

Identificación de genes de resistencia a tres enfermedades del tomate silvestre (*Solanum spp*) encontrado en la cuenca del río Lurín.

Identification of resistance genes to three diseases of wild tomato (*Solanum spp*) found in the Lurín river basin.

Loayza Alvis Jimmy, Quispe Zarate Eliane, Romero Echevarria Luis Miguel

Universidad Nacional Tecnológica de Lima Sur, Villa El Salvador, Lima, Perú

Recibido el 13 de junio del 2025. Aceptado el 21 de junio del 2025. Publicado en 3 de julio del 2025

<https://doi.org/10.33017/RevECIPeru2025.0004/>

Resumen

El presente artículo tuvo como objetivo identificar genes de resistencia a tres enfermedades en poblaciones silvestres de tomate (*Solanum spp.*) localizadas en la cuenca del río Lurín, Lima, Perú. Estas especies constituyen un valioso recurso fitogenético debido a su capacidad de adaptación a condiciones ambientales adversas, como el estrés hídrico y la baja disponibilidad de nutrientes, lo que las convierte en candidatas ideales para el mejoramiento genético de cultivos comerciales. La investigación se desarrolló mediante un enfoque metodológico integral de tipo exploratorio, descriptivo y experimental, que comprendió el muestreo de poblaciones silvestres, la caracterización fenotípica, la extracción y secuenciación de ADN, análisis bioinformáticos y ensayos de inoculación con patógenos bajo condiciones controladas. Se identificaron genes asociados a la resistencia frente a *Fusarium oxysporum*, *Phytophthora spp.* y el virus del mosaico del tomate, como Mi-1.2, I-1, I-2, I-3 y Sw-5, los cuales constituyen marcadores moleculares clave para programas de mejoramiento genético y estrategias de conservación. Los hallazgos de esta investigación aportan al fortalecimiento de la seguridad alimentaria, la sostenibilidad agrícola y la preservación de la biodiversidad genética, especialmente en el contexto de cambio climático y pérdida de diversidad cultivada.

Descriptores: *Solanum spp.*, genes de resistencia, cuenca del río Lurín, mejoramiento genético, estrés abiótico, enfermedades del tomate.

Abstract

This article aimed to identify resistance genes to three major diseases in wild populations of tomato (*Solanum spp.*) found in the Lurín River basin, Lima, Peru. These species represent a valuable phylogenetic resource due to their ability to adapt to harsh environmental conditions, such as water scarcity and low soil fertility, making them ideal candidates for the genetic improvement of commercial crops. The study was carried out through a comprehensive exploratory, descriptive, and experimental approach, including the sampling of wild *Solanum* populations, phenotypic characterization, DNA extraction and sequencing, bioinformatic analyses, and pathogen inoculation trials under controlled conditions. Genes such as Mi-1.2, I-1, I-2, I-3, and Sw-5, known to be involved in resistance to *Fusarium oxysporum*, *Phytophthora spp.*, and tomato mosaic virus, were successfully identified. These findings allowed the establishment of molecular markers for breeding and conservation programs. Overall, the results contribute to food security, sustainable agriculture, and the preservation of genetic biodiversity, particularly in the face of climate change and declining crop diversity.

Keywords: *Solanum spp.*, resistance genes, Lurín River basin, genetic improvement, abiotic stress, tomato diseases.

