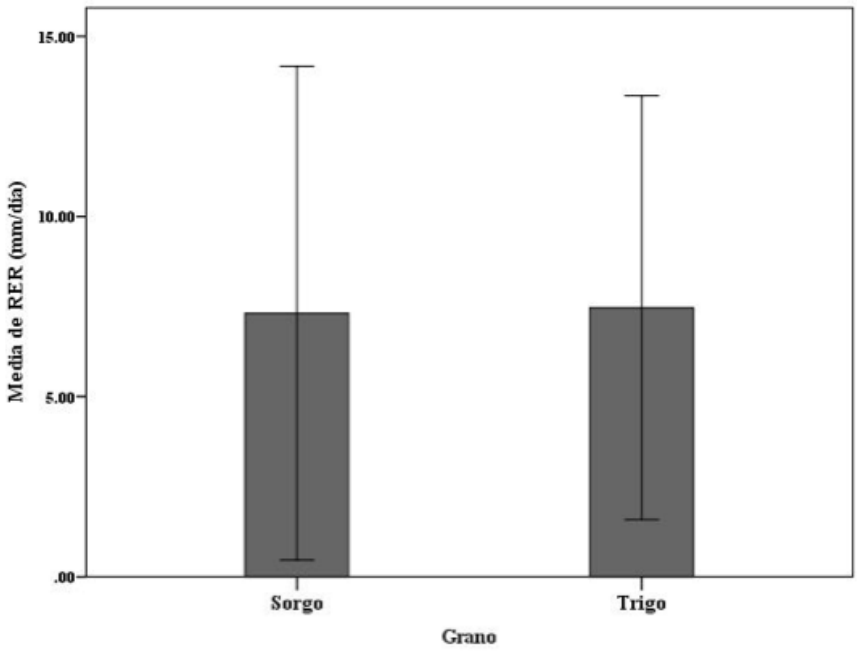


Figura 2. Comportamiento de los granos con respecto a RER sin tomar en cuenta las cepas evaluadas. Las barras indican la media. Las barras de error muestran la desviación estándar.

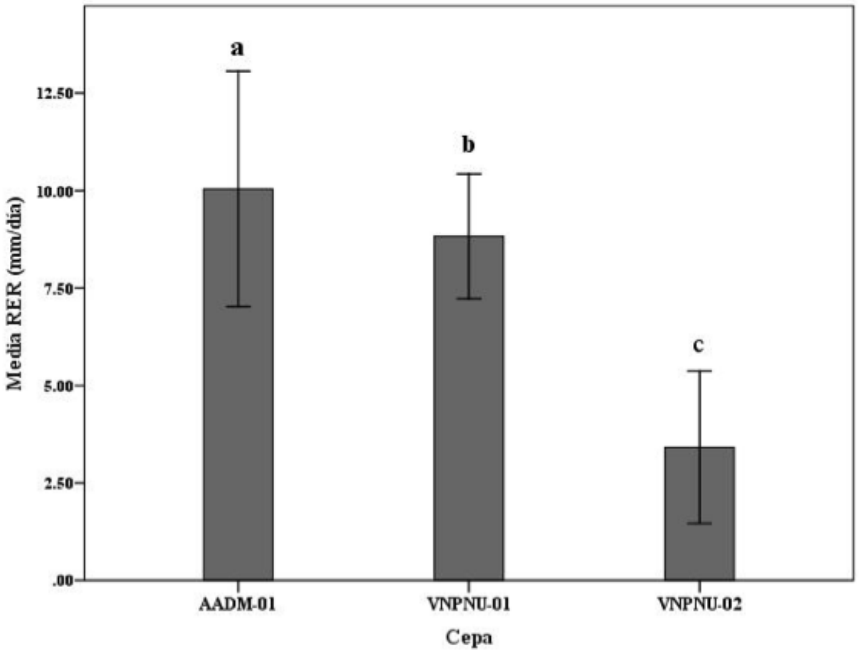


Figura 3. *Comportamiento de las cepas sin tomar en cuenta los granos utilizados*. Las barras indican la media. Las barras de error muestran ± la desviación estándar. Letras distintas indican diferencias significativas ($p < .05$).

Tabla 2
Eficiencia biológica (EB) estimada para una oleada de V. bombycina, *cepa AADM-01 en distintos sustratos agroindustriales*

Sustrato	PSS (g)	PFH (g)	EB (%)
Caña de maíz	41.91	0	0.00
Olote de maíz	36.69	4.34	11.83
Frijol	23.97	2.41	10.05
Paja de trigo	31.67	0	0.00
Pasto jaraguá	30.44	1.33	4.37
Paja de arroz	62.64	1.42	2.27
Tronco de tonché	57.78	0	0.00

Nota. PSS = Peso seco del sustrato. PFH = Peso fresco de los hongos. EB = Eficiencia biológica

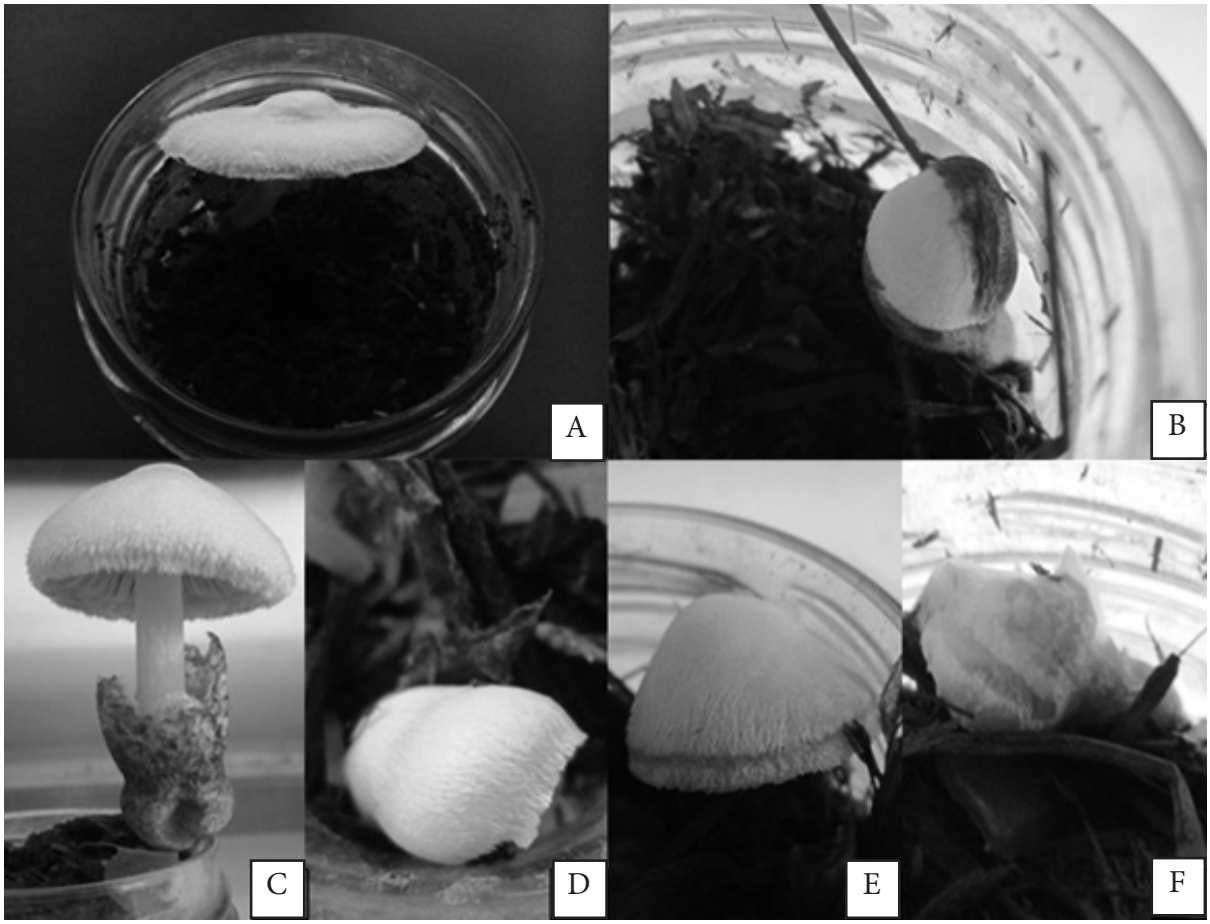


Figura 4. Fructificaciones obtenidas de diferentes cepas de *V. bombycina* en diferentes sustratos. A. Cepa VNPNU-01 en tronco de tonché. B. Cepa VNPNU-02 en paja de trigo. C-F cepa AADM-01. C. Olote de maíz. D. Rastrojo de frijol. E. Paja de arroz. F. Pasto jaraguá.

quienes obtuvieron cultivos de *V. volvacea* y *V. bombycina* en paja de arroz y serrín entre 6 a 16 días con temperaturas entre 28 y 30ºC. También con los de Jonathan y Awotona (2011), quienes reportan crecimiento de cepas de *V. bombycina* desde 14ºC a 38ºC, siendo las mejores entre 26ºC y 28ºC, con buen crecimiento a 24ºC, 26ºC y 30ºC, similares a los evaluados en la presente investigación.

Al evaluar la RER, se observó que el tipo de grano no tuvo influencia en el crecimiento micelial en ninguna de las tres cepas, lo cual es una ventaja en la selección de granos para la elaboración de inóculo. Para este fin, se trabajó únicamente granos de sorgo por ser el más utilizado a nivel mundial en la mayoría de hongos comestibles, incluyendo *V. bombycina* (Stamets, 2005).

Las fructificaciones de las tres cepas de *V. bombycina* ocurrieron a temperaturas entre 15ºC y 23ºC lo cual asemeja a los resultados obtenidos por Rendón (2015) con temperaturas entre 14ºC y 23ºC y 65% de humedad relativa. Sin embargo, la humedad relativa para la presente investigación se mantuvo entre 75 y 90%, la cual se midió con un higrómetro durante el tiempo que duró el ensayo. Nannapaneni y Subbiah (2016), mencionan que las temperaturas entre 26-30°C y los sustratos lignocelulócicos son los más adecuados para la producción extensiva de esta especie.

Cada una de las cepas fructificó en sustratos diferentes. La cepa VNPNU-01 fructificó únicamente en tronco triturado de tonché, la cepa VNPNU-02 en paja de trigo y la cepa AADM-01 fructificó en olote de maíz, rastrojo de frijol, paja de arroz y pasto jaraguá. Cuatro

de los sustratos (tronco de tonché, paja de arroz, paja de trigo y olote de maíz) fueron reportados por Guzmán y colaboradores, (1993), como materiales para el cultivo de hongos del género *Volvariella* en México. Además, concuerdan con los trabajos de Sierra-Fernández, López-Díaz y García-Garabal (2002), quienes mencionan que *V. bombycina* se puede cultivar en los mismos sustratos para *Pleurotus ostreatus,* con el de Rendón (2015) en paja de trigo humedecida y de Jonathan y Awotona (2011) con mazorcas de maíz.

La eficiencia biológica estimada para *V. bombycina* en este estudio se realizó únicamente con la cepa AADM-01, ya que fue la única que logró producir primordios en todos los sustratos evaluados y basidiomas en cuatro de ellos. La mayor EB se obtuvo en el olote de maíz, seguido por el rastrojo de frijol, paja de arroz y pasto jaraguá (Tabla 2). Sin embargo, los valores obtenidos son relativamente bajos en comparación con lo reportado por otros autores, ya que solo se logró obtener datos de una cosecha y fue en frascos pequeños. La paja de arroz es la más utilizada en países asiáticos donde se practica el cultivo de *Volvariella*, y ha dado mejores resultados comparado con otros sustratos, sin embargo Rendón obtuvo eficiencias biológicas de 33.5 y 32.5 utilizando paja de trigo y Jonathan y Awotona (2011) obtuvieron promedios de 33 y 25 cuerpos fructíferos en tres oleadas con pericarpio de palma aceitera y residuos de algodón. En este estudio, se obtuvo mayor eficiencia con el uso de olote de maíz, comparado con los demás sustratos.

Esto se convierte en una ventaja para la producción de *V. bombycina* en Guatemala, ya que la mayoría de los sustratos evaluados, se encuentran disponibles y accesibles en las áreas rurales, especialmente el olote de maíz, rastrojo de frijol y pasto jaraguá.

Agradecimientos

Esta investigación fue cofinanciada por Digi-Usac-2017, proyecto: 4.8.63.6.02. Agradecimientos especiales a Dulce Salmones por sus consejos para la obtención de basidiomas de *V. bombycina*. Al señor Carlos Peralta por brindar sus conocimientos en la identificación de los árboles de tonché y sitios de colecta de los especímenes de *Volvariella bombycina*. A Luis P. Pinzón, Jorge L. Peralta, Ingrid N. Pacal y Fernanda López por sus aportes al proyecto.

Referencias

Badalyan, S. M. (2003). Edible and medicinal higher basidiomycetes mushrooms as a source of natural antioxidants. *International Journal of Medicinal Mushrooms*, *5*(2), 153-162.

Chang, S. T., & Yau, C. K. (1971). *Volvariella volvacea* and its life history. *American Journal of Botany, 58(6),* 552-561.

Coello-Castillo, M., Sanches, J., & Royse, D. (2009). Productión of *Agaricus bisporus* on substrates pre-colonizated by *Scytalidium thermophilum* and suplemented at casing with protein-rich supplements. *Bioresourse Technology*, *100*(19), 4488-4492.

Guzmán, G., Mata, G., Salmones, D., Soto-Velazco, C. & Guzmán-Dávalos, L. (1993). *El cultivo de los hongos comestibles con especial atención a especies tropicales y subtropicales en esquilmos y residuos agro-industriales*. Xalapa: Instituto Politécnico Nacional.

Jegadeesh, R., Raaman, N., Periyasamy, K., Hariprasath, L. Thangaraj, R., Srikumar, R., & Ayyappan, S. (2010). Proximate analysis and antibacterial activity of an adible mushroom *Volvariella bombycina*. *Internacional Journal of Microbiological Research*, *1*(3), 110-113.

Jonathan, S. & Awotona, S. (2011). Effect of different physico-chemical factors and agricultural wastes on mycelia growth and fruit bodies production of *Volvariella bombycina* (Schaeff: Ex.Fr) Singer. *Biotechnology An Indian Journal, 5*(5), 302-306.

Julián, C. A., & Salmones, D. (2006). Cultivo de *Volvariella volvacea* en residuos de la cosecha de plátano y paja de cebada. *Revista Mexicana de Micología, 23*, 87-92.

Justo, A., & Castro, M. (2010). The genus *Volvariella* in Spain: *V. dunensis* comb. & stat. nov. and observations on *V. earlei*. *Mycotaxon*, *10*(112), 261-270.

MuthusamyKarnan, Tamilkani, P., Senthilkumar, G., Vijayalakshmi, S., & Panneerselvam, A., (2016). *Volvariella bombycina* of Tamil Nadu. *International Journal of Information Research and Review*, *3*(4), 2175-2178.

Nannapaneni, K., & Subbiah, K. (2016). Influence of spawn base on chlamydospores production of

Volvariella volvaceae (Bull. Ex Fr.) Singer and *Volvariella bombycina* (Schaeff.) Singer. *Progressive Research – An International Journal 11* (Special-III), 1802-1803.

Rendón, G. A. (2015). *Caracterización y cultivo de diferentes recursos genéticos de hongos y su importancia en el desarrollo regional de la zona central de México* (Tesis de maestría). Colegio de Postgraduados, Instituto de Enseñanza e Investigación en Ciencias Agrícolas, México.

Seok, S. J., Kim,Y. S., Weon H. Y., Lee, K. H., Park, K. M., Min, K. H., & Yoo, K. H. (2002). Taxonomic study on *Volvariella* in Korea. *Mycobiology*, *30*(4), 183-192.

Sierra-Fernández, J., López-Díaz, T., & García-Garabal, J. (2002). *Lo que debe saber de las setas cultivadas*. España: Caja.

Stamets, P. (2005). *Mycelium running: How mushrooms can help save the world*. Berkeley: Ten Speed Press.

Standley, P. C., & Williams, L. O. (1970). *Flora of Guatemala* (Fieldana: Botany, Vol. 24, part. 9, No. 1 & 2, p. 43). Chicago, Illinois: Field Museum of Natural History.

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Artículo Científico / Scientific Article

Evaluación de dos fórmulas de yogur enriquecido con harina de *Acheta domesticus* y harina de *Brosimum alicastrum* Swartz como alimentos complementarios

Evaluation of two formulas of yogurt enriched with Acheta domesticus flour and Brosimum alicastrum flour, as complementary foods

Sergio A. Hernandez*, Claudia I. Ralda, Axel J. Godoy, Edgar A. Polanco, Hugo R. Pérez

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala

***Autor al que se dirige la correspondencia:** hernandez_sergio@usac.edu.gt

Recibido: 29 de noviembre 2018 / Revisión: 17 de mayo 2019 / Aceptado: 21 de junio 2019

Resumen

La prevalencia de desnutrición en niños en Guatemala es constante y se ha mantenido alta por años. Tomando en cuenta esta problemática se planteó un modelo de alimentación complementaria a base de yogur enriquecido con harinas de alto valor proteico en niños de edad preescolar en el suroccidente de Guatemala. Los tratamientos evaluados fueron yogur con harina de *Acheta domesticus* (grillo), yogur con harina de *Brosimum alicastrum* Swartz (ramón) y un grupo control. Se evaluó el peso, talla y velocidad de crecimiento durante cuatro meses brindando 125 mL de yogur cinco días por semana. La ganancia media (desviación estándar) de peso en kg fue de 3.21 (1.84), 2.22 (1.14) y 1.67 (0.64) para *A. domesticus, B. alicastrum* y grupo control, respectivamente. Mostrando la mezcla de yogur con harina de *A. domesticus* diferencia significativa frente al control ($p < .05$), por el contrario, no se encontró diferencia significativa ($p > .05$) cuando se comparó con yogur con harina de *B. alicastrum.* Para el incremento en talla en cm los resultados fueron 4.61 (1.13), 4.25 (1.54) y 3.07 (1.84) para *A. domesticus, B. alicastrum* y grupo control, respectivamente, mostrando ambas diferencias significativas frente al control ($p < .05$). Se determinaron los costos por dosis los cuales fueron US$0.56 (*A. domesticus*) y US$0.36 (*B. alicastrum*). Se concluye que el yogur con harina de *A. domesticus* fue el que presentó mejor respuesta en las variables de estudio.

Palabras claves: harina de grillo, harina de ramón, desnutrición, alimentos funcionales

Abstract

The prevalence data on malnutrition of children in Guatemala are constant. Taking into account this problem, a yogurt-based supplementary feeding model was proposed, enriched with high-protein flours in pre-school children in southwestern Guatemala. The treatments evaluated were yogurt with *Acheta domesticus* flour (cricket), yogurt with *Brosimum alicastrum* Swartz flour (ramon) and control group. The weight, height and growth rate were evaluated during four months providing 125 mL of yogurt five days per week. The weight gain in kg was 3.21 (1.84), 2.22 (1.14) and 1.67 (0.64) for *A. domesticus, B. alicastrum* and control group respectively, showing significant difference ($p <.05$). For the increase in height in cm, the results were 4.61 (1.13), 4.25 (1.54) and 3.07 (1.84) for *A. domesticus, B. alicastrum* and control group respectively, showing significant difference ($p < .05$). The costs per dose were determined, which were US $ 0.56 (*A. domesticus*) and US $ 0.36 (*B. alicastrum*). The study concludes that yogurt with *A. domesticus* flour was the one that presented the best response in the study variables.

Keywords: cricket flour, ramon flour, malnutrition, functional foods

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

En Guatemala el acceso a los alimentos de alto valor nutricional en el área rural sigue siendo una limitante para el adecuado crecimiento infantil. La evolución de la desnutrición crónica desde 1987 hasta 2015 ha variado de 62.2% a 46.5% (Secretaría de Seguridad Alimentaria y Nutricional [Sesan], 2015). Estos datos indican una mínima reducción de 0.57%. Está lenta reducción se suma a factores como falta de empleo, ausencia de servicios básicos, inseguridad, migración, abandono, entre otros que limitan la mejora en peso y talla de casi la mitad de niños en edad preescolar. Actualmente, la mayoría de las acciones encaminadas a la reducción de la desnutrición se enfocan en niños de edades tempranas, desde la atención a madres gestantes, nacimiento, hasta los 6 años.

Estos programas de alimentación escolar son variables dependiendo de la disponibilidad de productos, la solvencia económica de la organización de padres de familia quienes reciben un aporte estatal. Sin embargo, los menús recomendados por el Ministerio de Educación contemplan pocas fuentes de proteína de origen animal lo cual repercute en el desarrollo neurológico y futuro desarrollo cognoscitivo de los niños (Sesan, 2015). Según datos de un estudio elaborado por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) en 2013, el actual programa de alimentación escolar tiene una cobertura del 85.3% de las escuelas distribuidas a nivel nacional.

Las edades de 0-6 años son una etapa crucial para el desarrollo de la persona, puesto que una mala alimentación puede provocar un impacto irremediable, que tendrá efectos adversos a lo largo de toda la vida de la persona (Victora et al., 2008). En este sentido, el uso de alimentos funcionales en este segmento vulnerable de la población rural supone una opción real para mitigar el efecto de la desnutrición crónica. Un alimento funcional tiene el potencial de convertirse en potenciador del desarrollo y la diferenciación en el organismo, actúan como moduladores del metabolismo de nutrientes, la expresión génica, el estrés oxidativo y la esfera psíquica (Silveira, Monereo, & Molina, 2003).

El uso de yogur de leche bovina se propone en este estudio debido a que es una fuente excelente de alimento que ha sido utilizada en múltiples proyectos para alimentación de niños. Varios estudios han obtenido resultados satisfactorios en cuanto a la aceptación del producto, así como la mejora del estado nutricional de los beneficiarios de estos proyectos (Ponce, 2008). Además de ello, las guías alimentarias de Guatemala establecen que el yogur y otros productos lácteos son un alimento básico para el ser humano, es por ello que la utilizan en la dieta escolar (Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social [MSPAS], 2012).

En el 2017 se creó la Ley de Refacción Escolar la cual establece que se deberá asignar un rubro específico de como mínimo cuatro quetzales (US$0.52) por beneficiario. Esto demuestra que el modelo de alimentación complementaria propuesto puede ser incluido dentro de la refacción escolar estipulada en el proyecto de ley de alimentación escolar 16-2017 en el Decreto del Congreso de la República (2017).