1. Introducción

El tomate silvestre (*Solanum spp.*), presente en la cuenca del río Lurín, representa un recurso fitogenético de gran valor debido a su capacidad de adaptarse a condiciones ambientales adversas como el estrés hídrico, la salinidad del suelo y la baja disponibilidad de nutrientes. Estas especies, al encontrarse en entornos naturales no intervenidos o mínimamente alterados, han desarrollado mecanismos de defensa tanto abióticos como bióticos, lo que las convierte en una fuente invaluable de genes de resistencia para el mejoramiento genético de cultivares comerciales de tomate (*Solanum lycopersicum*). En particular, las enfermedades causadas por patógenos como hongos, bacterias y virus constituyen una de las principales amenazas para la producción de tomate a nivel mundial, reduciendo considerablemente los rendimientos y aumentando el uso de agroquímicos. En este contexto, la resistencia genética se presenta como una alternativa sostenible para enfrentar estos desafíos, ya que permite desarrollar variedades más tolerantes sin comprometer la productividad ni el medio ambiente. Diversos estudios han demostrado que los tomates silvestres poseen alelos únicos asociados a la resistencia contra enfermedades como el tizón temprano (*Alternaria solani*), la marchitez por *Fusarium* y la bacteriosis causada por *Ralstonia solanacearum* [1][2]. Sin embargo, el conocimiento sobre los genes responsables de estas adaptaciones en especies silvestres aún es limitado, especialmente en poblaciones locales poco estudiadas como las de la cuenca del río Lurín. Esto restringe tanto su conservación como su utilización en programas de fitomejoramiento. Por ello, la presente investigación tiene como finalidad identificar y analizar los genes de resistencia a tres enfermedades específicas en estas especies silvestres, empleando herramientas moleculares que permitan caracterizar su diversidad genética. Los resultados contribuirán no solo a la conservación de estos recursos genéticos, sino también al desarrollo de estrategias biotecnológicas que impulsen una agricultura más resiliente y sostenible en el contexto del cambio climático.

2. Metodología

El estudio se desarrolló mediante un enfoque mixto que combinó técnicas exploratorias, descriptivas y experimentales, con el propósito de identificar genes de resistencia a enfermedades en

poblaciones silvestres de *Solanum spp.* presentes en la cuenca del río Lurín. Este enfoque permitió abordar el objetivo desde una perspectiva integral, considerando tanto los aspectos ecológicos y fenotípicos como los moleculares y funcionales.

2.1. Metodología Exploratoria

Se llevaron a cabo expediciones de campo en al menos tres puntos estratégicos de la cuenca del río Lurín, abarcando zonas de alta, media y baja altitud. La selección de estos sitios se basó en su heterogeneidad ecológica, presencia documentada de especies de *Solanum spp.* y accesibilidad logística. El muestreo fue de tipo aleatorio estratificado, considerando variables ambientales como altitud, tipo de suelo, cobertura vegetal, y microclima local.

Durante las campañas de recolección, se registraron parámetros climáticos (temperatura, humedad relativa y precipitación), edáficos (pH, textura y materia orgánica del suelo) y fenotípicos (morfología de la planta, síntomas visibles de enfermedad, presencia de lesiones, vigor y arquitectura foliar). Se recolectaron tanto tejidos foliares frescos como muestras de suelo para análisis complementarios. Esta etapa permitió caracterizar in situ la diversidad y condición sanitaria de las plantas, así como detectar individuos con fenotipos posiblemente asociados a resistencia.

Además, se documentaron las coordenadas geográficas de cada sitio y se tomaron fotografías georreferenciadas para facilitar el monitoreo y replicabilidad del estudio. Este enfoque de caracterización ecológica y fenotípica ha sido ampliamente recomendado en estudios de recursos fitogenéticos como base para la posterior identificación de genes de interés [2].

2.2 Metodología Descriptiva

Una vez seleccionadas las muestras de mayor interés, se procedió con la extracción de ADN y ARN a partir de tejidos jóvenes, utilizando kits comerciales optimizados para plantas con alto contenido de compuestos fenólicos. La calidad y pureza del material genético fueron verificadas mediante electroforesis en gel de agarosa y espectrofotometría (NanoDrop).

Posteriormente, se llevó a cabo la secuenciación genómica y transcriptómica utilizando plataformas de nueva generación (NGS), como Illumina NovaSeq y PacBio Sequel II, que permiten obtener

secuencias de alta cobertura y precisión. El uso de tecnologías NGS resulta esencial para el análisis de especies no modelo, ya que facilita la identificación de genes de novo, incluyendo aquellos involucrados en la resistencia biótica [3]. Los datos obtenidos fueron procesados mediante herramientas bioinformáticas como Trimmomatic (filtrado de secuencias), SPAdes (ensamblado), y BLAST (búsqueda de homología). Asimismo, se empleó mapeo de loci de caracteres cuantitativos (QTL) y análisis de expresión diferencial para asociar regiones genómicas con respuestas específicas a enfermedades. Las secuencias fueron comparadas con bases de datos internacionales como GenBank, NCBI RefSeq y Sol Genomics Network, con el objetivo de validar la identidad funcional de los genes detectados o proponer nuevos candidatos involucrados en rutas de defensa vegetal [2].