La harina de *Acheta domesticus* (Grillo) posee elementos nutricionales como altos niveles de proteína (62%), aminoácidos, minerales y aceites esenciales, además de la sustentabilidad de su producción por lo que fue incluido en esta investigación. Según la revisión de Apolo-Arévalo y Lannacone (2015) los grillos contienen un alto valor proteico en comparación con otros productos de origen animal además de ser viable su producción en condiciones sostenibles. Otro estudio realizado por Nakagaki Sunde y Defoliart (1986) demostró que el grillo doméstico es una fuente de proteína y aminoácidos esenciales y su uso puede ser una alternativa dependiendo del costo y viabilidad de producción. Otro aspecto a favor del potencial para la crianza de grillos es reportado por Nakagaki y Defoliart (1991) quienes indicaron una mejor conversión y eficiencia alimenticia de estos insectos en comparación con otras especies como pollos de engorde y cerdos. En relación a la aceptación de productos con inclusión de harina de grillo Zhong (2017) reportó en un estudio donde elaboró una barra nutritiva que fue aceptada parcialmente por los consumidores en comparación con barras disponibles en el mercado, el autor señala que deben de mejorarse los atributos sensoriales de los alimentos con dicha harina.

La semilla del árbol de *Brosimum alicastrum* Swartz (ramón) por su contenido de proteína (9%), energía (350 kcal/100 g), aceites esenciales, grasas, azucares y aminoácidos esenciales ha sido utilizada en programas de ayuda a mujeres para encontrar medios de subsistencia, mejorar la salud y nutrición de sus familias, así como para obtener ingresos para el hogar. Con la semilla de ramón se puede producir harina negra que se utiliza para la fabricación de pan o un tipo de tortilla. Esta especie posee amplia distribución en la región mesoamericana y existen reportes de uso por parte de la cultura maya. Algunos estudios recopilados

por Lentz, Dunning y Scarborough (2015) este árbol es predominante en los bosques de altura y en transición, lo que lo ubica como una planta multipropósito. De acuerdo a Carter (2015) la harina de semilla de ramón puede ser utilizada como sustituto de la harina de trigo en formulaciones para la elaboración de galletas, el único hallazgo fue la coloración final del producto con mayor inclusión de harina el cual mostró un color mezclado entre marrón y amarillo. Otro estudio efectuado en Guatemala por Martínez (2014) donde se evaluó el uso de harina de la semilla de ramón como parte de la formulación de un atol (bebida) encontró que luego de evaluar diferentes proporciones de harina de ramón y maíz, la prueba de preferencia indicó la mezcla 75:25 fue la mayormente aceptada por los consumidores. Esto muestra que la harina de ramón debidamente incluida en alimentos socialmente aceptados por la población puede proveer de una suplementación proteica al consumidor.

En este estudio se evaluó: (1) la respuesta al consumo de yogur enriquecido con harina de *A. domesticus* y yogur enriquecido con harina de *B. alicastrum* a partir de las variables de ganancia de peso e incremento de talla, (2) la aceptación y preferencia del consumo en niños de 4-6 años y (3) la viabilidad económica del uso de yogur como alternativa de alimentación en términos de costos de producción.

Materiales y métodos

La investigación se desarrolló bajo un enfoque cuantitativo explicativo con diseño cuasi experimental. El período de estudio fue de 4 meses y se desarrolló en el municipio de Patulul, departamento de Suchitepéquez, Guatemala. El grupo de estudiantes en el estudio fueron matriculados en preescolar de la Escuela Tecún Umán, Patulul, Suchitepéquez. La muestra se seleccionó por conveniencia y contempló 15 niñas y 13 niños que fueron la totalidad de la matrícula estudiantil del grado quedando excluidos tres niños cuyos padres no avalaron su participación. Como grupo control se tomaron los datos proporcionados por el Centro de Salud de cuatro niñas y ocho niños entre 4-6 años del área de Patulul, quienes no consumieron ninguno de los tratamientos evaluados.

El estudio evaluó la utilización de 125 mL de yogur de leche de vaca con mermelada y adición de harina de *A. domesticus*. El otro tratamiento fue la misma dosis de yogur con mermelada y adición de harina de *B. alicastrum*. La frecuencia de consumo fue de 5 días a la semana durante 4 meses. Esta dosis fue recomendada por un especialista quien indicó la dosis y la cantidad de harina a incluir. Las guías alimentarias para Guatemala recomiendan un máximo de un vaso (250 mL) por día de productos lácteos (MSPAS, 2012).

Los productos fueron elaborados en la finca San Julián propiedad de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad de San Carlos de Guatemala. El yogur fue elaborado con leche de vaca proveniente de la misma finca, se realizó el monitoreo de buenas prácticas de ordeño y control de mastitis, se utilizó un pasteurizador de 15 lL de capacidad en donde se incubó la leche, luego fue añadido el cultivo liofilizado (*Lactobacillus bulgaricus* y *L. lactis*). Posteriormente se extrajo el coágulo del pasteurizador, se colocó en una cámara de enfriamiento para luego de alcanzar los 4 °C se adicionó un litro de mermelada y 480 g de harina de *A. domestica* y para el otro tratamiento 480 g de harina de *B. alicastrum*. La mermelada utilizada fue de fresa y fue elaborada en la finca a razón de tres medidas de fruta, una de agua y una de azúcar. Las harina de *A. domestica* fue adquirida con un productor, Zoot Hersson Giovanny Icu Cutzal del área de Chimaltenango, Guatemala (herssonicu@hotmail.com) y la harina de *B. alicastrum* fue adquirida con Comunidad La Bendición San Miguel Pochuta, Chimaltenango (Codemur, codemurguate@yahoo.com) proveedores especializados en su elaboración. Se tomaron muestras periódicamente para asegurar la calidad microbiológica de los productos suministrados en el estudio. También se realizaron estudios en el Laboratorio de Bromatología de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de los productos elaborados con la finalidad de obtener información sobre el valor nutritivo de los tratamientos.

Para integrar la muestra de niños en el estudio se realizó una charla informativa con los padres de familia para dar a conocer las especificaciones del estudio, y posteriormente firmaron un consentimiento informado que contempló estándares internacionales de bioética. Los padres quedaron en libertad de permitir a sus hijos participar en el estudio. La distribución de la muestra fue dividida en dos grupos completamente al azar los cuales conformaron los dos tratamientos. Durante la fase experimental se realizó una encuesta (n = 21) con los padres de los niños, para caracterizar la frecuencia y tipos de alimentos a los que los niños tuvieron acceso durante el estudio.

Las mediciones antropométricas se realizaron de acuerdo a técnicas estandarizadas (Ghisays et al., 2018; Britz, Aznarez, & Della Santa, 2017). Todas las mediciones fueron realizadas por el mismo técnico capacita-

do. Las medidas se tomaron con la menor ropa posible y cualquier objeto que pudiera alterar el peso, luego se indicó a la niña o niño colocarse de pie en una postura adecuada. Al inicio del estudio se registró el peso y talla de los niños en una hoja electrónica de Microsoft Excel® posteriormente se realizó un registro mensual de peso y talla utilizando una balanza que incluía tallimetro con sistema de brazo y pilones debidamente calibrada. De igual forma se monitoreo el estado de salud de los niños que estuvieron suplementados con la supervisión del Centro de Salud de Patulul, Suchitepéquez. Los costos se registraron de igual forma para determinar el costo de producción de una dosis de cada tratamiento.

La evaluación de aceptación y preferencia de los tratamientos fue realizada mediante una prueba sensorial previo al inicio de la fase experimental. Se utilizó una boleta para evaluar la aceptación de las características de color, olor, sabor y textura de cada tratamiento evaluado. Durante la evaluación se brindó acompañamiento por parte de personal capacitado. Esta prueba contempló una escala simbólica representada por figuras con expresión de agrado y desagrado que fueran fácilmente identificadas por los niños. Posteriormente se realizó la prueba de preferencia en la que se pidió que seleccionaran el tratamiento que fue de mayor agrado.

Para las variables peso y talla se estimaron los valores de respuesta de los tratamientos utilizando un análisis de varianza con una prueba post-hoc de Tukey con un valor de $p < .05$. La variable velocidad de crecimiento fue analizada por medio de estadística descriptiva. Para determinar la aceptación se utilizó una prueba exacta de Fisher con valor de $p < .05$ en cuanto a la preferencia se utilizó estadística descriptiva. La estimación de costos se realizó por medio del método de costeo variable con el que se establecieron los costos de producción por dosis de 125 mL de cada tratamiento.

Para el análisis estadístico se utilizó un formulario procesado en una hoja electrónica de Microsoft Excel® y los datos recabados mensualmente se procesaron utilizando los softwares MegaStat2007® Versión 10.1 y PAST® Versión 2.17c. Para el análisis de costos de producción ser utilizó una base de datos en Microsoft Excel®, tomando en cuenta los recursos necesarios para elaborar los dos tipos de alimento funcional evaluados.

Resultados

Se realizó un análisis del contenido nutricional para cada uno de los tratamientos con la finalidad de conocer el aporte de nutrientes de cada alimento. En la Tabla 1 se observan los valores nutricionales del yogur enriquecido con harinas. La Figura 1 muestra los resultados de la caracterización de la frecuencia y tipo de alimentos a los que los niños tuvieron acceso durante el periodo de estudio.

Ganancia de peso

Para la variable ganancia de peso se determinó que hubo diferencia significativa ($p < .05$) en el tratamiento de yogur con harina de *A. domesticus* respecto al control, mientras que el tratamiento de yogur con harina de *B. alicastrum* no presentó diferencia significativa (Tabla 2). El análisis de los datos muestra que el peso medio de los niños del tratamiento de yogur con harina de *A. domesticus* fue superior a los otros dos tratamientos. Por otro lado, los pesos de los niños del tratamiento de yogur con *B. alicastrum* no tuvieron diferencia respecto al grupo control.

Incremento de talla

Respecto a la variable talla el análisis estadístico presentó diferencia significativa ($p < .05$) por lo que se realizó una prueba post hoc de Tukey evidenciando que ambos tratamientos fueron superiores al control, pero no entre sí (Tabla 2). Se determinó que la mejor respuesta fue la de los niños del tratamiento de yogur con harina de *A. domesticus,* seguido por el tratamiento de yogur con *B. alicastrum*.

Velocidad de crecimiento

En el análisis de la velocidad de crecimiento con relación al peso se obtuvo un promedio de 0.80 (0.44) kg/mes durante el periodo de estudio para los niños del tratamiento de yogur con harina de *A. domesticus*. El promedio (desviación estándar) de aumento en el peso fue de 0.56 (0.27) kg/mes para los niños del tratamiento de yogur con *B. alicastrum*. En la Figura 2 se puede observar el ritmo de ganancia de peso de los dos tratamientos evaluados. . En cuanto al grupo control según datos proporcionados por el Centro de Salud, se determinó una ganancia de peso de 0.28 (0.10) kg/mes en niños que no consumieron ninguno de los tratamientos.

La velocidad de crecimiento respecto a la talla de los niños reportó un aumento de 1.15 (0.28) cm/mes para los niños que consumieron yogur con *A. domesticus*. Por otro lado, los niños que consumieron yogur con

Tabla 1
Contenido nutricional del yogur enriquecido con harina de B. alicastrum *y yogur enriquecido con* A. domesticus

Tratamientos	Extracto etéreo (%)	Fibra cruda (%)	Proteína (%)	Cenizas (%)
Yogur enriquecido con harina de *A. domesticus*	0.27	0.63	9.21	0.61
Yogur enriquecido con harina de *B. alicastrum*	0.19	1.11	12.40	0.59

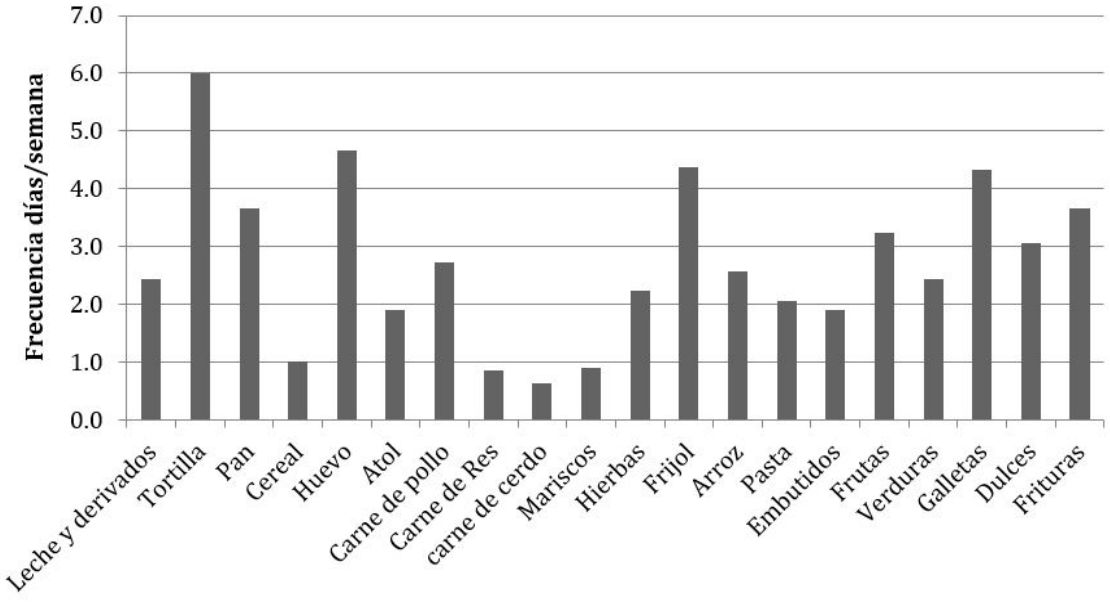


Figura 1. Frecuencia y tipos de alimentos en la dieta de los niños

Tabla 2
Ganancia de peso y talla

Tratamiento	Ganancia de peso (kg) Media (desviación estándar)	Talla (cm) Media (desviación estándar)
A. domesticus	3.21 (1.84)a*	4.61 (1.13)a*
B. alicastrum	2.22 (1.14)ab*	4.25 (1.54)a*
Grupo control	1.67 (0.64)b*	3.07 (1.84)b*

Nota.*Valores con igual literal no presentan diferencia significativa ($p > .05$)

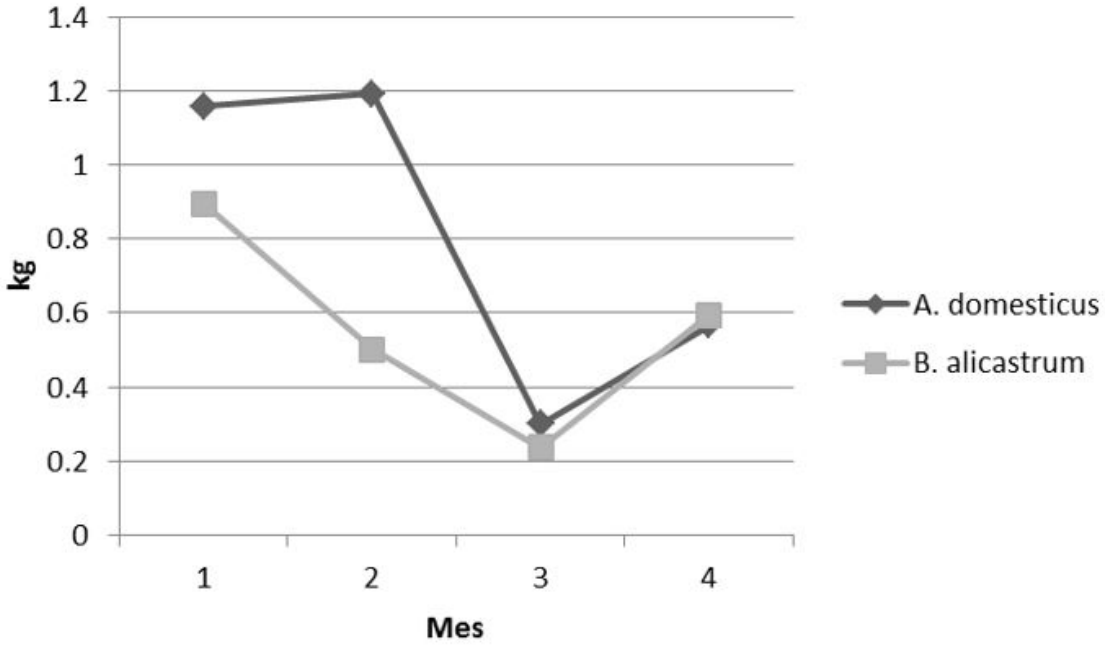


Figura 2. Velocidad de crecimiento en relación al peso

B. alicastrum reportaron un aumento de talla promedio de 1.06 (0.38) cm/mes. En la Figura 3 se indica el ritmo de aumento de talla de los niños incluidos en el estudio. En cuanto al grupo control según datos proporcionados por el Centro de Salud, se determinó un aumento de talla de 0.51 (0.31) cm/mes en niños que no consumieron ninguno de los tratamientos.

Prueba de aceptación

Se evaluó la aceptación de los tratamientos en cuanto a olor, color, sabor y textura. Para las variables olor, color y textura no se encontró diferencia significativa ($p > .05$). En cuanto al sabor, el tratamiento de yogur con harina de *A. domesticus* fue superior al tratamiento de yogur con harina de *B. alicastrum* presentando diferencia significativa ($p < .05$). Se realizó una prueba de preferencia en la cual 29/31 (93.51 %) niños eligieron el yogur enriquecido con harina de *A. domesticus.*

Determinación de costos por dosis

Se determinaron los costos de producción por porción de 125 mL de yogur enriquecido con harina de *A. domesticus* y yogur enriquecido con harina de *B. alicastrum*, presentando un costo mayor el primer tratamiento mencionado con $0.56 y el segundo tratamiento con $0.36.

Discusión

Se observó que ambos alimentos funcionales de yogur enriquecido con harinas presentan un alto valor nutricional. Estos alimentos son ideales para enriquecer las dietas de los niños en edad preescolar, incluso muestran mayores valores a los presentados por otros autores que utilizaron yogur sin ningún aditivo en cuanto a proteína, fibra, cenizas y extracto etéreo (Barril-Cuadrado, Puchulu, & Sánchez, 2013; Huertas, 2014). Esto indica que los alimentos elaborados en el presente estudio cumplen con lo recomendado por las dietas de niños preescolares incluidas en las guías alimentarias para Guatemala, las cuales indican que se debe de incluir leche, yogur, cereal, frutas y azúcares (MSPAS, 2012). En la presente investigación se desarrolló una alternativa que podría contribuir a reducir la desnutrición en zonas rurales, ya que según el censo de talla realizado por El Sistema de Información Nacional de Seguridad Alimentaria y Nutricional (SIINSAN) (2015) de 984

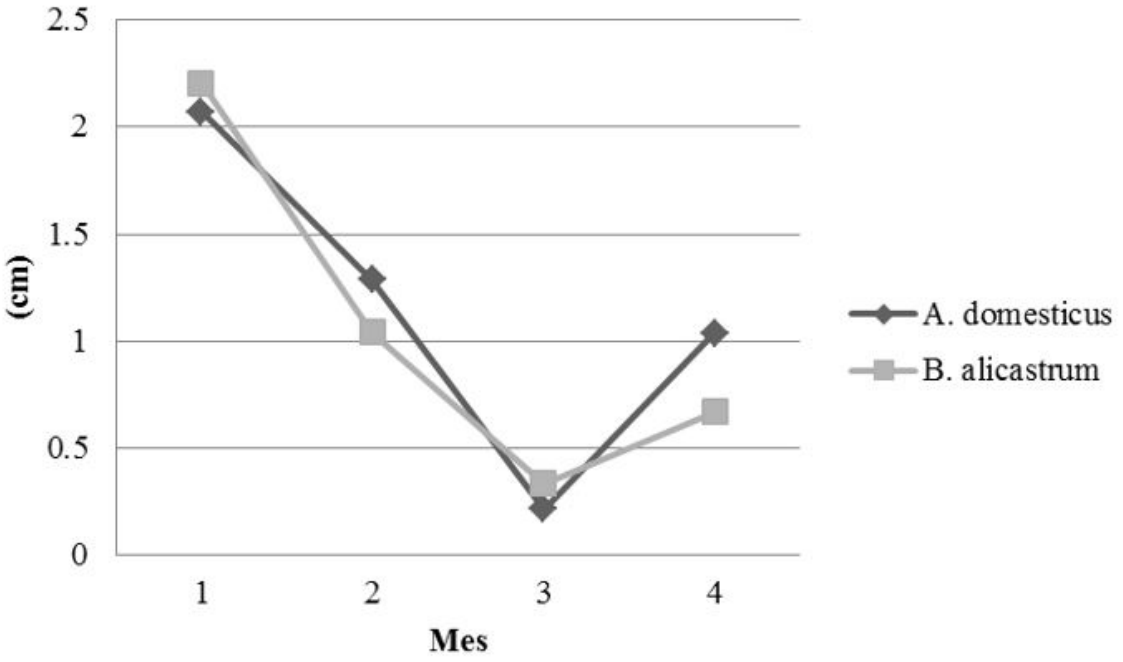


Figura 3. Velocidad de crecimiento en talla

niños de Patulul el 32.1% presentó desnutrición crónica, además existen otros municipios con niveles más altos de desnutrición que necesitan atención.

Los resultados obtenidos de la caracterización de la frecuencia y tipos de alimentos, demostraron que los niños tienen acceso a diferentes fuentes de proteína (huevo, frijoles y hierbas). Esta dieta no difiere del consumo habitual de las familias a nivel rural en Guatemala (MSPAS, 2012), por lo que el consumo de yogurt enriquecido podría haber influido en la mejora en la ganancia de peso y talla de los niños durante el período en que lo consumieron.

En cuanto a los tratamientos evaluados, se observó una alta aceptación de las características organolépticas de ambos alimentos, lo cual es un importante resultado para lograr que los niños acepten consumir este tipo de productos. Esto facilitará su impacto en las zonas rurales en donde se proyecta el modelo de alimentación. Además de la aceptación se observó que existe mayor preferencia al sabor de yogur con harina de *A. domesticus*, esto puede ser debido al sabor más intenso característico de la harina de *B. alicastrum* el cual según Yates y Ramírez-Sosa (2004) se encontró que presenta sabor diferente al de otras harinas como la de maíz a la que los habitantes de esta zona están acostumbrados.

Los tratamientos de yogur con las diferentes harinas presentaron resultados satisfactorios de ganancias de peso y talla, esto debido a su alto valor nutricional, es por ello que también otros estudios recomiendan su uso en alimentación de escolares (Moreno et al., 2013). El yogur enriquecido con harina de *A. domesticus* presentó los mejores resultados en cuanto peso y talla, tomando en cuenta los datos de Pérez y Sánchez (2012) esta harina aporta una cantidad de nutrientes incluso mayor a la de muchos alimentos comunes en la ingesta diaria: proteínas 60.66 %, grasas 31.21 %, carbohidratos 4.37 % y cenizas 3.76 %. El aporte energético es aproximadamente 541.1 kcal, además de su alto contenido de minerales. Se estima que la utilización de insectos en la alimentación humana será una de las fuentes de mayor riqueza de nutrientes en el futuro (Dossey & Méndez-Gutiérrez, 2014; Ramos-Elorduy & Viejo, 2007).

El tratamiento de yogur enriquecido con harina de *B. alicastrum*, presentó menor eficiencia en cuanto a la ganancia de peso y talla en relación al yogur con *A. domesticus*, sin embargo, si presentó mejor resultado en cuanto a la talla en comparación con el grupo con-

trol. Estos resultados pueden estar relacionados con una menor digestibilidad de la harina de *B. alicastrum* tal y como lo señalan Arévalo y Bressani (2013).

La velocidad de crecimiento estimada en este estudio para peso y talla, presentó resultados satisfactorios puesto que según los datos de los patrones de crecimiento infantil de la Organización Mundial de la Salud (Multicentre Growth Reference Study Group, 2006), el ritmo de ganancia de peso de niños y niñas entre 4 y 6 años está en el orden de 0.19-0.25 kg/mes y la talla en 0.5 cm/mes en niños y niñas en el mismo rango de edad. Esto demuestra que las respuestas metabólicas al consumo de yogur con harinas proteicas de origen animal y vegetal en niños en el rango de edad evaluado sobrepasan los niveles normales de velocidad de crecimiento reportados.

Tomando como línea base las guías alimentarias del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social es importante considerar la dieta completa de los niños puesto que al incluir un alimento con alta biodiponibilidad de azúcares y grasas como el yogur sobre la base del aporte adecuado de nutrientes, éste puede provocar algun nivel de sobrepeso en los niños (Farro, Montero, Vergara, & Ríos-Castillo, 2018). Sin embargo, considerando que los niveles de subnutrición y desbalance alimentario al que están sometidos alrededor de 6 de cada 10 niños en Guatemala, el yogurt es una alternativa viable debido a que reduce la posibilidad de generar intolerancia a la lactosa debido la acción de los microorganismos que contiene (*Lactobacillus).* Es importante resaltar que la capacidad de generar un ambiente con pH menor y bacterias no patógenas reduce sustancialmente la persistencia de diarreas en los niños, las cuales se presentan de forma natural por la ingesta y manipulación propia de sus alimentos (Eren, Dinleyici, & Vandenplas, 2010).

En cuanto al costo de la porción de cada uno de los tratamientos, estos presentaron valores relativamente altos en relación al presupuesto con que se cuenta en las escuelas, tomando como referencia la Ley de Refacción Escolar de Guatemala (Decreto 16-2017), la cual indica que se debe entregar no menos de US$ 0.52 por beneficiario. El costo mayor del tratamiento con harina de *A. domesticus*, se debe a que existe poca oferta de este producto en el mercado nacional.

La utilización de alimentos funcionales en niños de edad preescolar tiene un impacto positivo en el estado nutricional y futuro desarrollo integral. Es pertinente evaluar la inclusión de este tipo de alimentos en la dieta de la población vulnerable utilizando materias primas existentes en las comunidades.

Agradecimientos

Esta investigación fue cofinanciada por Digi-Usac-2018, Proyecto: 4.8.63.7.18. Se agradece el apoyo de Miguel Ortiz, por todas las gestiones realizadas para la construcción de la planta de procesamiento de los productos lácteos. De igual forma se agradece a Lesly Alonso de Escuela Tecún Umán de la Finca San Julián, a Navi Ortiz del Centro de Salud de Patulul, Suchitepéquez y a Talia Ovando por el apoyo brindado durante el proyecto.

Referencias

Apolo-Arévalo, L., & Lannacone, J. (2015). Crianza del grillo (*Acheta domesticus*) como fuente alternativa de proteínas para el consumo humano. *Scientia,* (17), 161-173. doi:10.31381/scientia.v17i17.389

Arévalo, A. I., & Bressani, R. (2013). Respuesta glicémica de la semilla de Ramón (*Brosimum alicastrum*) en mujeres de 16 a 25 años de edad, residentes de la ciudad capital. *Revista de la Universidad del Valle de Guatemala*, *25*, 66-71

Barril-Cuadrado, G., Puchulu, M. B., & Sánchez-Tomero, J. A. (2013). Tablas de ratio fósforo/proteína de alimentos para población española. Utilidad en la enfermedad renal crónica. *Nefrología (Madrid)*, *33*(3), 362-371. doi:10.3265/Nefrologia.pre2013.Feb.11918

Britz, M., Aznarez, A., & Della Santa, A. P. (2017). Desarrollo y validación de ecuaciones para estimar composición corporal en niños de 4 a 6 años de Uruguay. *Revista Chilena de Nutrición*, *44*(1), 63-70. doi:10.4067/S0717-75182017000100009

Carter, C. T. (2015). Chemical and functional properties of *Brosimum alicastrum* seed powder (Maya nut, Ramón nut) (Tesis de maestria). Universidad Clemson, South California.

Decreto del Congreso de la República, 16-2017. Diario Centro América, No. 24, t. 158. (19 de octubre 2017).

Dossey, A. T., & Méndez-Gutiérrez, I. R. (2014). Los insectos como una fuente de proteína limpia y sustentable. *Entomología Mexicana*, *1*, 1039-1044.

Eren, M., Dinleyici, E. C., & Vandenplas, Y. (2010). Clinical efficacy comparison of Saccharomyces boulardii and yogurt fluid in acute non-bloody diarrhea in children: A randomized, controlled, open label study. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, *82*(3), 488-491. doi:10.4269/ajtmh.2010.09-0529.

Farro, K., Montero, I., Vergara, E., & Ríos-Castillo, I. (2018). Elevado consumo de azúcares y grasas en niños de edad preescolar de Panamá: Estudio transversal. *Revista Chilena de Nutrición*, *45*(1), 7-16. doi:10.4067/s0717-75182018000100007

Ghisays, M., Suarez, M., Lastre, G., Fuentes, Y., Orozco, S., Schonewolff, S., & Verdooren, K. (2018). Estado nutricional de niños menores de cinco años en el caribe colombiano. *Ciencia e Innovación en Salud. e62*, 1-13. doi:10.17081/innosa.62

Huertas, R. A. (2014). Efecto de la adición de yacon (*Smallanthus sonchifolius*) en las características fisicoquímicas, microbiológicas, proximales y sensoriales de yogur durante el almacenamiento bajo refrigeración. *@limentech, Ciencia y Tecnología Alimentaria*, *12*(1), 5-14. Doi:10.24054/16927125.v1.n1.2014.423

Lentz, D., Dunning, N. & Scarborough, V. (2015). *Tikal Paleoecology on an Ancient Maya City*. New York: Cambridge University Press.

Martínez, K. J. (2014). Desarrollo de la formulación de un atol de harina de maíz enriquecido con harina de semilla de árbol de Ramón (*Brosimun alicastrum*) evaluación nutricional y diseño del proceso (Tesis de licenciatura). Universidad de San Carlos de Guatemala, Facultad de Ingeniería, Guatemala:.

Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. (2012). *Guías alimentarias guías alimentarias para Guatemala: Recomendaciones para una alimentación saludable*. Guatemala: Autor.

Moreno, L. A., Cervera, P., Ortega, R. M., Díaz, J. J., Baladia, E., ... Salas-Salvadó, J. (2013). Evidencia científica sobre el papel del yogur y otras leches fermentadas en la alimentación saludable de la población española. *Nutrición Hospitalaria*, *28*(6), 2039-2089.

Multicentre Growth Reference Study Group. (2006). *WHO Child Growth Standards: Length/height-for-age, weight-for-age, weight-for-length, weight-for-height and body mass index-for-age: Methods and development*. Geneva: World Health Organization.

Nakagaki, B. J., & Defoliart, G. R. (1991). Comparison of diets for mass-rearing *Acheta dornestic*a (Orthoptera: Gryllidae) as a novelty food and comparison of food conversion efficiency with values reported for livestock. *Journal of Economic Entomology 4*(3), 891–896.

Nakagaki, B. J., Sunde, M. L., & Defoliart, G. R. (1986). Protein quality of the house cricket, *Acheta domesticus*, when fed to broiler chicks. *Poultry Science, 66,* 1367–1371.

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2013). Alimentación Escolar y las posibilidades de compra directa de la agricultura familiar. Estudio Nacional de Guatemala. Recuperado de http://www.fao.org/3/as511s/as511s.pdf

Pérez, R. G., & Sánchez, R. I. (2012). *Elaboración y caracterización de harinas para consumo humano a partir de* Achetas domesticus *y* Periplanetas americanas (Tesis de licenciatura). Universidad Nacional de Trujillo, Facultad de Ingeniería Química, Trujillo, Perú.

Ponce, B. (14 de abril de 2008). ¿Es apropiado el debate vaso de leche escolar versus incaparina? [Mensaje en un blog] Recuperado de http://poncesegura.blogspot.com/2008/04/es-apropiado-el-debate-vaso-de-leche.htl

Ramos-Elorduy, J., & Viejo, J. L. (2007). Los insectos como alimento humano: Breve ensayo sobre la entomofagia, con especial referencia a México. *Boletín Real Sociedad Española de Historia Natural. Sección Biología*, *102*(1-4), 61-84.

Secretaría de Seguridad Alimentaria y Nutricional. (2015). Plan estratégico de seguridad alimentaria y nutricional PESAN 2016-2020. Recuperado de http://www.sesan.gob.gt/wordpress/wp-content/uploads/2017/07/PESAN-2016-2020.pdf

Silveira, M., Monereo, S., & Molina, B. (2003). Alimentos funcionales y nutrición óptima. ¿Cerca o lejos? *Revista Española de Salud Pública, 77*(3), 317-331.

Sistema de Información Nacional de Seguridad Alimentaria y Nutricional. (2015). Recuperado de http://www.siinsan.gob.gt/DcxMunicipio

Victora, C. G., Adair, L., Fall, C., Hallal, P. C., Martorell, R., Richter, L., & Sachdev, H. S. (2008). Maternal and child undernutrition 2 maternal and child undernutrition: Consequences for adult health and human capital. *Lancet*, *371*(9609), 340-357. doi:10.1016/S0140-6736(07)61692-4

Yates, S., & Ramirez-Sosa, C. R. (2004). Ethnobotanical knowledge of *Brosimum alicastrum* (Moraceae) among urban and rural El Salvadorian adolescents. *Economic Botany*, *58*(1), 72-77. doi:10.1663/0013-0001(2004)058[0072:EK0BAM]2.0.CO;2

Zhong, A. (2017). Product development considerations for a nutrient rich bar using Cricket (*Acheta domesticus*) protein (Tesis de maestrías). California State University, Long Beach.

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Ensayo Científico / Scientific Essay

La tabla de eclipses en el códice de Dresden. Más de cien años de estudio y discusión

The Dresden codex eclipse table. More than one hundred years of study and discussion

David Marín*, Joshua Lemus

Escuela de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala.

***Autor al que se dirige la correspondencia:** marinroma@fisica.usac.edu.gt

Recibido: 02 de junio 2018 / Revisión: 28 de agosto 2018 / Aceptado: 25 de enero 2019

Resumen

El códice Dresden es el más antiguo de tres libros escritos con glifos mayas que han sobrevivido hasta nuestros días. Contiene tablas y almanaques relacionados a los planetas visibles y una tabla con 69 intervalos de 177 o 148 días relacionados a eclipses de sol y de luna que a pesar de haber sido estudiada por más de 100 años, sigue motivando ideas y propuestas sobre su posible uso y significado. La opinión más aceptada es que la tabla es un instrumento para predecir la posibilidad de eclipses, sin embargo algunos investigadores piensan que puede ser un registro de eclipses observados si se cambia la correlación entre los calendarios maya y gregoriano, lo cual ha llevado a proponer otras correlaciones entre calendarios. Algunos artículos proponen que la tabla se refiere a eclipses de sol, otros a eclipses de luna, o incluso de ambos tipos. El objetivo del presente estudio es comparar los datos en la tabla de eclipses con el catálogo de eclipses ocurridos del año cero al año 1500 de esta era y presentar bajo un mismo instrumento las evidencias a favor de las varias hipótesis en la literatura científica sobre el tema, considerando solamente la información en las tablas numéricas. Aunque dejar de lado la información en los textos jeroglíficos e imágenes limita el alcance de las conclusiones, la intención es proporcionar una visión imparcial de los datos en la tabla que permita estimar la validez de los distintos argumentos propuestos en la literatura, como un primer paso para desarrollar instrumentos que sirvan para un estudio multidisciplinario enfocado en estudiar las diez figuras que sobresalen en la tabla, las cuales son tan elaboradas y contienen tanto detalle que es muy probable que correspondan a fenómenos que sí fueron observados por los antiguos astrónomos.

Abstract

The Dresden codex is the oldest of three Maya hieroglyph books that survived to this day. It contains tables and almanacs related to the visible planets and a table with 69 intervals of 177 and 148 days related to lunar and solar eclipses that in spite of being studied for more than 100 years, it continues to motivate ideas and proposals about its possible use and meaning. The most accepted opinion is that the table is an instrument to predict the possibility of eclipses, nonetheless some researchers think that it can be a register of observed eclipses if the correlation between Mayan and Gregorian calendars is changed, and this led to new proposals for the correlation between calendars. Some articles argue that the table refers to solar eclipses, others propose lunar eclipses, or both. The present study compares the data in the eclipse table to the catalogue of all eclipses on earth from the year zero to 1500 CE, and presents under the same instrument the evidences in favor of different hypothesis in the scientific literature on this topic, considering only the information in the numerical tables. Although leaving aside the information in the hieroglyph texts and images limits the scope of the conclusions, the intention is to present an impartial view of the data in the table to estimate the validity of the various arguments proposed in the literature, as a first step in developing instruments to be used on a multidisciplinary study of the ten outstanding figures in the table, which are so elaborated and contain so much detail that it is quite likely that they correspond to events actually observed by the ancient astronomers.

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

El códice de Dresden consta de 74 páginas de 9.1 x 20.5 cm de alto. Las hojas, pintadas de ambos lados están hechas de corteza de amate (árbol del género *Ficus*) cubiertas de una fina capa de estuco. Las pruebas de carbono 14 hechas a este material combinadas con un análisis iconográfico y etnográfico apuntan a Yucatán como lugar de origen, alrededor del siglo XIII o XIV (Satterthwaite & Ralph, 1960). Sin embargo algunos investigadores piensan que el material que incluye el códice fue recopilado a lo largo de cientos de años, pasando de una generación a otra, por lo que el contenido del mismo sería mucho más antiguo (Milbradth, 1999). Hay 27 fechas escritas en el códice, la más antigua es del año 623 y la más reciente corresponde al año 1210 según la correlación GMT (Goodman-Martínez-Thompson) que es la más aceptada entre los calendarios maya y juliano usado en Europa hasta 1582.

Se piensa que fue llevado a Europa en el siglo XVI y permaneció olvidado por unos 200 años. En 1739 el director de la Biblioteca de Dresden lo compró a un coleccionista y pasaron más de 160 años hasta que la primera versión con las páginas en orden correcto y comentada fue publicada por Förstemann (1906), lo cual abrió las puertas a otros investigadores a estudiar el documento. Por motivos históricos la numeración de las páginas del códice que más se usa en la literatura es la numeración incorrecta de una versión anterior.

Desde un inicio Förstemann notó que las páginas 51 a 58 contienen una tabla que empieza en la mitad superior de la página 51 y continúa hasta la mitad superior de la página 58 (registro a), pasando luego a la mitad inferior de la página 51 y terminando en la mitad inferior de la página 58 (registro b). Él dedujo que la tabla se refería a la luna ya que de la página 53(a) a la 58(b) hay 69 columnas de glifos que terminan con los números 177 y 148, que son muy cercanos a número de días que hay en seis y cinco lunaciones respectivamente. Insertadas entre las 69 columnas de glifos hay diez figuras que tienen en la parte superior dos columnas de textos jeroglíficos más elaborados. En 1913 Meinshausen fue el primero en publicar que la tabla en las páginas 51 a 58 se refiere a eclipses debido a que sumando el número de días que hay entre una figura y otra se obtienen períodos de eclipses como los que serían observables desde una localidad cualquiera en el planeta. Él identificó los glifos correspondientes a eclipses de sol y de luna, y notó que la aparición de éstos en pares podía significar que las figuras se refieren a eclipses de luna y sol visibles desde la misma localidad. La relación de la tabla con eclipses fue descubierta independientemente casi al mismo tiempo por Willson, pero sus estudios no fueron publicados hasta 1924 por Spinden. Willson notó que el largo de la tabla (11,960 días) es muy cercano a 69 veces el período promedio entre estaciones de eclipses (173.31 días), además los intervalos entre las diez figuras lo llevaron a suponer que éstas correspondían a un registro de eclipses observados. Él mismo puso a prueba esta hipótesis comparando los intervalos entre figuras con el catálogo de eclipses sucedidos en el período del año -12 al año 1520 de la presente era, publicado por Oppolzer en 1887, sin embargo no encontró ninguna serie de eclipses visibles desde Yucatán que correspondiera con los intervalos entre las figuras (Aveni, 2001). Este estudio sentó la base de la opinión más aceptada hasta hoy: la tabla es un instrumento para anticipar la posibilidad de que suceda un eclipse iniciando el conteo en una fecha conveniente.

Las diez figuras intercaladas entre los 69 intervalos se conocen como "*eclipse warning stations*" ("estaciones de advertencia de eclipses") indicando que ese número de días a partir de la fecha inicial de la tabla se espera que suceda un eclipse.

El posible uso de la tabla de eclipses también ha sido objeto de numerosos estudios. En 1931 Teeple notó que tres estaciones de eclipses 3x173.31z = 519.93 son casi dos períodos del calendario tzolk´in de 260 días (Thompson, 1972), de manera que los eclipses pueden darse sólo en tres regiones del ciclo de 2x260 días, habiendo fechas en las que no se ven eclipses, aunque haya luna nueva o luna llena.

En las primeras dos páginas de la tabla aparecen múltiplos y casi múltiplos del largo total de la tabla, esto ha sido interpretado por varios investigadores como un indicio de que la tabla era reciclada varias veces cubriendo períodos más largos. Uno de los estudios más completos del posible uso de la tabla aparece en Bricker y Bricker (2011), ellos consideran que la tabla pudo ser usada varias veces usando algún mecanismo de corrección similar al usado en la tabla de Venus del mismo códice. Sin embargo hay múltiplos de 31 y 39 veces el largo de la tabla y es difícil que la tabla pueda ser usada con éxito por períodos tan largos.

Lo que debió ser un trabajo formidable para los primeros investigadores se vuelve cada vez más accesible con el uso de computadoras y modelos matemáticos para simular el cielo que se han ido perfeccionando al pasar los años, lo cual justifica revisar los cálculos para comprender el alcance y significado de estos estudios.

Otra motivación para el presente estudio es que no todos han llegado a las mismas conclusiones. Dependiendo de las preferencias y suposiciones hechas es posible encontrar evidencias a favor de distintas hipótesis.

En la actualidad la mayoría de investigadores consideran que la correlación entre calendarios maya y juliano GMT está bien establecida y desarrollan su interpretación con esta base, interpretación que se ve complicada por el hecho de que usando esta correlación el registro de eclipses de la tabla no corresponde con eclipses visibles desde el área ocupada por la civilización maya. Otros opinan que el hecho de que la tabla de eclipses no corresponda con eclipses observables desde Yucatán es motivo para dudar de la correlación entre calendarios, y buscan series de eclipses de sol o de luna a lo largo de la historia que correspondan con la tabla, y proponen nuevas correlaciones en base a estas observaciones (Macri & Vail, 2009).

Aunque la correlación GMT se basa en sólidos argumentos etno-históricos, se pueden imaginar razones para que distintos pueblos mesoamericanos llevaran fechas distintas producto de errores, omisiones, discrepancias políticas o filosóficas, aislamiento o alguna otra razón (por ejemplo que la tabla esté "encriptada" y sólo los iniciados sepan qué número agregar a la fecha inicial). Después de todo, se sabe que el códice fue escrito alrededor del siglo XIII y hace referencias a eventos sucedidos en el siglo VIII, es probable que algo haya sucedido en ese tiempo que obscurezca la fecha inicial. De hecho una de las cuatro fechas iniciales de la tabla contiene errores que no se pueden conciliar, y en la práctica se deja de lado para no complicar más las cosas.

Por estos motivos es válido investigar si hay series de eclipses observables desde la región ocupada por la civilización maya que coincidan con la secuencia de la tabla de eclipses en el códice, y reunir en un mismo estudio las evidencias en favor de las posibilidades que surgen en respuesta a las interrogantes: ¿son eclipses de sol o de luna? ¿Es un registro de eclipses observados o un instrumento para predecir eclipses? tomando en cuenta que estas opciones no son necesariamente excluyentes.

El punto de mayor interés para nuevos estudios de la tabla de eclipses son las diez figuras que se encuentran intercaladas entre los 69 intervalos de 177 y 148 días. Si la tabla del códice fuera solamente un instrumento para predecir posibles eclipses, estas figuras no están puestas en el mejor lugar posible (estadísticamente), sin embargo el número de días transcurridos entre una figura y otra sí corresponden a períodos entre eclipses observables desde una localidad particular en el planeta (como puede verse consultando un catálogo de eclipses). Además, son tan elaboradas y contienen tanto detalle que todavía no ha sido del todo esclarecido por los estudios de epigrafía, que cuesta mucho creer que son adornos que no dicen nada sobre cómo se vio el cielo en esas fechas.

Materiales y métodos

Para estudiar la coincidencia de tabla de eclipses en el códice con el catálogo de eclipses de sol o de luna ocurridos durante el intervalo del año cero al año 1500 se genera una serie de fechas de presuntos eclipses sumando los 69 intervalos que hay en la tabla a una fecha inicial. Las fechas en el códice están dadas en el sistema llamado "cuenta larga" que es el número de días transcurridos desde el comienzo de una era. Según la correlación GMT el inicio de la cuenta larga sería el 11 de agosto del año 3114 AC en el calendario gregoriano. Este sistema es semejante al sistema llamado la cuenta de días julianos usado actualmente en astronomía. Este sistema usa el número de días transcurridos desde una fecha inicial que corresponde al 24 de noviembre del 4714 AC (calendario gregoriano). La relación entre la cuenta larga y el número de días julianos se obtiene sumando una "constante de correlación" al número en la cuenta larga para obtener el número de día juliano.

La fecha inicial de la tabla en la cuenta larga es: 1,412,848 días. Sumando la constante de correlación GMT (584,283) se obtiene el número de día juliano 1,997,131 que corresponde al 10 de noviembre del 755 (en el calendario gregoriano).

Para obtener una estadística de qué tanto coincide la tabla de eclipses con el registro de eclipses ocurridos hacemos coincidir la fecha inicial de la tabla con el primer eclipse ocurrido en el año cero de esta era y notamos las coincidencias en la serie de eclipses generada sumando los 69 intervalos a esta fecha inicial. Luego hacemos coincidir la fecha inicial del códice con la fecha del segundo eclipse sucedido en el año cero y repetimos el procedimiento, y así sucesivamente repitiendo el procedimiento con cada eclipse sucedido hasta llegar al último eclipse en el 1500 de esta era. Esto equivale a variar la constante de correlación desde un valor de 308,211 hasta un valor de 856,075, es decir una variación de 1,500 años.