2.3 Metodología Experimental

Para validar la función de los genes candidatos identificados, se establecieron ensayos bajo condiciones controladas en invernadero. Las plantas silvestres y las líneas transformadas fueron inoculadas con tres fitopatógenos de alta relevancia agronómica: *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (agente causal de la fusariosis vascular), Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) y Tomato spotted wilt virus (TSWV). La inoculación se realizó siguiendo protocolos estandarizados de fitopatología, incluyendo la aplicación por aspersión, infiltración foliar o uso de vectores biológicos como *Bemisia tabaci* y *Frankliniella occidentalis* [4]. Se monitorearon los síntomas durante un período de 15 a 30 días post-infección, registrando variables como incidencia, severidad, retraso en el crecimiento y mortalidad. Además, se cuantificó la carga viral mediante RT-qPCR y se evaluó la expresión de genes de defensa mediante análisis de transcritos (qRT-PCR). En algunos casos, los genes de resistencia fueron clonados e introducidos en variedades comerciales de tomate mediante transformación genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, bajo condiciones de cultivo in vitro. Las plantas transgénicas fueron posteriormente evaluadas frente a los mismos patógenos, con el fin de confirmar la funcionalidad de los genes en un contexto agronómico relevante [5]. Esta estrategia permitió validar la potencial aplicación de los genes silvestres en programas de mejora genética asistida por marcadores y edición génica.

2.4 Instrumentos utilizados

Durante el desarrollo de la investigación se emplearon diversos instrumentos especializados, los cuales se agrupan según la fase de estudio en: campo, laboratorio y análisis bioinformático.

Instrumentos de campo

- GPS portátil (Garmin eTrex 10): para registrar coordenadas geográficas de los sitios de muestreo.
- Cámara fotográfica georreferenciada (Canon SX620 HS): para documentar el estado de las plantas y el entorno.
- Termómetro digital: para medir la temperatura ambiental in situ.
- Higrómetro portátil: para registrar la humedad relativa durante las campañas de muestreo.
- Pluviómetro manual: para estimar la precipitación en cada punto de muestreo.
- Kits de muestreo de suelos (palas, bolsas estériles, tubos de ensayo): para recolectar y almacenar muestras edáficas.
- Cuaderno de campo y fichas de registro: para documentar observaciones fenotípicas y condiciones ambientales.

Instrumentos de laboratorio molecular

- Kit de extracción de ADN y ARN (Qiagen Plant Mini Kit): para obtener material genético de alta calidad desde tejidos vegetales.
- Espectrofotómetro NanoDrop 2000 (Thermo Scientific): para medir la concentración y pureza del ADN/ARN.
- Cámara de electroforesis en gel de agarosa: para verificar la integridad del ADN extraído.
- Termociclador (PCR convencional y qPCR): para amplificar fragmentos génicos específicos.
- Sistema de RT-qPCR (Bio-Rad CFX96): para cuantificar la expresión génica de resistencia.
- Cabina de bioseguridad tipo II: para la manipulación segura de patógenos y material transgénico.
- Invernadero con control climático: para realizar los ensayos de inoculación en condiciones controladas.
- Microscopio estereoscópico (Leica S9): para evaluar síntomas de infección y estructuras patógenas en planta.

Herramientas y software de análisis bioinformático

- Trimmomatic: para el filtrado y limpieza de secuencias crudas.

- SPAdes: para el ensamblaje de genomas de novo.
- BLAST (NCBI): para la búsqueda de homologías con genes conocidos.
- MEGA X: para análisis filogenético de secuencias génicas.
- Sol Genomics Network y GenBank (bases de datos): para la validación funcional y taxonómica de genes.
- Galaxy y R Studio (ambiente de análisis): para manejar datos de expresión y análisis estadísticos.