El objetivo de variar tanto la constante de correlación es averiguar cuántas series de eclipses han suce-

dido que coinciden con los datos de la tabla (es decir, qué tan buen instrumento de predicción es). Para ello se define la variable "coincidencia exacta", que aumenta en una unidad por cada fecha en la serie generada que también se encuentra en el catálogo de eclipses, y se define la variable "coincidencia" que aumenta en una unidad por cada fecha en la serie generada que se encuentra dentro de un intervalo de ± 1 día de una fecha en el catálogo de eclipses. Esta ventana de ± 1 día es motivada por las fechas en el códice, dadas como tres días consecutivos en el calendario. Primero se consideran como fechas iniciales las que aparecen escritas en el códice, según la correlación GMT (y GMT +2). Luego se repite esta operación tomando como fecha inicial todas las fechas de eclipses en el catálogo de eclipses de sol y de luna sucedidos en el período del año cero al 1500, con lo cual se obtiene una distribución para la variable coincidencia a nivel global (Figura 2).

Algunos investigadores (Bricker & Bricker, 2011) consideran que la aparición de al menos tres fechas iniciales separadas por 15 días sugiere que la ventana para una posible estación de eclipses debe considerarse como 30 días. Hay que notar que con una ventana tan grande, y considerando cualquier eclipse, sea visible o no en el área maya, la tabla no falla en predecir eclipses que sí suceden, aunque predice eclipses que no suceden.

El procedimiento se repite para los catálogos de eclipses visibles desde varias localidades en Mesoamérica: Copán, Chichén Itzá, Palenque, Piedras Negras, Quiriguá, Tikal, Yaxchilán y La Venta. La principal diferencia es que un eclipse que es total o anular en una ciudad, puede que sea solo parcial o no visible en otra. Para las tablas y gráficas que ilustran este informe se toma una posición central en el área de estudio: 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste (cerca del sitio arqueológico La Misteriosa en Campeche), y algunas variantes según la posición se mencionan en la discusión de resultados.

Finalmente se repite el procedimiento anterior tomando sólo los intervalos entre las 10 figuras y comparándolos con el catálogo de eclipses visibles desde la región ocupada por la civilización maya. La idea es estudiar la posibilidad de que las 10 figuras correspondan con fenómenos observables desde alguna ciudad maya.

Catálogo de eclipses de sol y luna

El presente estudio utiliza los catálogos de eclipses producidos por Espenak y Meeus (2006; 2009) publicados por la Agencia Espacial Estadounidense (NASA) que contienen tablas con información sobre eclipses de sol y de luna calculados en un período de 5,000 años (desde el -1999 hasta el 3000), el cual está disponible en el sitio web de la NASA, donde también se encuentra la aplicación: *Javascript solar(lunar) eclipse explorer*, que permite generar catálogos de eclipses visibles desde una localidad en particular, y fue usado para generar los datos de eclipses visibles desde varias ciudades mayas del período clásico.

Durante el período estudiado hubo 3,612 eclipses de luna y 3,541 eclipses de sol. Considerando solo los eclipses visibles desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste tenemos 540 eclipses de sol y 1,638 eclipses de luna visibles en el mismo período.

Los catálogos de Espenak y Meeus fueron calculados usando la teoría de variaciones seculares en las órbitas planetarias, conocida como VSOP87. La primera versión fue publicada por Bretagnon (1982). La posición de la luna es calculada usando la teoría ELP 2000/82 de Chapront-Touzé y Chapront (1983). Para modelar el tamaño y la forma de la sombra de la luna se usa el método de Danjon (1951). Las incertezas en estos modelos son mucho menores a la incerteza causada por el hecho de que la velocidad de rotación de la tierra cambia debido a fuerzas de marea causadas por la luna.

El tiempo en los cálculos es una unidad uniforme TD (*terrestrial dynamical time*), mientras que las fechas en días se llaman tiempo universal UT por sus siglas en inglés. El problema es que la duración del día va cambiando con el tiempo. Esta diferencia $\Delta T = TD - UT$ se conoce bien para épocas recientes, y existen modelos para épocas anteriores que son ajustados usando eclipses y otros fenómenos astronómicos registrados por distintas civilizaciones a lo largo de la historia. Esta es la principal causa de incerteza en determinar la visibilidad de un eclipse.

Además del catálogo de eclipses hemos usado el programa de código abierto *Stellarium* versión 0.13 que simula el cielo usando los mismos modelos VSOP87 y ELP82 y a partir de la versión 0.12 incluye también el modelo para calcular ΔT, lo cual permite comprobar los datos del catálogo y observar el cielo durante los eclipses estudiados. Ver la posición de las estrellas y planetas al momento de un eclipse es importante para tratar de asociar la iconografía en la tabla con eventos astronómicos. Esta información no la proporciona el catálogo de eclipses.

La tabla de eclipses en el códice de Dresden

La tabla de eclipses ocupa las páginas 51 a la 58 del códice y cubre un intervalo de 11,960 días (32.75 años), y comprende 405 lunaciones (La numeración correcta es de la página 30 a la 37, pero en la literatura se quedó la numeración usada por los primeros investigadores). Cada página está dividida a la mitad por una línea horizontal de color rojo (en el original). La Figura 1, adaptada de la versión de Gates (1932) muestra las distintas secciones. La tabla se lee primero en la mitad de arriba de 51(a) a 58(a) y luego se pasa a la mitad de abajo de 51(b) a 58(b).

De la página 53(a) a la 58(b) hay 69 columnas (sin contar las 10 figuras), cada una empieza con un texto de dos glifos, luego un número en color negro que es un número de días acumulado hasta ese punto en la tabla, seguido de tres fechas consecutivas del tzolk´in y finalmente el número correspondiente a 177 o 148, que en notación maya se escriben (8.17) y (7.8) respectivamente. El total acumulado en una columna dada se obtiene sumando el total de la columna anterior al intervalo 177 o 148 de la columna en cuestión (algunas veces el número sumado es 178 aunque siempre se escribe 177).

En las páginas 51(a) y 52(a) hay siete columnas con múltiplos y quasi múltiplos del largo de la tabla (L = 11,960) escritos en números negros y rojos entrelazados. Los números que aparecen son: 1L+1820, 2L, 3L, 4L, 5L, 6L + 120, 16L, 17L, 18L, 31L + 260 y 39L. Esto se ha interpretado como un indicio de que la tabla era reciclada varias veces (Aveni, 2001). El múltiplo 39L corresponde a 1,277 años.

Las últimas dos columnas de la página 52a contienen cuatro fechas en la cuenta larga, cada columna tiene dos fechas entrelazadas, una en rojo y otra en negro en el original (gris o negro en la Figura 1). En la última columna aparece en color negro la fecha (9.16.4.10.8) 12 lamat, el número en rojo es (9.16.4.11.3) 1 ak´abal (15 días después de 12 lamat), 15 días después se llega a la fecha escrita en negro (9.16.4.11.18) 3 etz´nab. La cuarta fecha en la página 52(a) no sigue este patrón y es probable que contenga errores de escritura (Bricker & Bricker, 2011).

Según la correlación GMT, la fecha 12 lamat corresponde al 10 de noviembre del 755 (calendario gregoriano), o bien al 6 de noviembre del 755 en el calendario Juliano, en uso antes de 1582 y usado en las tablas de eclipses de Espenak y Meeus. Esta fecha corresponde al día juliano: 1997130.5 (el número de día juliano empieza al medio día de Europa, por eso la fracción de medio día)

Intervalos en la tabla de eclipses

Empezando en la página 53(a) y terminando en la página 58(b) hay 69 columnas que terminan en el número 177 o 148, las columnas que terminan con el número 148 (7.8 en notación maya) siempre anteceden una figura. Hay 10 figuras intercaladas entre los 69 intervalos que tienen textos jeroglíficos más extensos en la parte superior (Figura 5). La Tabla 1 muestra los 69 intervalos de 177 y 148 días, así como el total de días entre cada figura. Estos totales no están escritos explícitamente en el códice, pero son intervalos que suceden entre eclipses visibles desde un mismo lugar, como puede verse en la Tabla 4 elaborada a partir del catálogo de eclipses visibles desde una localidad en Yucatán.

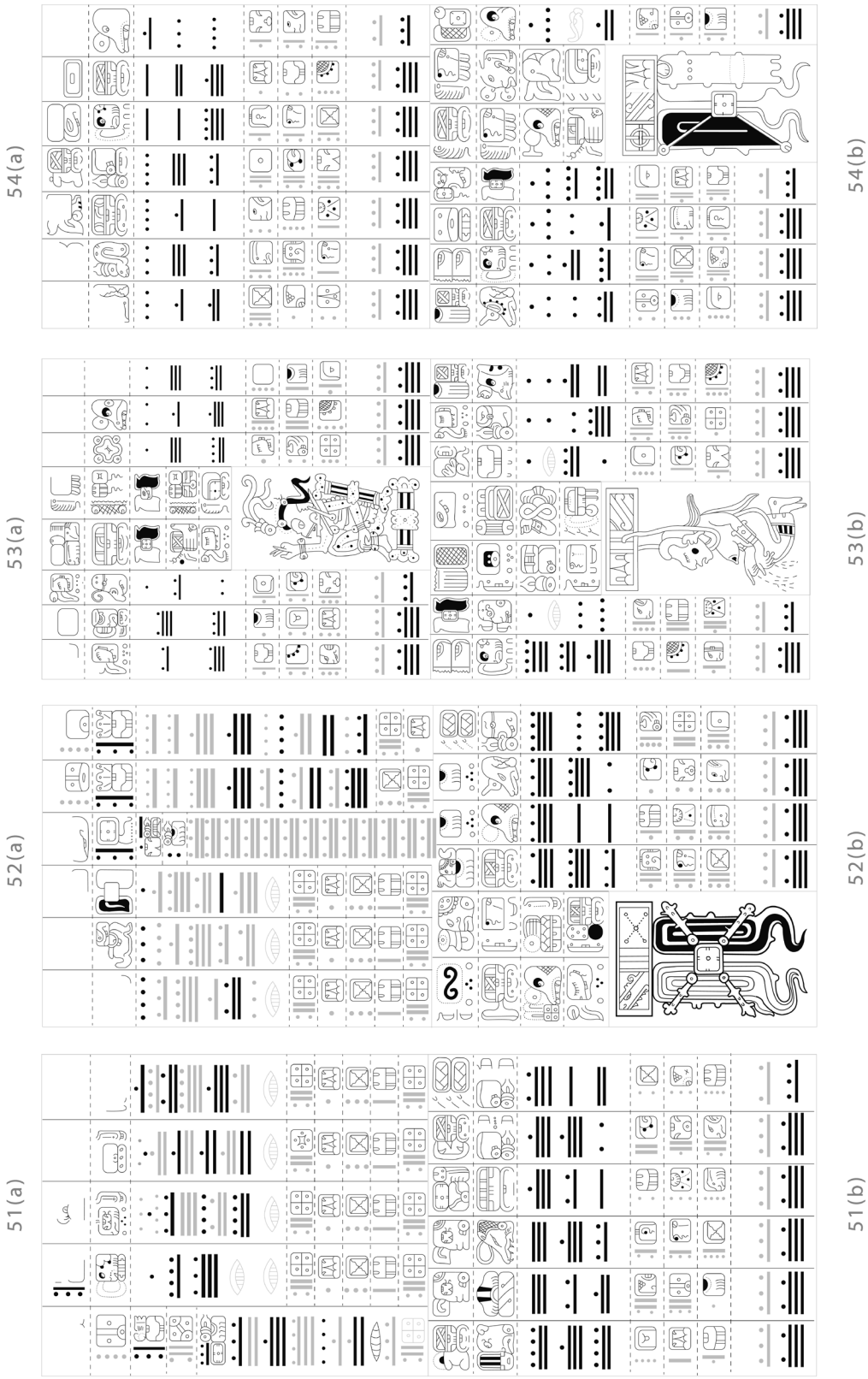
Resultados

Coincidencias de 69 fechas con eclipses de sol y de luna, tomando como punto de partida fechas en el códice.

En la Tabla 2 se muestra el número de coincidencias dentro del rango ± 1 día de 69 fechas de presuntos eclipses con el catálogo de eclipses de luna y el de eclipses de sol, tomando como fecha inicial tres de las fechas que aparecen en la página 52(a) del códice: (9.16.4.10.8) 12 lamat, (9.16.4.11.3) 1 ak´abal, y (9.16.4.11.18) 3 etz´nab. La fecha en días julianos es según la correlación GMT. Estas fechas están separadas por 15 días. Es importante notar que no hay ninguna correlación exacta en las series de eclipses generadas a partir de estas fechas con los eclipses en los catálogos.

Coincidencias de 69 intervalos comparando con el registro de todos los eclipses de sol y de luna ocurridos del año cero al año 1500.

En el período del año cero al 1500 de esta era hubo 3,612 eclipses de luna y 3,541 eclipses de sol. La Figura 2 muestra la distribución de coincidencias exactas y coincidencias dentro del rango de ± 1 día de las series de fechas de eclipses generadas sumando los


54(a)
54(b)
53(a)
53(b)
52(a)
52(b)
51(a)
51(b)

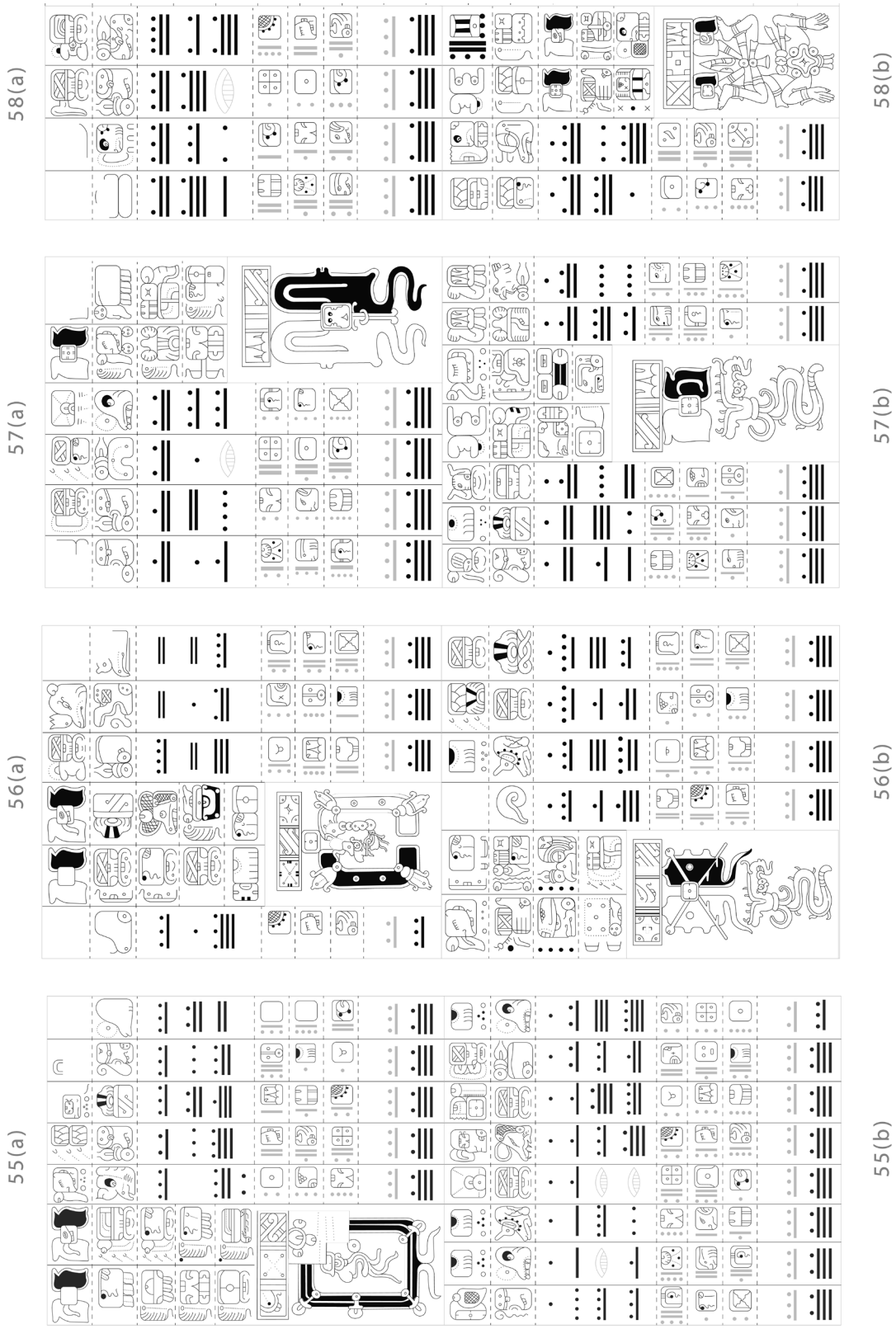


Figura 1. La tabla de eclipses, páginas 51 a 58 del códice de Dresden. Adaptado de la versión de Gates (1932).

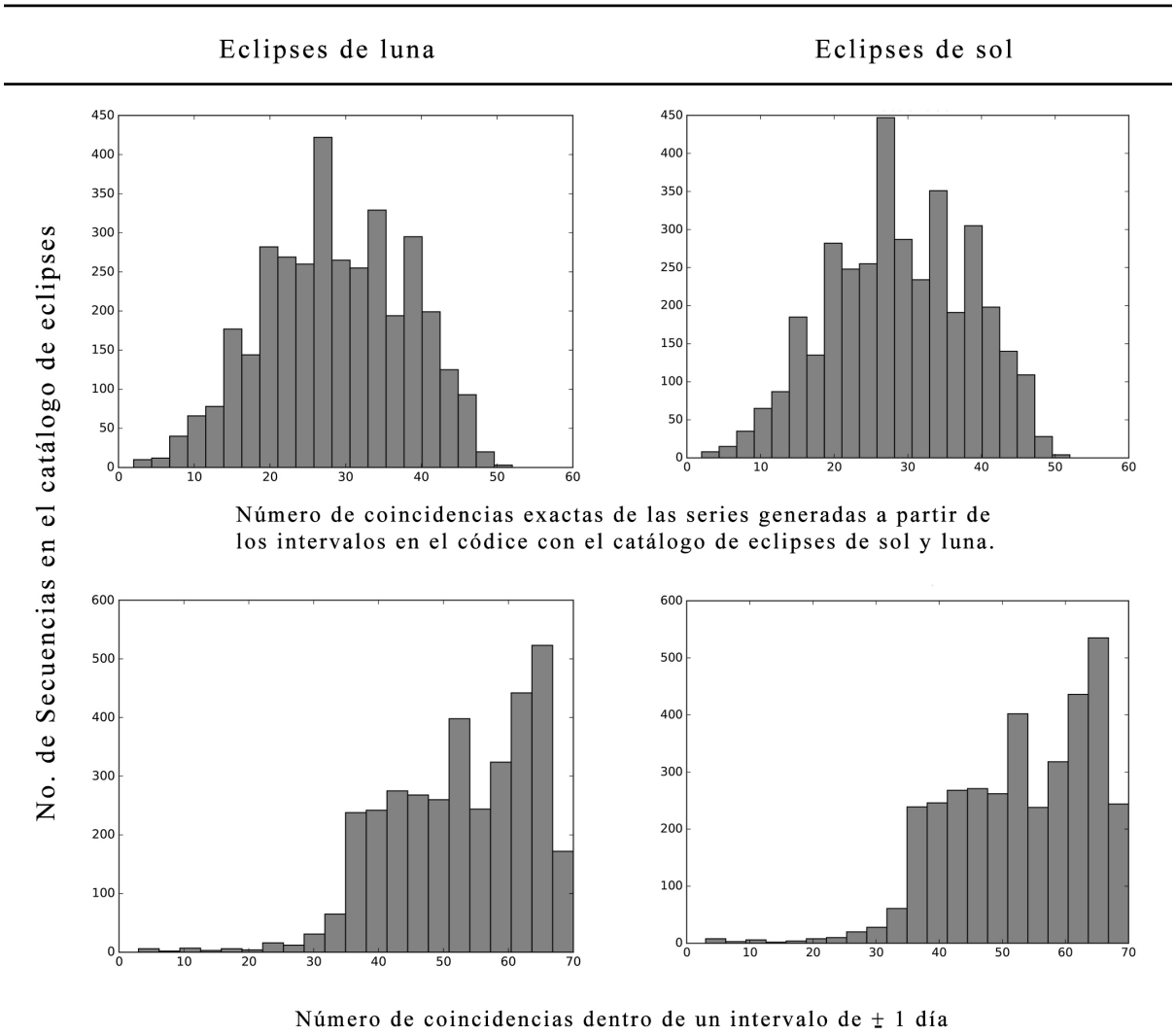


Figura 2. Coincidencias de 69 intervalos con el catálogo de eclipses de luna y eclipses de sol del año cero al 1500.

69 intervalos del códice a cada entrada de los catálogos de eclipses de sol y luna en el período estudiado.

Coincidencias de 69 intervalos comparando con el catálogo de eclipses de sol y de luna visibles desde la localidad 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste.

Durante el período del año cero al 1500, el catálogo de eclipses de luna visibles desde esta localidad comprende 1,638 eclipses. El catálogo de eclipses de sol visibles desde la misma región tiene 540 eclipses. La Figura 3 muestra la distribución del número de coincidencias en las series de eclipses generadas con los catálogos de eclipses de sol y de luna vistos desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste (sólo se muestran coincidencias dentro del intervalo de 1 día).

La mayor cantidad de coincidencias con eclipses de sol es una serie con 20 aciertos, una con 19 y dos con 18. La mayor cantidad de coincidencias con eclipses de luna son cuatro series con 42 coincidencias y 12 series con 41.

Tabla 1

Intervalos en la tabla de eclipses del códice

Intervalos (días)	Figura	Total (días)
177, 177, 148	53a	502
177, 177, 177, 177*, 177, 177, 177, 177, 177, 148	55a	1,734
177*, 177, 177, 177, 177, 148	56a	1,034
177, 177, 177, 177*, 177, 177, 148	57a	1,211
177, 177, 177*, 177, 177, 177, 177, 177, 177, 148	52b	1,742
177*, 177, 177, 177, 177, 148	53b	1,034
177, 177, 177, 177, 177, 177, 148	54b	1,210
177, 177, 177*, 177, 177, 177, 177, 177, 148	56b	1,565
177, 177*, 177, 177, 177, 177, 148	57b	1,211
177, 177, 177, 177	58b	708

*Nota.**en ocasiones se suma 178 aunque el número anotado es 177

Tabla 2

Coincidencias de 69 intervalos en el códice con el catálogo de eclipses.

Fecha en días julianos	Coincidencias (Eclipses de luna)	Coincidencias (Eclipses de sol)
1997130.5	0	15
1997145.5	43	0
1997160.5	0	38

Coincidencias de fechas asociadas a las 10 figuras.

La Figura 4 muestra la distribución del número de coincidencias en la serie de fechas correspondientes a los intervalos entre las diez figuras de la tabla de eclipses con los catálogos de eclipses de sol y luna visibles desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste durante el período del año cero al año 1500.

Para los eclipses de luna observados desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste, la mayor cantidad de coincidencias son 14 series con coincidencia de las diez fechas asociadas a figuras, y 98 series con nueve coincidencias.

Considerando solo los eclipses de sol visibles desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste se encuentran ocho series con seis coincidencias de las 10 fechas asociadas a figuras. Estas series sucedieron en los años 50, 267, 350, 994, 1048, 1102 1142 y 1348.

La mayor cantidad de coincidencias encontrada es de siete coincidencias exactas en los eclipses observados desde las ciudades de Palenque, Piedras Negras y La Venta. Esta serie de siete coincidencias exactas inicia en el día juliano 2123848 que corresponde al 20 de octubre del 1102, muy cerca de la fecha en la que se piensa fue escrito el códice, pero que está casi 347 años más adelante que la fecha del año 755 dada en el inicio de la tabla.

Intervalos entre eclipses, datos globales

La Tabla 3 muestra los intervalos que suceden entre eclipses de luna y eclipses de sol a nivel global y el porcentaje de eclipses en cada rango para el período desde el año cero hasta el año 1500 en el que sucedieron 3,612 eclipses de luna y 3,541 eclipses de sol.

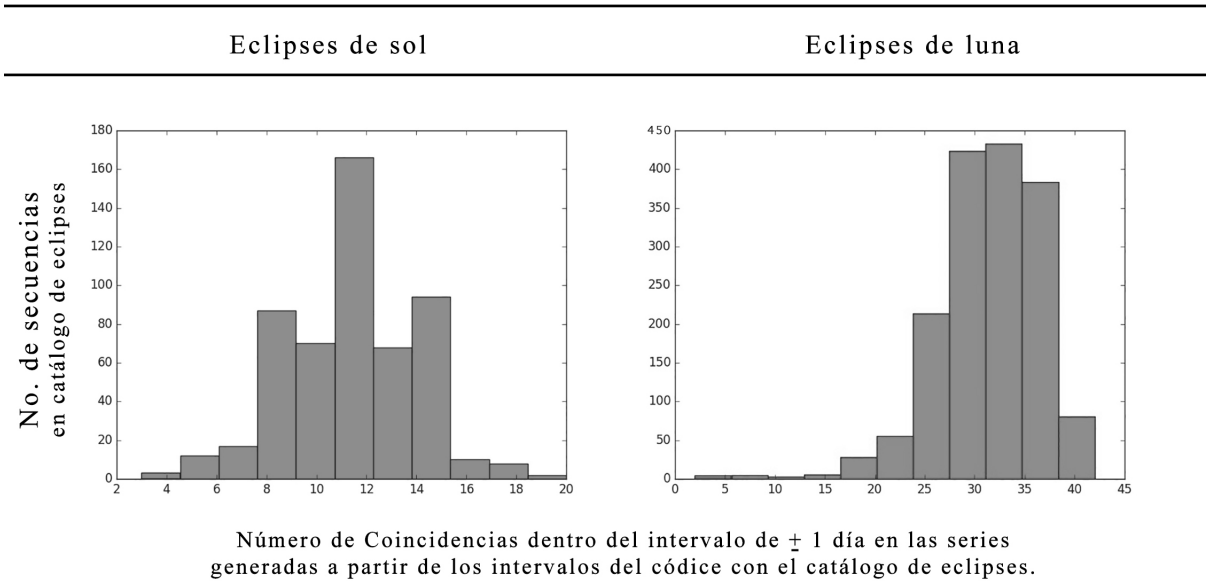


Figura 3. Coincidencias de 69 intervalos con los catálogos de eclipses de sol y luna visibles desde la posición

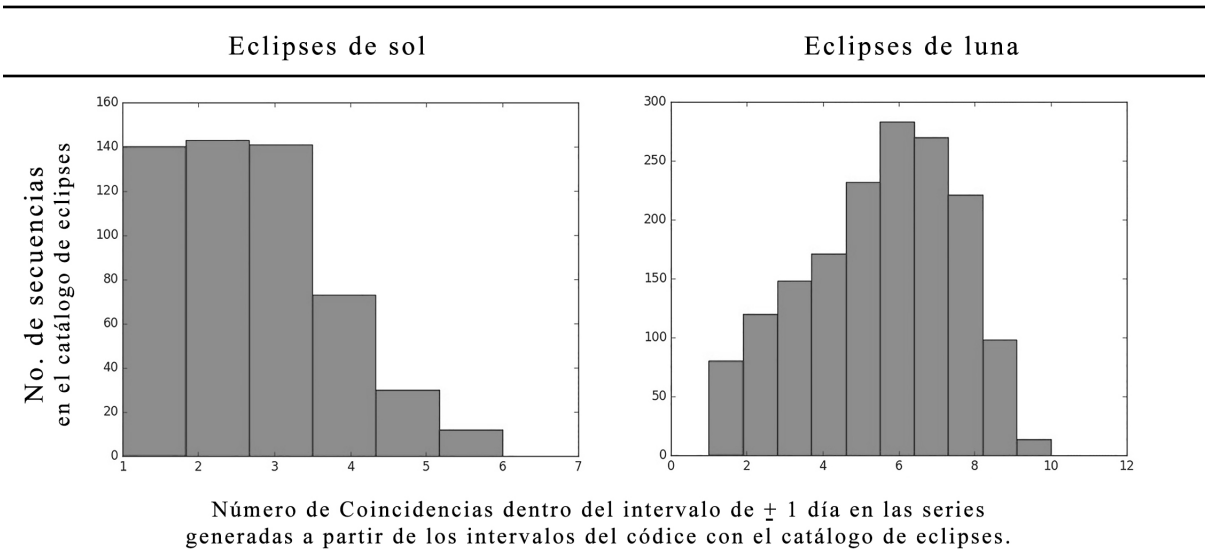


Figura 4. Coincidencias de fechas asociadas a las 10 figuras con eclipses de sol y luna vistos desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste.

Tabla 3

Estadística de intervalos entre eclipses de sol y luna

Intervalo (días)	Lunar (%)	Solar (%)
29	6.56	5.9
30	5.89	4.8
146	0.33	0.39
147	8.75	7.77
148	11.71	11.15
149	3.16	3.08
176	12.07	12.62
177	30.12	31.83
178	20.4	21.4
179	1	1

Intervalos entre eclipses visibles desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste.

La Tabla 4 muestra los intervalos entre eclipses de sol y luna y el porcentaje de eclipses sucedidos en cada intervalo, vistos desde la posición 18° latitud Norte, 90° 30í longitud Oeste para el período desde el año cero hasta el 1500 en el que fueron visibles 540 eclipses de sol y 1638 eclipses de luna.

Discusión

¿Es un instrumento de predicción?

La Tabla 2 muestra que hay pocas coincidencias con el catálogo de eclipses tomando las fechas en el códice como puntos de partida de los 69 intervalos (según la correlación GMT). Lo más notable es que no hay eclipses en las fechas iniciales. Esta es la principal razón que ha llevado a varios investigadores a suponer que la tabla es un instrumento para la predicción de eclipses, y que las fechas que aparecen en el códice, que son más de 500 años anteriores a la fecha en la que se piensa fue escrito el códice, son fechas que se obtuvieron restando un múltiplo del largo de la tabla a una fecha más contemporánea al manuscrito. Como se ve en la Tabla 2 unas fechas iniciales sirven más para predecir eclipses de sol, y la otra predice más eclipses de luna.

La Tabla 3 muestra que los intervalos de 176,177,178,147 y 148 son los intervalos entre eclipses que más suceden a nivel global. La Figura 2 muestra que considerando la ventana de más menos un día se logran más de 50 coincidencias en promedio, con una distribución sesgada hacia valores de coincidencia más altos. Sin embargo su poder de predicción no es tan bueno a nivel local como lo muestra la Figura 3 con valores medios de 11 coincidencias de 69 para eclipses de sol, y 33 de 69 para eclipses de luna. Es notable que la tabla de eclipses del códice no contiene el intervalo de 30 días, que debería aparecer en promedio la mitad de veces que aparece el intervalo de 148 días. Esto es consistente con la idea (Bricker & Bricker, 2011) de que las fechas al inicio de la tabla separadas por 30 días implican que la tabla se concentra en ventanas de 30 días alrededor de la fecha central dada por los 69 intervalos.

La tabla de eclipses en el códice es un buen instrumento de predicción a nivel global, tanto de eclipses de sol como de luna dependiendo si la fecha inicial es cercana a la luna nueva o la luna llena. Sin embargo la mayoría de eclipses no serían visibles en la región ocupada por la civilización maya. La justificación dada para esta idea es que no importaría mucho predecir un eclipse y que no ocurra, pero que ocurra un eclipse sin haber sido previsto sería una falta mayor.

Tabla 4

Estadística de intervalos entre eclipses visibles en 18° latitud Norte, 90.5° longitud Oeste

Intervalo (días)	Eclipses de sol (%)	Eclipses de luna (%)
148	0.1855	0.061
177	12.8	54.96
(354)	12.614	14.64
502	6.49	9.82
(531)	7.6	2.87
708	0.556	0.66
(857)	5.57	3.23
1,034	12.8	1.769
1,211	9.646	0.24
(1,388)	7.98	0.061
1,565	6.3	0
1,742	2.04	0

Los intervalos entre paréntesis son notables por no aparecer en el códice, a pesar de tener un alto porcentaje.

Algunos investigadores concluyen que el hecho de que no hayan coincidencias con eclipses es una indicación de que la correlación entre calendarios GMT no aplica en el caso del códice (Böhm, Böhm, Klokočník, Vondrák, & Kostelecký, 2012).

¿Es un registro de eclipses observados?

Es evidente que los 69 intervalos no pueden ser un registro de eclipses de sol, ya que no es posible observar tantos eclipses de sol desde una localidad en particular en un período de 33 años. No hay ninguna serie de eclipses de sol o de luna (visibles desde la región de estudio) en el período del año cero al 1500 que coincida con los 69 intervalos. Los datos de la Figura 3 muestran que el valor máximo de coincidencias vistas desde la región de interés para eclipses de sol es de 20 de 69, y para eclipses de luna es 44 de 69.

La distribución de los 69 intervalos en el códice no es típica de la distribución de intervalos entre eclipses observados en la región de estudio. Usando los porcentajes de la Tabla 4 se pueden calcular las probabilidades de aparición de cada intervalo en una distribución multinomial y compararlos con la distribución de 69 intervalos en el códice. En particular el intervalo de 148 días ocurre sólo una vez en los eclipses de sol o de luna en el período del año cero al 1500 por lo que es muy improbable que aparezca en una muestra de 69 intervalos, y en el códice aparece nueve veces. Además hay muchos otros intervalos con relativamente alta probabilidad que no aparecen en el códice. Esto implica que los 69 intervalos no son un registro de eclipses observados. Lo cual nos lleva a considerar los intervalos entre las 10 figuras.

La Tabla 4 muestra que los intervalos entre las 10 figuras sí corresponden al patrón de intervalos entre eclipses visibles desde la región de estudio. Vemos que los intervalos entre las 10 figuras en el códice aparecen para eclipses de luna y de sol, pero los intervalos de

1,563 y de 1,742 días aparecen sólo en los eclipses de sol. Los intervalos de 1,034 y 1,211 días son más probables en los eclipses de sol que en eclipses de luna. Esto indica que la serie de eclipses asociada a las 10 figuras en el códice se parece más a la distribución de eclipses de sol vista desde la región de interés.

El hecho de que haya varias series de eclipses de luna que coinciden con los intervalos (Figura 4) se debe a que hay varios eclipses de luna intermedios que no tienen figura. Por ejemplo, nunca sucede que transcurran 1,563 o 1,742 días entre dos eclipses consecutivos de luna, pero puede que varios eclipses consecutivos tengan el primer y el último eclipse separados por 1,563 o 1,742 días. No hay una serie de eclipses de sol que coincida con las 10 figuras, la mayor cantidad de coincidencias es de siete en los datos de eclipses visibles desde las ciudades de Palenque, Piedras Negras, Yaxchilán y La Venta. Sin embargo hay 14 series de eclipses de luna en las que coinciden todas las figuras (y 98 series con nueve coincidencias), esto llevó a Verbelen (2006) a concluir que las 10 figuras se refieren a eclipses de luna. Estudiando el cielo durante estas series de eclipses encontró algunas similitudes entre el cielo y las figuras en una de estas series y propone una nueva constante de correlación en base a estas observaciones.

Otras razones a favor de que las figuras correspondan a eclipses de sol son que las fechas iniciales en la tabla corresponden mejor con eclipses de sol, que los dibujos contienen el glifo del sol, y que hay referencias a Venus en las figuras. Venus aparece siempre cerca del sol, y nunca se vería al mismo tiempo que un eclipse de luna. Tiene más sentido que hayan más eclipses aunque algunos no hayan sido observados y anotados como figuras, que pensar que un eclipse que no sucedió fuera anotado, lo cual hace pensar que no todas las figuras se refieren a eclipses de sol. Algunos investigadores opinan que no todas las figuras se refieren a eclipses, por ejemplo Lounsbury (1978) propone que la última figura en la página 58(b) donde aparece una representación de Venus se refiere a un evento anacrónico a la tabla. La inclusión de eventos anacrónicos complica la tarea de encontrar la coincidencia histórica. Otra circunstancia que complicaría todo es si los eclipses anotados fueron observados en distintos lugares, en vez de todos desde la misma localidad. Aún más compleja es la opinión de los Bricker y Bricker (2011), que consideran una versión extendida de la tabla que contiene los intervalos iniciales, y los múltiplos de la tabla, y proponen que algunas figuras no tienen sentido durante la primera pasada de la tabla, pero sí en alguno de los múltiplos siguientes.

¿Es un registro de eclipses de sol, de luna o combinado?

Las fechas dadas explícitamente por los 69 intervalos en la tabla de eclipses no pueden ser un registro combinado de eclipses de sol y luna ya que los intervalos son de cinco o seis lunaciones enteras, y entre eclipses de sol y luna deberían haber intervalos que son múltiplos impares de 15 días aproximadamente (el tiempo entre luna nueva y luna llena). La Tabla 2 ilustra esto explícitamente para las fechas de eclipses en el códice separadas por intervalos de 15 días. Unas fechas coinciden más con eclipses de sol y ningún eclipse de luna, mientras que otra fecha separada de estas por un intervalo de 15 días tiene más coincidencias con eclipses de luna pero ningún eclipse de sol. Esto también se comprobó mezclando los catálogos de eclipses de sol y de luna y buscando coincidencias en esta base de datos combinada. Como resultado no se halló ninguna serie nueva con eclipses combinados que coincida mejor con los intervalos en el códice.

Sin embargo cinco de las 10 figuras muestran un par de glifos de eclipse de sol y eclipse de luna juntos, apoyando la idea de que las fechas iniciales de la tabla separadas por 15 días llaman la atención sobre ventanas de tiempo que abarcan pares de eclipses de sol y de luna separados por 15 días.

Conclusión

Los intervalos entre las 10 figuras son intervalos que podemos encontrar en la distribución de eclipses de sol observados desde la región ocupada por la civilización maya (Tabla 4). Los datos de eclipses de sol visibles desde la región de estudio muestran un promedio de 11 coincidencias de eclipses de sol de un total de 69 en el período del año cero al 1500 (Figura 3), lo cual es consistente con que las 10 figuras hagan referencia a eclipses de sol. Ninguna serie de eclipses generada con los intervalos entre figuras tiene más de siete coincidencias con el catálogo de eclipses de sol visibles en la región de estudio en el período estudiado, por lo que no todas las figuras pueden ser asociadas a eclipses de sol.

Hay cinco figuras con glifos de eclipse de sol y eclipse de luna, tres figuras en las que no aparece en el texto el glifo de eclipse (aunque aparece en la figura en forma estilizada), y dos figuras en las que el glifo de eclipse de sol aparece en la columna anterior a la figura

pero no en el texto que acompaña la figura, lo cual hace pensar que no todas las 10 figuras se refieren al mismo tipo de fenómeno.

La tabla es un buen instrumento para predecir eclipses a nivel global, pero no para predecir eclipses localmente ya que los 69 intervalos no corresponden a un registro de eclipses observados desde el área ocupada por la civilización maya. Las fechas dadas por los 69 intervalos corresponden a eclipses de sol, o de luna, pero no ambos. Dependiendo si la fecha inicial está cerca de la luna nueva o la luna llena. Sin embargo si se considera que las fechas separadas por 15 días al inicio de la tabla establecen una ventana de 30 días, es posible que algunas de las figuras se refieran a pares de eclipses separados por 15 días.

Tomando las fechas que aparecen en el códice según la correlación GMT no hay coincidencias con eclipses de sol o de luna, sin embargo, a lo largo de la historia han habido varias series de eclipses de luna que coinciden con los intervalos dados por las 10 figuras, y algunas series de eclipses de sol con seis coincidencias, y una serie de eclipses solares con siete coincidencias exactas. De forma que si las 10 figuras en la tabla son un registro histórico de eclipses, podría ser una de estas series con alta coincidencia, aunque es más probable que las fechas del códice están corridas por algún motivo que pensar que es la correlación entre calendarios la que hay que cambiar.

El esquema que surge es que los intervalos de 177 días son fechas en las que se espera que haya eclipse, y las 10 figuras insertadas dentro de la serie podrían referirse a eclipses de sol que si sucedieron, varios de los cuales son notables por ser pares de eclipses con un eclipse de luna sucediendo a un eclipse de sol unos 15 días después, aunque no todas las 10 figuras involucren eclipses de sol, ya que no hay series en el catálogo de eclipses vistos desde la región de estudio que coincidan con las 10 figuras.

Aunque la correlación GMT está bien establecida por varios medios, el hecho de que hayan series de eclipses de sol visibles desde varias ciudades mayas con seis o más coincidencias exactas con los intervalos entre las 10 figuras en la tabla, cerca de la época en la que se piensa fue escrito el códice, justifica un estudio más detallado del cielo durante estos eclipses para buscar alguna correlación con los detalles tan particulares que se muestran en las figuras.

Agradecimientos

Esta investigación fue cofinanciada por Digi-Usac-2017, Proyecto: 4.8.63.3.13.

Referencias

Aveni, A. (2001). *Skywatchers of Ancient Mexico*. Austin: University of Texas Press.

Böhm, V., Böhm, B., Klokočník, J., Vondrák, J., & Kostelecký, J. (2012). Dating of Mayan calendar using long periodic astronomical phenomena in Dresden codex. *Serbian Astronomy Journal* (186)53-64 doi: 10.2298/SAJ121221001B

Bretagnon, P. (1982). Theory for the motion of all the planets – The VSOP82 solution. *Astronomy & Astrophysics*, *114*(2), 278-288.

Bricker, H., & Bricker, V. (2011). *Astronomy in the Maya codices.* Philadelphia: American Philosophical Society.

Chapront-Touzé, M., & Chapront, J. (1983). The lunar ephemeris ELP-2000. *Astronomy & Astrophysics*, *124*(1), 50-62.

Danjon, A. (1951). Les éclipses de lune para la pénombre en 1951. *L´Astronomie*, 65, 51-53.

Espenak, F., & Meeus, J. (2006). *Five millennium catalog of solar eclipses* (NASA/TP-2006-214174. Hanover: NASA Center for AeroSpace Information.

Espenak, F., & Meeus, J. (2009). *Five millennium catalog of lunar eclipses* (NASA/TP--2009-214173). Hanover: NASA Center for AeroSpace Information.

Forstemann, E. (1906). *Commentary on the Maya manuscript in the Royal Public Library of Dresden*. Cambridge: Harvard University Press.

Gates, W. (1932). *The Dresden Codex.* Baltimore: The Maya Society at the Johns Hopkins University.

Satterthwaite, L. S., & Ralph, E. K. (1960). Radiocarbon dates and the Maya correlation problem. *American Antiquity, 26*, 165-18.

Lounsbury, F. (1978). Maya numeration, computation and calendrical Astronomy. *Dictionary of Scientific Biography*, 15, 759-818.

Macri, M., & Vail, G. (2009). *The new catalog of Maya hieroglyphs. The codical texts*. Oklahoma: University of Oklahoma Press.

Meinshausen, M. (1913). Über Sonnen- und mondfinsternisse in der Dresdener Mayahandschrift *Zeitshrift für Ethnologie*, 45, 221-227.

Milbrath, S. (1999). *Star gods of the Maya. Astronomy in art, folklore, and calendars*. Austin: University of Texas Press.

Thompson, J. E. (1972). *A commentary on the Dresden Codex a maya hieroglyphic book.* Philadelphia: American Philosophical Society.

Verbelen, F. (2006). *Eclipses and Supernova 1054 in the Dresden codex*. Grimbergen: MIRA Observatory.

Willson, R. W. (1924) *Astronomical notes on the Maya codices*. Cambridge: Peabody Museum of American Archaeology and Ethnology.

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Ensayo Científico / Scientific Essay

Las malezas, plantas incomprendidas

Weeds, misunderstood plants

Mauricio Guzmán*, Manuel J. Martínez-Ovalle

*Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala.

***Autor al que se dirige la correspondencia:** guzmau@outlook.com

Recibido: 01 de junio 2018 / 1era. Revisión: 24 de agosto 2018 / 2da. Revisión: 15 de noviembre 2018 / Aceptado: 24 de junio 2019

Resumen

Etiquetadas por la agricultura moderna como pestes, las plantas de origen espontáneo, en los campos de cultivos son conocidas como malezas. Una denominación que denota una influencia negativa derivada de la conceptualización del ser humano sobre algunas especies vegetales. Nombrar maleza a una planta es, a juicio de los autores, un criterio sesgado. Un estado del arte poco robusto, sobre las bondades de una especie la condena a ser clasificada como una especie no deseada. En la agricultura moderna lo no deseado es eliminado. Las malezas han sido condenadas desde el inicio mismo de las labores agrícolas. No se les ha dado la oportunidad de mostrar que también pueden proveer bondades a los sistemas de producción. La erradicación de malezas no ha funcionado de forma permanente en los campos de cultivo. Las especies espontaneas se han abierto paso en la agricultura moderna. Han superado adversidades en toda la historia de la agricultura. Siempre presentes en los campos de cultivo las malezas nos desafían a convivir con ellas desde un enfoque diferente. Se han dado ya pasos importantes en la investigación del uso alternativo de estas especies. La investigación que implique la convivencia en detrimento de la eliminación es necesaria. Es momento de dejar de odiar a las malezas e iniciar a comprenderlas como parte importante del ecosistema agrícola.