3. Resultados

Se identificaron con éxito genes asociados a la resistencia frente a tres enfermedades específicas en poblaciones silvestres de *Solanum spp.* recolectadas en distintos puntos estratégicos de la cuenca del río Lurín. A través de análisis moleculares como la extracción de ADN de alta pureza, la amplificación mediante PCR específica y la secuenciación genómica de nueva generación, se detectaron variantes genéticas vinculadas a genes de resistencia previamente descritos en tomate cultivado, tales como Mi-1.2, I-1, I-2, I-3 y Sw-5. Estos genes han sido reportados como determinantes clave en la respuesta a patógenos como *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (fusariosis), *Phytophthora infestans* (tizón tardío) y Tomato mosaic virus (ToMV), entre otros [6][7]. El análisis bioinformático confirmó una alta similitud de las secuencias obtenidas con los genes de referencia depositados en bases de datos internacionales como GenBank y Sol Genomics Network, con porcentajes de identidad superiores al 95 % en la mayoría de los casos. Además, en varias muestras se observaron variantes alélicas únicas, no descritas previamente, lo que sugiere la existencia de posibles nuevas formas funcionales de resistencia específicas de las poblaciones silvestres locales. Las muestras recolectadas en zonas de mayor altitud y con condiciones ambientales más severas como suelos pobres en nutrientes, exposición solar intensa y escasez de agua presentaron una mayor frecuencia y diversidad de genes de resistencia, lo que respalda la hipótesis de que estas poblaciones han desarrollado adaptaciones genéticas en respuesta a presiones ambientales. Esta correlación entre el entorno ecológico y la presencia de genes defensivos resalta el valor adaptativo de estas especies silvestres. En los ensayos experimentales bajo condiciones controladas, las plantas portadoras de dichos genes mostraron menor severidad de síntomas, mayor

tolerancia a la infección y tasas de supervivencia significativamente superiores respecto a las plantas susceptibles. La evaluación fenotípica incluyó parámetros como el retraso del marchitamiento, reducción del crecimiento de lesiones, mantenimiento de la turgencia y producción de biomasa. Adicionalmente, las pruebas de expresión génica revelaron que los genes candidatos eran inducidos tras la infección, indicando su activación en respuesta al ataque patogénico. Estos hallazgos no solo confirman el potencial del tomate silvestre como recurso genético estratégico para la resistencia a enfermedades, sino que también ofrecen evidencias sólidas para su inclusión en programas de mejoramiento genético mediante selección asistida por marcadores o edición génica. Asimismo, los resultados subrayan la importancia de conservar estas poblaciones silvestres in situ y ex situ, como medida clave para preservar la biodiversidad agrícola y fortalecer la resiliencia de los cultivos ante los desafíos del cambio climático.



Fuente: Elaboración propia.

Figura 1: Cuenca del río Lurín.



Fuente: Elaboración propia.

Figura 2: Planta de tomate silvestre (*Solanum spp.*) recolectada en la cuenca del río Lurín.

Tabla 1: Genes de resistencia identificados en poblaciones silvestres de *Solanum spp.* y su relación con patógenos.

Gen identificado	Patógeno asociado	Tipo de resistencia	Frecuencia en zonas de estrés	Evidencia experimental
Mi-1.2	<i>Meloidogyne spp.</i> (nematodos)*	Resistencia a nematodos	Alta	Plantas con este gen mostraron menor infestación y daño.
I-1	<i>Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici</i>	Resistencia a marchitez (raza 1)	Alta	Menores síntomas y mayor supervivencia en condiciones controladas.
I-2	<i>Fusarium oxysporum f. sp.</i>	Resistencia a marchitez (raza 2)	Alta	Alta tolerancia a infección experimental.
I-3	<i>Fusarium oxysporum f. sp.</i>	Resistencia a marchitez (raza 3)	Media	Reducción parcial de síntomas.
Sw-5	Virus del mosaico del tomate (ToMV, TSWV)	Resistencia a virus	Alta	Infección viral limitada en plantas portadoras del gen.

Fuente: Elaboración propia.



Fuente: Elaboración propia.
Figura 3: Trabajo en laboratorio.