Palabras claves: Arvense, manejo integrado, herbicida, planta benéfica, maleza

Abstract

Designated by modern agriculture as pests, the spontaneous plants, in the croplands are known as weeds. A denomination that denotes a negative influence on the conceptualization of the human being over some plant species. Naming a plant as weed is according to the authors a biased criterion. A weak state of art, on the kindness of a species condemns it to be classified as an unwanted species. In modern agriculture the unwanted is eliminated. Weeds have been doomed since the beginning of agriculture. They have not been given the opportunity to show that they can also provide benefits to production systems. The eradication of weeds has not been permanently effective in the fields. The spontaneous species have made their way in modern agriculture. They have overcome adversity throughout the history of agriculture. Always present in the fields, weeds challenge us to live with them from a different perspective. Important steps have already been taken in the investigation of the alternative use of these species. Research that implies coexistence to the detriment of elimination is necessary. It is time to stop hating weeds and begin to understand them as an important part of the agricultural ecosystem.

Keywords: Arvense, integrated management, herbicide, beneficial plant, weed

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

El nombrar a una especie vegetal como arvense, mala hierba o maleza es una atribución que el ser humano ha adoptado para designar a un organismo que considera nocivo para sus intereses. Una denominación demasiado severa para una planta que aún no ha sido valorada en sus otras dimensiones. Esa especie puede ser inclusive fundamental en un ecosistema natural no estudiado.

Una especie se convierte en maleza al interferir con el desarrollo de las plantas de interés en un sistema agrícola. Un cultivo domesticado por el hombre creciendo de forma solitaria, es una imagen difícil de concebir, aun cuando el ser humano tiende a eliminar lo que le molesta. Las malezas son el resultado de procesos evolutivos tanto naturales como inducidos por el propio ser humano (Harlan, 1992).

Tradicionalmente se ha tratado de suprimir a las malas hierbas en los campos de cultivo. Poco tiempo se ha invertido en el manejo de las interacciones naturales de estas con las plantas que ya generan un interés particular para el hombre. La crítica ejercida por la opinión pública sobre los actuales métodos de control de malezas, con agroquímicos, requiere ahondar en la exploración de métodos alternativos. La búsqueda no deberá enmarcarse solo en métodos tradicionales de manejo de arvenses que involucren el uso de herbicidas producidos a partir de moléculas sintéticas.

La forma misma en que los organismos interactúan de manera primitiva en sus ecosistemas naturales debe ser una estrategia que la investigación agrícola debe explorar. Aprender a convivir con las malezas, requiere conocerlas y al conocerlas pueden encontrarse beneficios que conviertan a una planta perseguida, en una planta útil.

Aunque parezca un poco aventurada la comparación, la conceptualización de las malezas debe enfrentar la transición de un nihilismo pasivo a un nihilismo activo. Nietzsche nos invita a pensar en el concepto del superhombre. Si aplicamos este concepto de forma atrevida para referirnos a las malezas, quizá el hablar de una super maleza en términos filosóficos sea un sinónimo más adecuado para definir a una planta benéfica, que a una que provoque un daño a la humanidad y su entorno.

Conociendo a las malas hierbas

Desde el momento en que la humanidad dejó de ser nómada, formó en su ser la preocupación por la domesticación de las plantas, como fuente de materias primas. La agricultura como tal pudo iniciarse en Mesoamérica hace 9,000 a 10,000 años, estimulada por cambios climáticos, el aumento de la población y la influencia del desarrollo tecnológico de la época (Casas & Caballero, 1995). El cazador se transformó en agricultor y domesticó las plantas para poder suplir sus necesidades fundamentales. El riesgo de perder la vida en la selva durante la cacería se convirtió en el riesgo de no poder suplir sus necesidades por una mala cosecha.

Con la creciente necesidad de obtener mayores y mejores cosechas la humanidad se dedicó al estudio de sus nuevas aliadas, su comportamiento, necesidades y amenazas. En ese momento impulsivo inició a colocar etiquetas sobre lo que le beneficiaba y sobre lo que en ese momento le perjudicaba. Las plantas no deseadas provocan una intranquilidad posiblemente innecesaria desde el inicio mismo de la agricultura.

La domesticación de plantas trajo beneficios a la humanidad. Las plantas suplieron necesidades desde la alimentación hasta la construcción de refugios. La visión se centró en las plantas útiles y se desaprobó a las acompañantes que en ese momento no parecían importantes. Muchas de estas plantas, sin embargo, fueron fundamentales en el proceso evolutivo de los cultivos modernos (Azurdia, 1987).

En muchos de los cultivos agrícolas actuales, la mayor preocupación de los agricultores se ha enfocado en evitar el crecimiento de plantas no deseadas (Marshall et al., 2003; Oerke, 2006). El agro moderno tiende a obviar que la gama de los cultivos domésticos utilizados en la agricultura mundial se deriva de especies silvestres que han sido modificadas a través de la domesticación, la reproducción selectiva y la hibridación (Altieri, 1999). Las malezas son plantas que han acompañado el proceso de domesticación de los cultivos modernos (Harlan, 1992).

Los cambios en los sistemas naturales son preparados por el hombre para el desarrollo de sus cultivos. A través de la historia las malezas han evolucionado junto a la agricultura a pesar de los constantes esfuerzos por erradicarlas. El ser humano en su afán de eliminarlas ha provocado la evolución acelerada de muchas de las especies de malas hierbas. Una especie se convierte en maleza en un sistema agrícola cuando interfiere en el entorno preparado por el hombre para obtener beneficios de otra especie vegetal.

La denominación de malas hierbas deriva del hecho que son organismos no deseados previamente condenados a ser perseguidos en la constante competencia natural por espacio y recursos. Estas plantas históricamente son acusadas de ser medios de cultivo

para enfermedades, servir de protección y sustento de insectos, además de convertirse en un obstáculo físico para la realización de labores dentro del área de cultivo. Convivir con ellas les dará la oportunidad de demostrar que pueden ser utilizadas como barreras protectoras, cultivos trampas, atrayentes naturales (Moreno & Racelis, 2015), ser en su senescencia una fuente nutricional para suelos con baja fertilidad (Bajgai, Kristiansen, Hulugalle, & McHenry, 2015; Welch, Behnke, Davis, Masiunas, & Villamil, 2016) e incluso fuentes de energía alternativa (Ciesielczuk, Poluszyńska, Rosik-Dulewska, Sporek, & Lenkiewicz, 2016).

Las malezas son parte de la comunidad de los productores primarios dentro de los sistemas naturales, por lo tanto, son componentes importantes de la sostenibilidad del agroecosistema (Marshall et al., 2003). A través de una combinación compleja de interacciones bióticas y límites establecidos por la disponibilidad de recursos físicos, los niveles de población de los diversos organismos se controlan y por lo tanto, se vinculan finalmente con la productividad del ecosistema (Gliessman, 1995). Como toda actividad comercial el manejo de malezas debe mantener un equilibrio entre la relación del costo y la rentabilidad del sistema de producción.

La razón de los prejuicios

Los impactos económicos de las malezas en los cultivos agrícolas incluyen costos y beneficios, monetarios y no monetarios (Cheema & Khaliq, 2000; Sinden et al., 2004). Toda actividad que involucre el manejo de plantas cultivadas debe necesariamente incluir dentro de su presupuesto una considerable inversión para el manejo de la interferencia de malezas con los cultivos (Culliney, 2005; Monaco, Weller, & Ashton, 2002; Schiavetto et al., 2016).

El manejo moderno de malezas está dominado por herbicidas en muchas áreas agrícolas importantes del mundo, aun cuando este método no logra ofrecer una solución permanente a largo plazo. Los herbicidas son los pesticidas de mayor demanda, con más de 442 ingredientes activos comerciales (Culliney, 2005). Entre 2008 y 2012 los herbicidas representaban la mayor parte de pesticidas de uso global, aproximadamente 50% anual en todos los años (Atwood & Paisley-Jones, 2017).

La evolución de las poblaciones de malezas resistentes a los herbicidas es un problema creciente en muchos países (Heap, 2014; Moss & Rubin, 1993). La mayoría de los casos de resistencia a herbicidas son consecuencia del uso repetido de estos, a menudo en asociación con monocultivos y prácticas de cultivo sin vigilancia técnica (Wu, Pratley, Lemerle, & Haig, 2000). El uso excesivo de herbicidas ha creado preocupaciones ambientales a los ecologistas, económicas a los productores y de salud a los consumidores de los productos de origen agrícola. Los esfuerzos mundiales para la reducción del uso de los herbicidas son importantes y provienen de los propios profesionales de la agricultura (Mortensen, Bastiaans & Sattin, 2000).

Manejo en lugar de erradicación

La llamada revolución verde disparó el uso de productos de origen químico para la obtención de cosechas mejoradas. La preocupación generalizada por los efectos ambientales de los herbicidas, combinados con el temor por la salud pública, ha resultado incluso en esfuerzos mundiales para la prohibición del uso de moléculas herbicidas en determinadas condiciones. Cada día la presión es más intensa sobre los agricultores para que reduzcan el uso de herbicidas (Matteson, 1995). Aunque a paso lento, la agricultura moderna se dirige hacia un sistema de producción basado en la disminución de productos de origen químico.

Antes de que los herbicidas se volvieran de uso generalizado, la interferencia del cultivo, la rotación de cultivos, la labranza selectiva y el deshierbe manual comprendían un sistema eficaz integrado de manejo de malezas (Jordan, 1993). La aparición de agroquímicos contribuyó a la mejora de las cosechas, sin embargo, también fue el detonante para que la dinámica de producción agrícola prescindiera de actividades tradicionales y culturales que en antaño le proveyeron de éxito. En el pasado se veía al sistema como un todo y con base en ello se manejaban sus componentes de forma que el equilibrio del sistema fuera la meta que perseguir.

La inclusión de elementos ajenos a un ecosistema provoca en un mediano o largo plazo, la necesidad de adaptación de la población original. La adaptación del sistema de producción agrícola a la inclusión de agroquímicos ha provocado una creciente dificultad para lograr cosechas con bajos costos ambientales y de producción.

La búsqueda de sistemas agrícolas autosostenibles, de bajos insumos, diversificados y energéticamente eficientes es ahora una gran preocupación para muchos investigadores, agricultores y políticos de todo el mundo (Altieri, 1999; Gliessman, 1995). Una estra-

tegia clave en la agricultura sostenible es restaurar la biodiversidad funcional del paisaje agrícola, incluyendo a las malezas (Gliessman, 1995).

Una segunda opinión siempre es importante.

No son escasas las ocasiones, en las que el método científico ha desechado teorías, que han sido consideradas una verdad durante largo tiempo. La investigación científica de las malas hierbas en la actualidad ha brindado resultados que invitan a eliminar el prefijo "mala" en la conceptualización moderna de estas.

Como segundo diagnóstico, pueden encontrarse algunos esfuerzos en busca de usos alternativos para las denominadas malezas en distintas ramas de la agricultura, principalmente en estrategias de control biológico de plagas. Se ha reportado correlación entre la densidad de malezas y la incidencia de parasitoides *Bracon mellitor* Say sobre lepidópteros *Frumenta nundinella* (Leius, 1967). En 1984 el estudio de Foster y Ruesinki, concluyó que la flores de *Stellaria media* (L.) Cyrillo, *Capsella bursa-pastoris* (L.) Medic, y la mostaza silvestre, *Brassica kaber* (D.C.) L. C. Wheeler, aumentan la longevidad del parasitoide *Meteorus rubens* (Nees) además de sugerir que otras especies de malezas también podrían servir como fuentes de néctar para *M. rubens* y otros parasitoides. Gianoli et al. (2006) encontraron que la presencia de malezas en el cultivo de maíz favoreció el establecimiento de las poblaciones de los principales artrópodos benéficos. Los estudios de Asif y colaboradores. (2017) encontraron indicios de que los extractos de *Achyranthes aspera* L., *Solanum xanthocarpum* Schard. & JC Wendl. y *Amaranthus spinosus* L., son una opción relevante para el control biológico de *Meloidogyne* spp. Hashem, Alamri, Alrumman y Moustafa (2016), mostraron que el extracto crudo de *Foeniculum vulgare* L. posee actividad antifúngica contra tres hongos fitopatógenos. Incluso se afirma encontrar similitudes en la efectividad del piretroide lambdacihalotrina y los extractos de *Tithonia diversifolia* (Hemsl) A. Gray y *Tephrosia vogelii* Hook. F. para el control de plagas (Mkenda et al., 2015). Lo anterior sin mencionar que son un recurso importante para polinizadores naturales (Russo, Nichol, & Shea, 2016).

Con una segunda opinión no es posible abarcar en su totalidad el potencial de estas plantas. Incluso pueden traer beneficios de control de poblaciones vegetales, aunque el concepto sea redundante: usar malezas para manejar malezas. Se ha estudiado el uso de extractos de *Sorghum* spp. *y Helianthus* spp. por sus propiedades alelopáticas como un método para la reducción de dosis de herbicidas (Razzaq et al., 2012). Siyar, Chaudhry, Hussain, Hussain y Majeed (2017), concluyen que *Avena fatua* L.*, Phalaris minor* Retz.*, Melilotus alba* Med. y *Chenopodium album* L. Bosc ex Moq. poseen también estas características. Tefera (2002), determinó que *Parthenium hysterophorus* L. inhibe la germinación de semillas y el crecimiento de plántulas de *Eragrostis tef* (Zucc.) Trotter en condiciones de laboratorio. *Brassica nigra* L. posee un efecto similar sobre *Avena fatua* L. (Turk & Am Tawaha, 2003).

El creciente énfasis en el manejo de malezas en contraposición a la erradicación, plantea la cuestión del papel de la alelopatía en los sistemas agrícola (M. Altieri & Doll, 1978). La alelopatía incluye interacciones bioquímicas por exudados de compuestos orgánicos excretados por las plantas (Arévalo, Bertoncini, Aranda, & González, 2011). La utilización de esta estrategia para la supresión de las malezas parece ajustarse a la mayoría de los requisitos ecológicos, económicos y energéticos para este nuevo enfoque de manejo del agroecosistema (Altieri & Doll, 1978). La investigación agrícola moderna ha incrementado los esfuerzos en documentar el potencial alelopático que las propias malas hierbas ofrecen para el manejo integrado de otras especies espontáneas en las áreas cultivadas, utilizando tasas de herbicidas sustancialmente reducidas (Belz, 2007; Chopra, Tewari, Tewari, Upreti, & Pandey, 2017). Dentro de lo cual encontramos ejemplos como el uso de extractos de malezas para el control *Euphorbia dracunculoides* Lam (Khaliq, Matloob, Tanveer, Abbas, & Khan, 2012), extractos de *Crotalaria juncea* L. para la inhibición de la germinación de *Stemodia durantifolia* y *Cyperus rotundus* L. (Jarma, Angulo, Jaramillo, & Hernandez, 2004), e incluso el uso de malezas acuáticas (Abbas et al., 2017)

Explorar todos los beneficios de las malezas, es una ardua labor. Aunque poco difundidas, las prácticas ancestrales han identificado la utilidad de más de 20 especies de malezas que han sido documentadas con sus usos para la curación de humanos (Azurdia, 1987; Gambhire & Biradar, 2016; Rahman, Hossain, & Islam, 2014). Se estudiaron los usos industriales de *Parthenium hysterophorus* L. demostrando que su actividad antioxidante lo hace útil para una amplia gama de trastornos, incluidos los trastornos neurodegenerativos, las enfermedades cardiovasculares, el cáncer y el envejecimiento (Khaket, Aggarwal, Jodha, Dhanda, & Singh, 2015). Otras publicaciones concluyen que la presencia de varios fitoquímicos y altos valores de fenoles y flavo-

noides en *Ipomoea carnea* Jacq. y *Alternanthera sessilis* (L.) R.Br. ex DC. pueden ser explotadas y utilizadas para desarrollar fármacos antimicrobianos alternativos (Shreshtha, Anushi, Joshi, Joshi, & Anupma, 2017).

Invertir en investigación, en busca de sostenibilidad, brindará mayores beneficios a los sistemas naturales a la erradicación de especies no deseadas (Hillocks, 1998).

Cuestión de perspectiva.

De amplia distribución en los campos de cultivo a nivel global *Cyperus rotundus* L. es una planta herbácea baja, perenne con largos rizomas que terminan en pequeños tubérculos, de 15 a 50 cm de altura (Standley & Steyermark, 1958). Es una maleza económicamente dañina, ampliamente distribuida en el mundo, se ha informado que causa pérdidas de rendimiento del 20 al 90% en diversos cultivos agrícolas (Meyers & Shankle, 2017; Monday, Foshee, Blythe, Wehtje, & Gilliam, 2015; Peerzada, 2017).

Una revisión bibliográfica poco exhaustiva parece suficiente para buscar la erradicación de todo individuo de esta especie. Para combatir las malas hierbas se debe ahondar en sus características, en sus debilidades y en sus fortalezas. Algunas de las malezas estudiadas a detalle poseen una característica especial denominada potencial alelopático. En otras latitudes se ha estudiado esta propiedad en algunas especies vegetales (Chou, 2006; Rizvi, Haque, Singh, & Rizvi, 1992; Waller, 1987). Sorprendentemente, dentro de las especies más prometedoras encontramos a *Cyperus rotundus* L. como una de las más sobresalientes en la elaboración de una estrategia para la reducción de costos en el control de arvenses (Mallik, 2000; Weston & Duke, 2003; Worthington et al., 2015). Es razonable entonces hacer una pausa y cuestionarse si realmente la erradicación de la maleza es la actividad más rentable o conveniente.

Otros resultados han demostrado que los extractos de Gramíneas y Ciperáceas utilizando metanol, tienen un efecto inhibitorio del crecimiento en arroz (Premasthira & Zungsontiporn, 1997). Los extractos acuosos de los tubérculos de *Cyperus rotundus* L. redujeron la germinación de las semillas e inhibieron el crecimiento de las plántulas de una amplia variedad de cultivos y malezas (Laynez Garsaball & Méndez Natera, 2007; Quayyum, Mallik, Leach, & Gottardo, 2000; Soares Gusman, Queiroz Yamagushi, & Vestena, 2011).

El uso de extractos de *Cyperus rotundus* L, como un componente adicional en el manejo agronómico de los cultivos, puede ser relevante tanto en el aspecto productivo como económico para el desarrollo del sector agrícola guatemalteco, especialmente en las zonas rurales.

Se han documentado cualidades para la reducción de niveles de glucosa en sangre de ratas (Raut & Gaikwad, 2006), utilizando bulbos de *Cyperus rotundus* L, sumado a otros usos medicinales como la reducción de peso y control de problemas digestivos la salud humana en el futuro puede encontrar un aliado en las plantas incomprendidas (Gambo & Da'u, 2014; Lemaure et al., 2007; Uddin, Mondal, Shilpi, & Rahman, 2006).

Un desenlace inesperado para una de las consideradas peores malezas a nivel mundial.

Conclusiones

Aunque el término maleza o mala hierba está extendido en casi todo el mundo para nominar a una especie no deseable en determinado momento, es una expresión muy severa para especies que al final de cuentas, únicamente son incomprendidas por el ser humano. Denominar a una planta como maleza debería ser única y exclusivamente aplicado luego de haber agotado todas las posibilidades de uso de esta en las distintas actividades del ser humano.

Una especie que provoque interferencia en el desarrollo de otra no es necesariamente mala. Aunque a los ojos de un agricultor tradicional una maleza puede ser lo menos deseable para la comunidad científica una maleza puede ser fundamental para la extracción de metabolitos de uso agrícola, el desarrollo de un medicamento, la formulación de una fuente de alimento o incluso simplemente una fuente de inspiración para el ser humano.

Es casi inevitable inferir que para hacer agricultura hay que aprender a vivir con las malezas. Una simple frase "si no puedes con tu enemigo, únetele", nos ofrece la solución definitiva a uno de los mayores problemas de la agricultura desde sus inicios. La comunidad científica está invitada a convertir en un reto el dejar de castigar a las malezas e iniciar a comprenderlas, como otra famosa frase nos sentencia "hierba mala nunca muere". Continuar apostando en la investigación sobre usos alternativos para las plantas espontaneas es el camino por seguir para aprender a convivir con esta coloquial inmortalidad.

Una maleza es una planta incomprendida, una especie a la cual no se le ha dado la oportunidad de mostrar que puede ser útil para el hombre y sus necesidades.

Referencias

Abbas, T., Nadeem, M. A., Tanveer, A., Syed, S., Zohaib, A., Farooq, N. & Shehzad, M. A. (2017). Allelopathic Influence of Aquatic Weeds on Agro-Ecosystems. *Planta Daninha*, *35*(0), 527. doi:10.1590/s0100-83582017350100020

Altieri, M. A. (1999). The ecological role of biodiversity in agroecosystems. In *Invertebrate Biodiversity as Bioindicators of Sustainable Landscapes* (pp. 19-31). Elsevier. doi:10.1016/B978-0-444-50019-9.50005-4

Altieri, M. A. & Doll, J. D. (1978). The potential of allelopathy as a tool for weed management in crop fields. *Pans*, *24*(4), 495-502. doi:10.1080/09670877809414143

Arévalo, R. A., Bertoncini, E. I., Aranda, E. M. & González, T. A. (2011). Alelopatía en Saccharum spp.(caña de azúcar). *Avances en Investigación Agropecuaria*, *15*(1), 51-60.

Asif, M., Tariq, M., Khan, A., Rehman, B., Parihar, K., Siddiqui, M. A., & others. (2017). Potential role of aqueous extract of some weeds against egg hatching and juvenile mortality of root-knot nematode meloidogyne incognita. *Journal of Agriculture and Crops*, *3*(2), 17-24.

Atwood, D., & Paisley-Jones, C. (2017). Pesticides Industry Sales and Usage: 2008-2012 Market Estimates. *Washington, DC, USA:* United States *Environmental Protection Agency.*

Azurdia, C. A. (1987). La otra cara de las malezas. Trabajo presentado en el Seminario-Taller Ciencia de las Malezas 3 al 8 de agosto de 1986 (pp. 87-107), Antigua Guatemala, Guatemala: Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza.

Bajgai, Y., Kristiansen, P., Hulugalle, N., & McHenry, M. (2015). Comparison of organic and conventional managements on yields, nutrients and weeds in a corn-cabbage rotation. *Renewable Agriculture and Food Systems*, *30*(2), 132-142. doi:10.1017/S1742170513000264

Belz, R. G. (2007). Allelopathy in crop/weed interactions an update. *Pest Management Science*, *63*(4), 308-326. doi:10.1002/ps.1320

Casas, A., & Caballero, J. (1995). Domesticación de plantas y origen de la agricultura en Mesoamérica. *Ciencias*, *40*, 36-45.

Cheema, S. A., & Khaliq, A. (2000). Use of sorghum allelopathic properties to control weeds in irrigated wheat in a semi arid region of Punjab. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, *79*(2-3), 105-112. doi:10.1016/S0167-8809(99)00140-1

Chopra, N., Tewari, G., Tewari, L. M., Upreti, B. & Pandey, N. (2017). Allelopathic Effect of Echinochloa colona L. and Cyperus iria L. Weed Extracts on the Seed Germination and Seedling Growth of Rice and Soyabean. *Advances in Agriculture*. (4), 1-5. doi:10.1155/2017/5748524

Chou, C.-H. (2006). Introduction to allelopathy. In *Allelopathy* (pp. 1-9). Springer. doi:10.1007/1-4020-4280-9_1

Ciesielczuk, T., Poluszyńska, J., Rosik-Dulewska, C., Sporek, M. & Lenkiewicz, M. (2016). Uses of weeds as an economical alternative to processed wood biomass and fossil fuels. *Ecological Engineering*, *95*, 485-491. doi:10.1016/j.ecoleng.2016.06.100

Culliney, T. W. (2005). Benefits of classical biological control for managing invasive plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *24*(2), 131-150. doi:10.1080/07352680590961649

Foster, M. A., & Ruesinki, W. G. (1984). Influence of flowering weeds associated with reduced tillage in corn on a black cutworm (Lepidoptera: Noctuidae) parasitoid, Meteorus rubens (Nees von Esenbeck). *Environmental Entomology*, *13*(3), 664-668. doi:10.1093/ee/13.3.664

Gambhire, V. S., & Biradar, R. M. (2016). Medicinal importance of some weeds of Aurangabad district, Maharashtra, India. *Bioscience Discovery*, *7*(1), 57-59.

Gambo, A., & Da'u, A. (2014). Tiger nut (Cyperus esculentus): composition, products, uses and health benefits-a review. *Bayero Journal of Pure and Applied Sciences*, *7*(1), 56-61. doi:10.4314/bajopas.v7i1.11

Gianoli, E., Ramos, I., Alfaro-Tapia, A., Valdéz, Y., Echegaray, E. R. & Yábar, E. (2006). Benefits of a maize-bean-weeds mixed cropping system in Urubamba Valley, Peruvian Andes. *Internatio-*

nal Journal of Pest Management, *52*(4), 283-289. doi:10.1080/09670870600796722

Gliessman, S. (1995). Sustainable agriculture: An agroecological perspective. In *Advances in Plant Pathology* (pp. 45-57). Elsevier. doi:10.1016/S0736-4539(06)80005-X

Harlan, J. R. (1992). *Crops and man* (2ª ed.). Madison, Wisconsin: American Society of Agronomy.

Hashem, M., Alamri, S. A., Alrumman, S. A. & Moustafa, M. F. (2016). Suppression of phytopathogenic fungi by plant extract of some weeds and the possible mode of action. *British Microbiology Research Journal*, *15*, 1-13. doi:10.9734/BMRJ/2016/26629

Heap, I. (2014). Herbicide Resistant Weeds. In D. Pimentel e R. Peshin (Edd.), *Integrated Pest Management* (pp. 281-301). Dordrecht: Springer. doi:10.1007/978-94-007-7796-5_12

Hillocks, R. J. (1998). The potential benefits of weeds with reference to small holder agriculture in Africa. *Integrated Pest Management Reviews*, *3*(3), 155-167.

Jarma, A. J., Angulo, A., Jaramillo, J., & Hernandez, J. (2004). Efecto alelopatico de extractos de crotalaria (*Crotalaria juncea* L.) y coquito (*Cyperus rotundus* L.) sobre malezas y cultivos anuales. *Temas Agrarios*, *9*(2), 23-31.

Jordan, N. (1993). Prospects for weed control through crop interference. *Ecological Applications*, *3*(1), 84-91. doi:10.2307/1941794

Khaket, T. P., Aggarwal, H., Jodha, D., Dhanda, S. & Singh, J. (2015). *Parthenium hysterophorus* in current scenario: A toxic weed with industrial, agricultural and medicinal applications. *Journal of Plant Science*, *10*, 42-53. doi:10.3923/jps.2015.42.53

Khaliq, A., Matloob, A., Tanveer, A., Abbas, R. N. & Khan, M.B. (2012). Bio-herbicidal properties of sorghum and sunflower aqueous extracts against germination and seedling growth of dragon spurge (*Euphorbia dracunculoides* Lam.). *Pakistan Journal of Weed Science Research*, *18*(2), 137-148.

Laynez Garsaball, J. A., & Méndez Natera, J. R. (2007). Efectos de extractos acuosos de la maleza Cyperus rotundus L. (Cyperaceae) sobre la germinación de semillas y crecimiento de plántulas de maíz (*Zea mays* L.) cv. Pioneer 3031. *Revista Peruana de Biología*, *14*(1). doi:10.15381/rpb.v14i1.1759

Leius, K. (1967). Influence of wild flowers on parasitism of tent caterpillar and codling moth. *The Canadian Entomologist*, *99*(4), 444-446. doi:10.4039/Ent99444-4

Lemaure, B., Touché, A., Zbinden, I., Moulin, J., Courtois, D., Macé, K. & Darimont, C. (2007). Administration of Cyperus rotundus tubers extract prevents weight gain in obese Zucker rats. *Phytotherapy Research*, *21*(8), 724-730. doi:10.1002/ptr.2147

Mallik, A. U. (2000). Challenges and opportunities in allelopathy research: a brief overview. *Journal of chemical ecology*, *26*(9), 2007-2009.

Marshall, E. J. P., Brown, V. K., Boatman, N. D., Lutman, P. J. W., Squire, G. R., & Ward, L. K. (2003). The role of weeds in supporting biological diversity within crop fields. *Weed research*, *43*(2), 77-89. doi:10.1046/j.1365-3180.2003.00326.x

Matteson, P. C. (1995). The "50% pesticide cuts" in Europe: a glimpse of our future? *American Entomologist*, *41*(4), 210-220. doi:10.1093/ae/41.4.210

Meyers, S. L., & Shankle, M. W. (2017). An evaluation of pre-emergence metam-potassium and S-metolachlor for yellow nutsedge (*Cyperus esculentus*) management in sweetpotato. *Weed Technology*, *31*(3), 436-440. doi:10.1017/wet.2016.23

Mkenda, P., Mwanauta, R., Stevenson, P. C., Ndakidemi, P., Mtei, K., & Belmain, S. R. (2015). Extracts from field margin weeds provide economically viable and environmentally benign pest control compared to synthetic pesticides. *PLoS One*, *10*(11), e0143530. doi:10.1371/journal.pone.0143530

Monaco, T. J., Weller, S. C., & Ashton, F. M. (2002). *Weed science: principles and practices*: John Wiley & Sons.

Monday, T. A., Foshee, W. G., Blythe, E. K., Wehtje, G. R., & Gilliam, C. H. (2015). Yellow nutsedge (*Cyperus esculentus*) control and tomato response to application methods of drip-applied herbicides in polyethylene-mulched tomato. *Weed Technology*, *29*(3), 625-632. doi:10.1614/WT-D-15-00025.1

Moreno, C. R., & Racelis, A. E. (2015). Attraction, repellence, and predation: Role of companion plants in regulating Myzus persicae (Sulzer)(Hemiptera: Aphidae) in organic kale systems of south Texas. *Southwestern Entomologist*, *40*(1), 1-14. doi:10.3958/059.040.0101

Mortensen, D. A., Bastiaans, L., Sattin, M. (2000). The role of ecology in the development of weed management systems: an outlook. *Weed Research-OXFORD-*, *40*(1), 49-62. Doi: 10.1046/j.1365-3180.2000.00174.x

Moss, S. R. & Rubin, B. (1993). Herbicide-resistant weeds: a worldwide perspective. *The Journal of Agricultural Science*, *120*(2), 141-148. doi:10.1017/S0021859600074177

Oerke, E.-C. (2006). Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science*, *144*(01), 31. doi:10.1017/S0021859605005708

Peerzada, A. M. (2017). Biology, agricultural impact, and management of *Cyperus rotundus* L.: the world's most tenacious weed. *Acta Physiologiae Plantarum*, *39*(12), 270. doi:10.1007/s11738-017-2574-7

Premasthira, C. U., & Zungsontiporn, S. (1997). Plant Growth-inhibiting Activity of Methanol Extracts from Gramineous and Cyperaceous Weeds. *Journal of Weed Science and Technology*, *42*, 386-390. doi:10.3719/weed.42.386

Quayyum, H. A., Mallik, A. U., Leach, D. M., & Gottardo, C. (2000). Growth inhibitory effects of nutgrass (*Cyperus rotundus*) on rice (*Oryza sativa*) seedlings. *Journal of chemical ecology*, *26*(9), 2221-2231.

Rahman, Hossain, M. M., & Islam, A. (2014). Taxonomy and Medicinal Uses of Angiosperm weeds in the wheat field of Rajshahi, Bangladesh. *Frontiers of Biological and Life Sciences*, *2*(1), 8-11. doi:10.12966/fbls.03.03.2014

Raut, N. A., & Gaikwad, N. J. (2006). Antidiabetic activity of hydro-ethanolic extract of *Cyperus rotundus* in alloxan induced diabetes in rats. *Fitoterapia*, *77*(7-8), 585-588. doi:10.1016/j.fitote.2006.09.006

Razzaq, A., Cheema, Z., Jabran, K., Hussain, M., Farooq, M., & Zafar, M. (2012). Reduced herbicide doses used together with allelopathic sorghum and sunflower water extracts for weed control in wheat. *Journal of Plant Protection Research*, *52*(2), 281-285. doi:10.2478/v10045-012-0045-0

Rizvi, S. J. H., Haque, H., Singh, V. K. & Rizvi, V. (1992). A discipline called allelopathy. In *Allelopathy* (pp. 1-10). Springer.

Russo, L., Nichol, C., & Shea, K. (2016). Pollinator floral provisioning by a plant invader: quantifying beneficial effects of detrimental species. *Diversity and Distributions*, *22*(2), 189-198. doi:10.1111/ddi.12397

Schiavetto, A. R., Perecin, D., Pinto, L. R., Azania, C.A.M., Zera, F. S. & Melloni, M. N. G. (2016). Genetic Variability of Rottboellia cochinchinensis Populations in Sugarcane Fields. *Planta Daninha*, *34*(3), 475-484. doi:10.1590/s0100-83582016340300008

Shreshtha, S., Anushi, J., Joshi, A. N., Joshi, N., & Anupma, H. (2017). Study of total phenol, flavonoid contents and phytochemical screening of methanolic crude extracts of two weed plants. *Annals of Plant Sciences*, *6*(06), 1645-1648. doi:10.21746/1651-1654

Sinden, J., Jones, R., Hester, S., Odom, D., Kalisch, C., James, R.,. . . Griffith, G. (2004). The economic impact of weeds in Australia. *Technical Series*, *8*.

Siyar, S., Chaudhry, Z., Hussain, F., Hussain, Z. & Majeed, A. (2017). Allelopathic effects of some common weeds prevailing in wheat fields on growth characteristics of wheat (*Triticum aestivum* L.). *PSM Biological Research*, *2*(3), 124-127.

Soares Gusman, G., Queiroz Yamagushi, M., & Vestena, S. (2011). Potencial alelopático de extractos aquosos de *Bidens pilosa* L., *Cyperus rotundus* L. e *Euphorbia heterophylla* L. *Iheringia*, *66*(1), 87-98.

Standley, P. C., & Steyermark, J. A. (1958). Cyperaceae. *Field*.

Tefera, T. (2002). Allelopathic effects of Parthenium hysterophorus extracts on seed germination and seedling growth of *Eragrostis tef*. *Journal of Agronomy and Crop Science*, *188*(5), 306-310. doi:10.1046/j.1439-037X.2002.00564.x

Turk, M. A., & Am Tawaha. (2003). Allelopathic effect of black mustard (*Brassica nigra* L.) on germination and growth of wild oat (*Avena fatua* L.). *Crop protection*, *22*(4), 673-677. doi:10.1016/S0261-2194(02)00241-7

Uddin, S. J., Mondal, K., Shilpi, J. A., & Rahman, M. T. (2006). Antidiarrhoeal activity of Cyperus rotundus. *Fitoterapia*, *77*(2), 134-136. doi:10.1016/j.fitote.2004.11.011

Waller, G. R. (Ed.). (1987). *ACS Symposium Series*. *Allelochemicals: Role in Agriculture and Forestry*. Washington, DC: American Chemical Society.

Welch, R. Y., Behnke, G. D., Davis, A. S., Masiunas, J., & Villamil, M. B. (2016). Using cover crops in headlands of organic grain farms: Effects on soil properties, weeds and crop yields. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, *216*, 322-332. doi:10.1016/j.agee.2015.10.014

Weston, L. A., & Duke, S. O. (2003). Weed and crop allelopathy. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *22*(3-4), 367-389. doi:10.1080/713610861

Worthington, M., Reberg-Horton, S. C., Brown-Guedira, G., Jordan, D., Weisz, R., & Murphy, J. P. (2015). Relative contributions of allelopathy and competitive traits to the weed suppressive ability of winter wheat lines against italian ryegrass. *Crop Science*, *55*(1), 57. doi:10.2135/cropsci2014.02.0150

Wu, H., Pratley, J., Lemerle, D., & Haig, T. (2000). Evaluation of seedling allelopathy in 453 wheat (*Triticum aestivum*) accessions against annual *ryegrass* (*Lolium rigidum*) by the equal-compartment-agar method. *Australian Journal of Agricultural Research*, *51*(7), 937-944. doi:10.1071/AR00017

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Reporte de Casos / Case Report

Patrón sugestivo de anticuerpos contra el aparato de Golgi en un paciente con uveitis

Sugestive pattern of anti-Golgi complex antibodies in a patient with uveitis

Kevin Ortiz, Egly Álvarez, Ricardo Arreola, Maynor Herrera*
Unidad de Reumatología, Hospital Roosevelt, Guatemala

***Autor al que se dirige la correspondencia:** drherreram@gmail.com

Recibido: 18 de febrero 2018 / Revisión: 20 de febrero 2019 / Aceptado: 28 de marzo 2019

Resumen

Los anticuerpos dirigidos contra el aparato de Golgi fueron inicialmente descritos en un paciente con Síndrome de Sjögren en 1982. Estos anticuerpos forman parte de los anticuerpos antinucleares y producen un patrón característico en las células Hep-2. Desde su descubrimiento no se ha logrado establecer ninguna asociación clara con alguna enfermedad autoinmune y/o manifestación clínica. En el presente artículo se reporta el primer caso de anticuerpos antinucleares por fluorescencia (Fana) positivo con un patrón polar/sugestivo de anti-Golgi en Guatemala encontrado en el Laboratorio de Inmunología-Autoinmunidad del Hospital Roosevelt en un paciente masculino con una uveítis en el ojo derecho y que presentó pruebas de laboratorio positivas para toxoplasma, rubeola IgG, citomegalovirus, y herpes 1 y 2. Este patrón ha sido encontrado en personas con diferentes enfermedades autoinmunes pero no se ha logrado establecer asociación con alguna enfermedad en particular.

Palabras claves: Autoinmunidad, anticuerpos antinucleares, inmunofluorescencia, inmunología

Abstract

The anti-Golgi complex antibodies were first described in a patient with Sjögren Syndrome in 1982. These antibodies are part of the antinuclear antibodies and they have a characteristic staining pattern in Hep-2 cells. They have not been associated with any autoimmune disease and/or clinical manifestation. In the present case we report the first nuclear antibodies (ANA) with a staining pattern polar/anti-Golgi-like founded in the Immunology-Autoimmunity Laboratory at Roosevelt Hospital in a male patient with an uveitis on the right eye and positive IgG serology for toxoplasma, rubella, cytomegalovirus and herpes 1 and 2. This pattern has been founded in patients with different autoimmune diseases, but they haven´t been associated with a disease.

Keywords: autoimmunity, antinuclear antibodies, immunofluorescence, immunology

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

Introducción

Los anticuerpos antinucleares (ANA) son marcadores serológicos característicos de varias enfermedades reumatológicas autoinmunes (como el lupus eritematoso sistémico [LES], síndrome de Sjögren [SS], enfermedad mixta del tejido conectivo [EMTC] y la esclerosis sistémica [ESc]). Recientemente se recomendó cambiar el término ANA por anticuerpos dirigidos contra componentes celulares debido a que los anticuerpos no se encuentran únicamente dirigidos contra antígenos localizados en el núcleo (Agmon-Levin et al., 2014). La última clasificación de los patrones observados en los ANA incluye nueve citoplasmáticos (AC-15 a AC-23); incluido en estos patrones se encuentra el AC-22 o patrón polar/parecido a Golgi. La descripción oficial de este patrón lo describe como gránulos gruesos o láminas en un lado de la célula dispersas en la periferia del núcleo que corresponden a los sáculos del aparato de Golgi en células Hep-2 (Chan et al., 2015).

El aparato de Golgi es una organela citoplasmática localizada en la periferia del núcleo de las células eucariotas y se caracteriza por estar formado por unos 80 dictiosomas y estos a su vez estar compuestos por 40 o 60 sáculos aplanados y rodeados de membrana que se encuentran apilados unos encima de otros y que funcionalmente se puede dividir en tres regiones (cis-, medial- y trans Golgi). Esta organela fue inicialmente reportada por Santiago Ramon y Cajal en 1897 y luego fue descrita en gran detalle por Camilo Golgi. Dentro de sus funciones se encuentra la glicosilación de proteínas, selección, destinación y glicosilación de lípidos, almacenamiento y distribución de lisosomas y peroxisomas, y síntesis de polisacáridos de la matriz extracelular (Nozawa, Fritzler, & Chan, 2005).

Los anticuerpos dirigidos contra el aparato de Golgi (anti-Golgi) fueron inicialmente descritos en un paciente con SS y linfoma como una tinción moteada citoplasmática que rodeaba parcialmente el núcleo de las células de disecciones de hígado de rata (Rodríguez, Gelpi, Thomson, Real, & Fernández, 1982). Posterior a esta descripción se encontró la presencia de este anticuerpo también en sueros de pacientes con LES, artritis reumatoide (AR), hepatitis autoinmune (Fritzler, Etherington, Sokoluk, Valencia, & Kinsella, 1984; Wallis, Greing, Dunphy, Owen, & McHugh, 2012), miositis y enfermedad pulmonar intersticial (Andrejevic, Milenkovic, & Stojsic, 2015).

La caracterización de los antígenos contra los cuales se encuentran dirigidos los anti-Golgi por inmunoprecipitación e inmunoblot demostró que las proteínas reconocidas por estos anticuerpos son heterogéneas y de pesos moleculares que van desde 35 hasta 260 kDa (Kooy, Toh, & Gleenson, 1994). Caracterizaciones posteriores demostraron que la mayor parte de los anti-Golgi se dirigen contra las proteínas giantina/macrogolgina/Precursor de glicoproteína 372, golgina-245/p230, Proteína asociada a los microtubulos de Golgi-210, golgina-160/Precursor de glicoproteína 170, golgina-95/GM130 y golgina-97. Inicialmente las golginas fueron descritas como autoantígenos del aparato de Golgi reconocidos por anticuerpos de pacientes con enfermedades autoinmunes (Fritzler, Hamel, Ochs, & Chan, 1993). Las golginas poseen una masa molecular relativamente alta (100-370 kDa) y comparten características estructurales que incluyen motivos de hélices superenrolladas de hélices alfa a través de toda la proteína con excepción de los amino y carboxilo terminales de la proteína (Nozawa, Fritzler, von Mülen, & Chan, 2004). Algunas proteínas del aparato de Golgi, como la golgina-84 han sido clasificadas como golginas debido a que poseen motivos de superhélice, aunque estas no hayan sido identificadas como autoantígenos (Nozawa et al., 2005). De particular interés es la giantina la cual ha demostrado ser de importancia en la reparación del aparato de Golgi después de recibir dosis elevadas de alcohol (Casey, Thomes, Manca, & Petrosyan, 2018).

Otra característica compartida entre los autoantígenos del aparato de Golgi, dado por la evidencia bioquímica y la microscopía electrónica, es que estos son proteínas periféricas o transmembrana localizados en la porción citoplasmática del aparato de Golgi. Esto ha llevado a proponer a algunos investigadores que los autoantígenos del aparato de Golgi poseen características bioquímicas y funcionales en común que los hacen propensos a ser objetivos autoimunes dentro de las más de 100 proteínas del aparato de Golgi descritos a la fecha (Nozawa et al., 2005). La utilidad de los anti-Golgi en el diagnóstico de las enfermedades autoinmunes aún se encuentra en estudio, principalmente por su baja frecuencia y que también han sido encontrados en personas sin la presencia de una enfermedad autoinmune (DíAmico, Zazzetti, Schiel, Barreira, & Babini, 2012).

En el presente trabajo se realiza la primera descripción conocida a la fecha de un paciente guatemalteco que presenta anticuerpos anti-Golgi detectado en células Hep-2000. El suero del paciente fue analizado como parte del proyecto de la Dirección General de Investigación (Digi) "Determinación de la dilución óptima de anticuerpos antinucleares por inmunofluo-

rescencia para el diagnóstico de enfermedades reumatológicas autoinmunes".