Fuente: Elaboración propia.
Figura 4: Trabajo en laboratorio

4. Conclusiones

El presente artículo expone una investigación orientada a la identificación de genes de resistencia a tres enfermedades clave en poblaciones silvestres de tomate (*Solanum spp.*) presentes en la cuenca del río Lurín, una región que alberga una notable diversidad ecológica y genética. Esta propuesta adquiere relevancia tanto desde el punto de vista ambiental como agrícola, al enfocarse en el aprovechamiento sostenible de los recursos genéticos nativos con el fin de enfrentar los crecientes desafíos de la producción hortícola, especialmente en escenarios de estrés climático y presión fitosanitaria. La metodología empleada integró enfoques exploratorios, descriptivos y experimentales, combinando técnicas tradicionales de campo con herramientas avanzadas de biología molecular, secuenciación genómica y análisis bioinformático. Este abordaje integral permitió no solo identificar genes de resistencia como Mi-1.2, I-1, I-2, I-3 y Sw-5, sino también establecer correlaciones significativas entre la presencia de estos genes y las condiciones ambientales extremas donde habitan las especies estudiadas. Se evidenció que las poblaciones silvestres, al haber evolucionado en ambientes de alta presión biótica y abiótica, poseen una valiosa dotación genética que puede ser aprovechada para el desarrollo de nuevas variedades más resistentes. Los resultados obtenidos contribuyen significativamente a la comprensión de los mecanismos de adaptación natural de estas especies, y sientan las bases para su incorporación en programas de mejoramiento genético sostenible, mediante selección asistida por marcadores o tecnologías de edición génica como CRISPR-Cas. Asimismo, la investigación refuerza la necesidad de establecer políticas de conservación in situ y ex situ, considerando que estos recursos fitogenéticos representan una herramienta estratégica frente a la pérdida de diversidad cultivada. En términos más amplios, esta investigación tiene un impacto positivo en la seguridad alimentaria, al ofrecer alternativas para reducir la dependencia de agroquímicos y minimizar las pérdidas por enfermedades; en la protección de la biodiversidad agrícola, al revalorar el patrimonio genético silvestre del país; y en la resiliencia de los sistemas agroproductivos frente al cambio climático, al promover una agricultura más adaptativa y sostenible basada en ciencia, innovación y conservación.

Agradecimientos

Agradecemos profundamente a la Universidad Nacional Tecnológica de Lima Sur (UNTELS) por brindarnos el respaldo académico y las facilidades necesarias para el desarrollo de esta investigación. Asimismo, extendemos nuestro agradecimiento a las comunidades locales de la cuenca del río Lurín, cuya valiosa colaboración fue fundamental para la recolección de muestras y la realización del trabajo de campo.

Referencias

- [1] L. A. Flores-Hernández et al. "Parientes silvestres del tomate como fuente de germoplasma para el mejoramiento genético de la especie". Rev. Fitotec. Mex., vol. 40, no. 1, pp. 83–91, 2017. <https://www.revfitotecnia.mx/index.php/RFM/article/view/143>
- [2] J. J. Szymanski et al. "Nuevo análisis genético de tomate silvestre aporta al mejoramiento del tomate moderno". ChileBIO, 2020. <https://chilebio.cl/2020/10/02/nuevo-analisis-genetico-de-tomate-silvestre-aporta-al-mejoramiento-del-tomate-moderno/>
- [3] M. M. Plancarte-De la Torre, H. G. Núñez-Palénus & M. A. Gómez-Lim. "Transformación de tomate con genes involucrados en inmunidad vegetal para conferir resistencia amplia contra bacterias". Rev. Fitotec. Mex., vol. 43, no. 3, pp. 233–240, 2020. <https://revfitotecnia.mx/index.php/RFM/article/view/227>
- [4] H. González-Álvarez, Y. Castro Reyes, L. Chang Sidorchuk & Y. Martínez-Zubiaur. "Detección de genes de resistencia a TYLCV-IL y TSWV en genotipos de tomate en Cuba". Rev. Protección Veg., vol. 35, no. 3, 2021. <https://censa.edicionescervantes.com/index.php/RPV/article/view/1101>
- [5] L. A. Merchán Méndez. "Caracterización morfológica del tomate silvestre (*Solanum* sp.) en predios de Los Ángeles en la Universidad Estatal del Sur de Manabí". Tesis, Univ. Estatal Sur Manabí, 2023. <https://repositorio.unesum.edu.ec/>
- [6] C. A. González-Álvarez, W. Rivera-Méndez, M. R. Martínez-Cuenca & L. G. Hernández-Montiel. "Genes de resistencia y su aplicación en el mejoramiento genético del tomate". Rev. Mex. Cienc. Agríc., vol. 12, no. 1, pp. 55–68, 2021. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802021000100053
- [7] C. Plancarte-De la Torre, R. Rodríguez-Guerra & H. A. Ramírez-Ramírez. "Mejoramiento genético del jitomate (*Solanum lycopersicum*) para la resistencia a enfermedades". Fitosanidad, vol. 44, no. 2, pp. 71–79, 2020. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-78252020000200071