Presentación del caso

Paciente masculino de 46 años de edad quien refirió que hace tres años inició con irritación en ambos ojos y con disminución de la agudeza visual y lagrimeo en el ojo derecho desde hacía un año, por lo que consultó a la Unidad Nacional de Oftalmología quienes indicaron que cursa con uveítis y lo refieren a la Unidad de Reumatología para evaluación. El paciente refiere consumo de tabaco desde hace 20 años y alergia a la penicilina. Las pruebas de laboratorio fueron positivas para toxoplasma IgG (540 UI/mL [VR 0-8 UI/mL]), rubeola IgG (16 UI/m [VR 0-5 UI/mL]), citomegalovirus IgG (10.3 [Positivo>1.1]), y herpes 1 y 2 IgG (43.1[Positivo>1.1]), hemoglobina 17.5 g/dL, globulos rojos 5.45 M/uL, hematocrito 49.3% y globulos blancos 8.18 GB/uL, factor reumatoide 5.6 U/mL, proteína C reactiva 5.5 mg/dL, glucosa 92.9 mg/dL, creatinina 0.71 mg/dL, nitrógeno de urea 10.9 mg/dL. La evaluación por parte del médico oftalmólogo del Hospital Roosevelt indica que el paciente presenta uveítis anterior en ojo derecho. Debido a la presencia de uveítis se le solicita al paciente la realización de pruebas al Laboratorio de Inmunología-Autoinmunidad en donde se le realiza ANA por inmunofluorescencia (Fana) los cuales dan positivo con un patrón sugestivo de anti-Golgi desde una dilución 1/80 hasta 1/320 (Figura 1) y anticuerpos contra el citoplasma del neutrófilo (Ancas) los cuales son negativos por Elisa e inmunofluorescencia. La

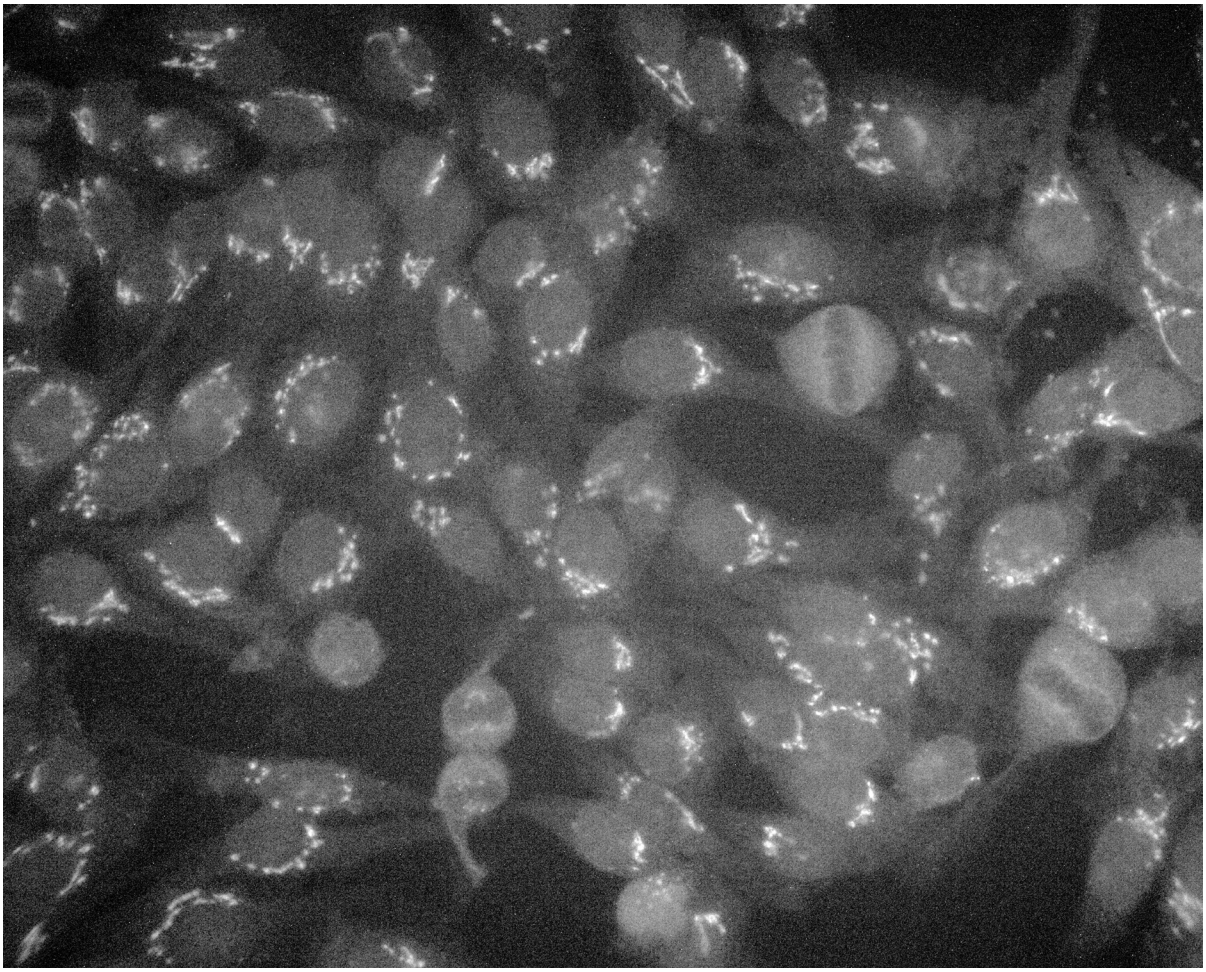


Figura 1. Patrón polar/sugestivo de anti-Golgi o AC-22 en células Hep-2000 con una dilución 1/80.

evaluación por el médico reumatólogo posterior a la realización de las pruebas no evidencia presencia de enfermedad autoinmune, por lo que se refiere al paciente para su seguimiento en la unidad de oftalmología y se le vuelve a citar a los seis meses para seguimiento.

Discusión

La información sobre la prevalencia de los anticuerpos anti-Golgi es muy variada, aunque los estudios más recientes llevados a cabo en células Hep-2 han identificado una prevalencia baja (Hong et al., 2004; Vermeersch, Van Den Bergh, Blockmans, Westhovens, & Bossuyt, 2011). En un estudio llevado a cabo en el Hospital Universitario de Leuven en Bélgica se revisó los resultados de 51,586 personas referidas al laboratorio en un período de 10 años para la realización de un Fana, de estos pacientes solamente se detectaron 20 casos en los que se presentó el patrón anti-Golgi, lo cual representa una frecuencia del 0.11%. A estos pacientes se les realizó un seguimiento promedio de 9 meses y solamente se detectó un nuevo caso diagnosticado de síndrome de Sjögren (Vermeersch et al., 2011).

Estos resultados son bastante similares a los obtenidos en un estudio llevado a cabo en el Hospital Chang Gung de Taiwan, en donde se evaluaron los sueros 5,983 pacientes referidos al laboratorio para la realización de un Fana. En este estudio se encontraron 12 pacientes que presentaron el patrón anti-Golgi utilizando células Hep-2. De esos 12 pacientes dos fueron diagnosticados con LES y dos con AR (Hong et al., 2004). En Latinoamérica se realizó la descripción de tres casos en Argentina, dos de los casos presentaron síntomas de Sicca y uno era un paciente con LES (D'Amico et al., 2012).

Como puede observarse en ambos estudios la presencia de anti-Golgi parece no encontrarse asociada a la presentación de una enfermedad reumatológica autoinmune en los pacientes que presentan este patrón. Una observación interesante fue realizada por Vermeersch y colaboradores (2011) quienes indican que el único caso de SS que presentó este patrón tuvo títulos elevados de anti-Golgi. Esta misma observación ya había sido planteada con anterioridad en un estudio llevado a cabo en la Universidad de Padua, Italia. En el estudio se presentan dos casos en los cuales se detectaron anti-Golgi a una dilución de 1/5120 y se llegó al diagnóstico de una enfermedad autoinmune (Bizzaro, Pasini, Ghirardello, & Finco, 1999). Esta misma observación puede realizarse del estudio presentado por Fritzler y colaboradores (1984) en el que se presentan ocho casos de pacientes con anti-Golgi. En esa ocasión seis de los casos presentados fueron diagnosticados con LES y todos presentaron títulos de anti-Golgi mayores o iguales a 1/640, los otros dos casos restantes fueron una esclerosis sistémica (anti-Golgi a una dilución 1/80) y una hepatitis (anti-Golgi a una dilución 1/320).

En un estudio realizado por Wallis y colaboradores (2012) en donde revisaron los Fana de 9,841 pacientes de un hospital especializado en enfermedades reumatológicas en búsqueda de anti-Golgi se observó la presencia de estos anticuerpos cuando los pacientes presentaban una alta actividad de la enfermedad y que estos desaparecían al estar los pacientes en remisión. Esta misma observación fue realizada en estudios anteriores (Bizzaro et al., 1999; Vermeersch et al., 2011). Por lo que la presencia de estos anticuerpos podría no estar relacionada de forma directa a una enfermedad sino ser más bien un indicador de la actividad de la enfermedad, sin embargo es necesario una mayor cantidad de estudios que puedan comprobar esta teoría.

El paciente del presente caso presentó anticuerpos antinucleares positivos mediante inmunofluorescencia en células Hep-2000 con presencia del patrón anti-Golgi (Figura 1); el suero del paciente mantuvo el resultado positivo desde una dilución 1/80 hasta una dilución 1/320 y como se mencionó con anterioridad al momento de la realización de la presentación del caso aún no se había establecido un diagnóstico para el paciente. Un dato interesante es la presencia de uveítis en el paciente. A la fecha no se conoce de ningún caso de pacientes que cursen con esta manifestación clínica, por lo que la presentación del caso sería la primera descripción de un paciente con uveítis y un Fana positivo con un patrón anti-Golgi.

Otra observación interesante es la positividad de los anticuerpos contra agentes infecciosos. Un estudio llevado a cabo en Brest, Francia demostró en pacientes que presentaron anticuerpos contra citomegalovirus y rubeola la presencia de anti-Golgi hasta en un 28.6% de los pacientes analizados. Esta prevalencia es bastante elevada si se compara con la reportada por otros autores, sin embargo es importante mencionar que la línea celular empleada para la detección de los Fana en ese estudio fue la IMR-33 y los anticuerpos fueron analizados empleando una dilución 1/40 (Blaschek et al., 1988).

En conclusión, el presente caso es el primer reporte de un anti-Golgi detectado mediante inmunofluorencencia en Guatemala y el primer caso asociado a uveítis reportado en la literatura.

Referencias

Agmon-Levin, N., Damoiseaux, J., Kallenberg, C., Sack, U., Witte, T., Herold, M., É Shoenfeld, Y. (2014). International recommendations for the assessment of autoantibodies to cellular antigens referred to as anti-nuclear antibodies. *Annals of the Rheumatic Diseases*, *73*(1), 17-23. doi:10.1136/annrheumdis-2013-203863

Andrejevic, S., Milenkovic, B., & Stojsic, J. (2015). Coexistence of autoantibodies against the Golgi complex and Ro52 antigen in a patient with nonspecific interstitial pneumonia. *Internal Medicine*, *55*, 273-278. doi:10.2169/internalmedicine.55.3832

Bizzaro, N., Pasini, P., Ghirardello, A., & Finco, B. (1999). High anti-Golgi autoantibody levels: An early sign of autoimmune disease? *Clinical Rheumatology*, *18*(4), 346–348. doi:10.1007/s100670050115

Blaschek, M. A., Pennec, Y. L., Simitzis, A. M., Goff, P. L. E., Lamour, A., Kerdraon, G., É Youinou, P. (1988). Anti-Golgi complex autoantibodies in patients with primary Sjögren's Syndrome. *Scandinavian Journal of Immunology*, *17*, 291-296.

Casey, C. A., Thomes, P., Manca, S., & Petrosyan. (2018). Giantin is required for post-alcohol recovery of Golgi in liver cells. *Biomolecules, 8*, 150-164. doi:10.3390/biom8040150

Chan, E. K. L., Damoiseaux, J., Carballo, O. G., Conrad, K., de Melo Cruvinel, W., Francescantonio, P. L. C., É Andrade, L. E. C. (2015). Report of the first international consensus on standardized nomenclature of antinuclear antibody HEp-2 cell patterns (ICAP) 2014-2015. *Frontiers in Immunology*, *6*, 1-13. doi:10.3389/fimmu.2015.00412

D'Amico, M. A., Zazzetti, F., Schiel, A., Barreira, J. C., & Babini, A. M. (2012). Anticuerpos anti-Golgi en las enfermedades del tejido conectivo. *Revista Argentina de Reumatología*, *23*(1), 24-28.

Fritzler, M. J., Etherington, J., Sokoluk, C., Valenciaf, D. W., & Kinsella, T. D. (1984). Antibodies from patients with autoimmune disease react with a cytoplasmic antigen in the Golgi apparatus. *The Journal of Immunology*, *132*(6), 2904-2908.

Fritzler, M. J., Hamel, J. C., Ochs, R. L., & Chan, E. K. L. (1993). Molecular characterization of two human autoantigens: Unique cDNAs encoding 95- and 160-kD proteins of a putative family in the Golgi complex. *Journal of Experimental Medicine*, *178*, 49-62. doi:10.1084/jem.178.1.49

Hong, H. S., Chung, W. H., Hung, S. I., Chen, M. J., Lee, S. H., & Yang, L. C. (2004). Clinical association of anti-Golgi autoantibodies and their autoantigens. *Scandinavian Journal of Immunology*, *59*(1), 79-87. doi:10.1111/j.0300-9475.2004.01353.x

Kooy, J., Toh, B.-H., & Gleenson, P. A. (1994). Heterogeneity of human anti-Golgi auto-antibodies: Reactivity with components from 35 to 260 kDa. *Immunology and Cell Biology*, *72*(2), 123-127. doi:10.1111/j.1440-1711.1994.tb03767.x

Nozawa, K., Fritzler, M. J., & Chan, E. K. L. (2005). Unique and shared features of Golgi complex autoantigens. *Autoimmunity Reviews*, *4*(1), 35-41. doi:10.1016/j.autrev.2004.06.002

Nozawa, K., Fritzler, M. J., von Mülen, C. A., & Chan, E. K. L. (2004). Giantin is the major Golgi autoantigen in human anti-Golgi complex sera. *Arthritis Research & Therapy*, *6*(2), R95-102. doi:10.1186/ar1035

Rodríguez, J. L., Gelpi, C., Thomson, T. M., Real, F. J., & Fernández, J. (1982). Anti-Golgi complex autoantibodies in a patient with Sjögren syndrome and lymphoma. *Clinical and Experimental Immunology*, *49*(3), 579-86.

Vermeersch, P., Van Den Bergh, K., Blockmans, D., Westhovens, R., & Bossuyt, X. (2011). Anti-Golgi autoantibodies are not clinically associated with systemic autoimmune diseases. *Annals of the Rheumatic Diseases*, *70*(1), 234-235. doi:10.1136/ard.2009.126391

Wallis, D., Greing, A., Dunphy, J., Owen, P., & McHugh, N. (2012). Anti-Golgi autoantibodies: Prevalence and disease associations in a rheumatic disease population. *International Journal of Rheumatic Diseases*, *15*(2), 2011-2013. doi:10.1111/j.1756-185X.2011.01655.x

Ciencia, Tecnología y Salud
Vol. 6 Num. 1 2019
ISSN: 2410-6356 (electrónico) / 2409-3459 (impreso)

Instrucciones para autores

Ciencia, Tecnología y Salud es la Revista de Investigación y Postgrado de la Universidad de San Carlos de Guatemala, orientada a divulgar los conocimientos de las áreas científicas, tecnológicas y de la salud humana y animal a la comunidad científica nacional e internacional. Constituye una publicación de carácter semestral no lucrativa en formato digital (Open Journal System-OJS) y en forma impresa, cuyos manuscritos, aceptados para publicación son sometidos a procesos de revisión y arbitraje por pares ciegos y externos, lo que garantiza al lector y autores un alto nivel y rigor académico.

Instrucciones generales (lea detenidamente todas las instrucciones para autor)

1. La Revista publica los siguientes tipos de manuscritos:

   a. Artículos científicos
   b. Artículos de revisión
   c. Ensayos
   d. Reseñas
   e. Reporte de casos
   f. Comunicaciones cortas
   g. Conferencias de congresos científicos
   h. Resúmenes de congreso

2. La revista presta consideración editorial a artículos originales inéditos en idioma español e ingles. Si el material a publicar ha sido presentado en forma parcial en algún Congreso Científico, indiquelo al final del resumen o en carta al editor.

3. Para enviar un manuscrito registrese como autor en la plataforma OJS, (sección registrarse), los artículos incompletos que no cumplan las Instrucciones para Autores, serán devueltos sin evaluación.

4. Todos los trabajos deben presentarse en formato MS Word (versión 2007) o formato LaTeX (por medio de la plantilla que puede descargar en https://github.com/hepfpeh/cts-DIGI). Tamaño carta, letra Times New Roman 12 puntos, interlineado de 1.5, márgenes de 2.5 cm, a una columna, sin justificar, páginas numeradas y las citas y referencias de acuerdo al Manual de Publicaciones de la *American Psycochological Association* (APA) 6a edición. El sistema de medidas utilizado debe ser el sistema métrico decimal y las palabras en otro idioma deben aparecer en cursiva, excepto las abreviaturas comunes en el idioma en que se escribe (et al., per se, a priori, etc.)

5. Todos los trabajos deben incluir una portadilla, donde se consigne el título corto (no mayor a 11 palabras), título en español e inglés, los nombres de los autores (nombre, apellido), su afiliación institucional (utilizar números arábicos en superíndice) y dirección electrónica para enviar correspondencia (se indicará al autor con un asterisco).

6. Los manuscritos que informen investigaciones con seres humanos o animales, deben incluir una sección de Aspectos Éticos del trabajo, incluyendo la aprobación por un Comité de Ética cuando corresponda, el consentimiento informado en caso de estudios con seres humanos y los procedimientos utilizados para el manejo ético de animales de laboratorio.

7. Las tablas, figuras e imágenes, deben ser enviadas en archivos separados (archivos complementarios OJS) y en el formato original utilizado (Ej. .doc, .docx, .xls, .xlsx, .png, .jpg, TIFF). Las imágenes en colores, deben tener un mínimo de 300 dpi de resolución. Para el caso de mapas, se debe colocar los créditos, sistema de coordenadas y escala.

Instrucciones específicas:

Se recomienda a los autores revisar un número anterior de la revista para visualizar el contenido del artículo previo a su envío.

1. Artículo científico

Son artículos que informan sobre resultados de proyectos de investigación. La extensión máxima es de 20 páginas e incluye lo siguiente:

a. Resumen: Objetivos, metodología, resultados más relevantes y conclusión. No más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
b. Abstract (inglés): Objetivos, metodología, resultados más relevantes y conclusión. No más de 250 palabras, incluir 5 keywords
c. Introducción
d. Métodos
e. Resultados
f. Discusión
g. Agradecimientos (incluir fuente y número de financiamiento)
h. Referencias (Normas APA)
i. Tablas y Figuras (Normas APA)

2. Artículos de revisión

Los artículos de revisión presentan temas de importancia tratados por expertos y únicamente se aceptan por invitación del Consejo Editorial. La extensión máxima es de 20 páginas y deben incluir lo siguiente:

La reproducción total o parcial del contenido e imágenes de esta publicación se rige de acuerdo a normas internacionales sobre protección a los derechos de autor, con criterio especificados en la licencia Creative Commons (CC BY-NC-SA 4.0)

a. Resumen: no más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
b. Abstract (inglés): incluir 5 keywords
c. Introducción
d. Contenido
e. Conclusiones
f. Referencias (mínimo 50 referencias)
g. Tablas y Figuras (Normas APA)

3. Ensayos

Los ensayos son trabajos en que el autor aborda su interpretación de un tema relevante a la ciencia, la tecnología o la salud. Plantea argumentos y opiniones personales basados en literatura científica, concluyendo con una posición sobre el tema seleccionado. La extensión máxima es de 20 páginas e incluye lo siguiente:

a. Resumen: no más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
b. Abstract
c. Introducción
d. Contenido
e. Conclusiones
f. Referencias (Normas APA)

4. Reseñas

Las reseñas son revisiones y comentarios sobre nuevos libros (con ISBN), videos u otras obras. Su extensión máxima es de dos páginas y su formato es libre. Debe incluir la referencia bibliográfica completa, fotografía de la obra y dirección electrónica cuando aplique.

5. Reporte de casos

Estos artículos presentan en forma detallada y documentada casos especiales que merezcan la atención del ámbito de la revista. Pueden ser casos clínicos, tecnológicos o de otros campos de la ciencia. La extensión máxima es de 10 páginas e incluye lo siguiente:

a. Resumen: no más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
b. Abstract: incluir 5 keywords
c. Introducción
d. Presentación del caso
e. Discusión
f. Referencias (Normas APA)
g. Tablas y Figuras (Normas APA)

6. Comunicaciones cortas

Estos artículos presentan datos de interés sobre un estudio limitado o resultados preliminares de una investigación de impacto. Los artículos breves incluyen (pero no se limitan): desarrollo de nuevos materiales, experimentos y teoría de vanguardia, novedad en simulación y modelación, elucidación de mecanismos químicos. La extensión máxima es de 10 páginas e incluye lo siguiente:

a. Resumen: no más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
b. Abstract: incluir 5 keyworks
c. Introducción
d. Métodos
e. Resultados
f. Discusión
g. Agradecimientos
h. Referencias

7. Conferencias de congresos científicos

Son conferencias presentadas en congresos o eventos científicos acordes a la temática de la revista. El Comité Organizador del congreso o evento científico hace una solicitud formal al Comité Editorial para la asignación editorial. Las conferencias son revisadas, editadas y seleccionadas por el Comité Organizador y no son evaluadas por pares. La extensión máxima es de 20 páginas e incluye lo siguiente:

a. Portadilla
b. Resumen: no más de 250 palabras. Incluir 5 palabras clave
c. Abstract y keywords
c. Introducción
d. Contenido
e. Conclusiones
f. Referencias (Normas APA)

8. Resúmenes de congreso

Se publicarán ponencias orales o de poster de Congresos que así lo soliciten. Los trabajos incluyen:

a. Título en español e inglés
b. Nombre y afiliación de los autores
c. Nombre del autor responsable al que se dirige la correspondencia
d. Resumen: objetivo, metodología, resultados más relevantes y conclusión. Máximo 250 palabras, incluir 5 palabras clave.
e. Abstract (resumen en inglés), incluir 5 keywords.
f. Nombre del Congreso, lugar y fecha, y modo en que fue presentado (Oral o Póster)

Proceso de publicación

El proceso de publicación tiene tres etapas. La primera realizada por el Comité Editorial para revisar formato, redacción, estructura y estadística; con las observaciones se devuelve al autor para su corrección. La segunda etapa consiste en el envío a pares ciegos externos, en caso de opiniones contradictorias, se enviará a un tercer par. La última etapa consiste en la edición final (filología), diagramación y aceptación de prueba de imprenta. Los autores deberán contestar las demandas de corrección en cada etapa, en un máximo de 30 días, en caso contrario, el manuscrito se declarará rechazado y deberá comenzar el trámite de aceptación nuevamente.

Editorial

Artículos Científicos

Efecto del microhábitat sobre la abundancia y riqueza específica de los macroinvertebrados bentónicos en dos ríos tropicales de montaña, Guatemala
Gabriela Dávila-Recinos, José R. Ortíz-Aldan, Fátima Reyes-Morales

Evaluación de la resistencia de genotipos de tomate frente a aislados de* Phytophthora infestans *provenientes de Guatemala
Julio E. Berdúo-Sandoval, José A. Ruiz-Chután, Amílcar Sánchez-Pérez

Aislamiento y producción de basidiomas de cepas nativas de* Volvariella bombycina *(Schaeff.) Singer, utilizando desechos agrícolas
Julio E. Peralta-Rivera, Osberth Morales, María del Carmen Bran, Roberto Flores Arzú, Edin F. Orozco

Evaluación de dos fórmulas de yogur enriquecido con harina de* Acheta domesticus *y harina de* Brosimum alicastrum *Swartz como alimentos complementarios
Sergio A. Hernandez, Claudia I. Ralda, Axel J. Godoy, Edgar A. Polanco, Hugo R. Pérez

Ensayos Científicos

La tabla de eclipses en el códice de Dresden. Más de cien años de estudio y discusión
David Marín, Joshua Lemus

Las malezas, plantas incomprendidas
Mauricio Guzmán, Manuel J. Martínez-Ovalle

Reporte de Casos

Patrón sugestivo de anticuerpos contra el aparato de Golgi en un paciente con uveitis
Kevin Ortiz, Egly Álvarez, Ricardo Arreola, Maynor Herrera

Los artículos científicos son indexados en:

latindex RedALyC DOAJ DIRECTORY OF OPEN ACCESS JOURNALS LILACS MIAR Matriz de Información para el Análisis de Revistas BASE EBSCO HOST

http://digi.usac.edu.gt/ojsrevistas