



Diversidad genética de *Fusarium oxysporum* asociado a la marchitez por Fusarium en banano

Gilberto Manzo-Sánchez*, Carlos Luis Leopardi-Verde¹, Marco Tulio Buenrostro-Nava, ¹Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima, Autopista Colima-Manzanillo km 40, C.P. 28930, Tecomán, Colima, México; Mario Orozco-Santos, INIFAP-Campo Experimental Tecomán, Colima, km 35, Ap. Postal 88, C.P. 28100, Tecomán, Colima, México; Blondy Canto-Canché, Unidad de Biotecnología. Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C, Calle 43 No. 130 X 32 y 34, Col. Churburná de Hidalgo, C.P. 97205, Mérida, Yucatán, México.

*Autor de Correspondencia
Gilberto Manzo-Sánchez
gmanzo@ucol.mx

Sección:
Edición periódica

Recibido:
12 Mayo, 2024
Aceptado:
10 Agosto, 2025
Publicado:
26 Agosto, 2025

Cita:
Manzo-Sánchez G, Leopardi-Verde CL, Buenrostro-Nava MT, Orozco-Santos M y Canto-Canché B. 2025. Diversidad genética de *Fusarium oxysporum* asociado a la marchitez por Fusarium del banano. Revista Mexicana de Fitopatología 43(3): 81. <https://doi.org/10.18781/R.ME.X.FIT.2405-7>

RESUMEN

Antecedentes/Objetivo. El objetivo de la presente investigación fue analizar aislamientos de *Fusarium oxysporum* (Fo) de diferentes regiones productoras de banano de México, empleando marcadores SSR.

Materiales y Métodos. Se recolectaron pseudotallos (*Musa* spp.) de plantas de banano y plátano (*Musa* spp.) de las variedades 'Pisang Awak' (ABB), 'Manzano' (AAB), y 'Pera' (ABB) que mostraron marchitez, en parcelas comerciales de cinco regiones productoras de México: en los estados de Colima, Michoacán, Jalisco, Nayarit y Yucatán. Seis loci de SSR fueron analizados para determinar la estructura poblacional sobre 96 aislamientos de *Fusarium oxysporum*. El número y frecuencia de haplotipos fue calculado en POPGENE. Con esta información, la similaridad genética de las poblaciones fue estimada usando el índice de disimilaridad de Morisita empleando el paquete R. Con los datos de haplotipos, se realizó un análisis de varianza molecular para evaluar la diferenciación genética entre regiones (FCT), entre poblaciones en cada región (FSC), y entre todas las poblaciones incluidas en el análisis (FST). Adicionalmente, para ilustrar las relaciones entre haplotipos, y su distribución y frecuencia entre las poblaciones muestreadas fue generado una red de expansión mínima.

Resultados. Después de siete días en cultivo PDA, todos los aislamientos mostraron micelio blanco algodonoso, el cuales fue planos o aéreos, y presentaron coloración en la superficie superior de violeta claro a violeta oscuro. Sin embargo, en la superficie inferior, las colonias presentaron coloraciones desde naranja hasta rojo oscuro. Se observaron monofálides cortas, unicelulares o bicelulares, con microconidios ovalados. Los macroconidios fueron falciformes y con tres o cuatro septos. Estas características se ajustan a los criterios taxonómicos de *F. oxysporum*. Todos los loci analizados fueron polimórficos en los 96 aislamientos de Fo. Se detectaron 16 haplotipos, de los cuales el más frecuente y común fue el H16; los demás fueron poco comunes y podrían estar ampliamente dispersos o restringidos a una o dos poblaciones. Además, no se encontró diferencias genéticas entre las tres poblaciones analizadas, así como tampoco se



determinó una estructura genética ni diferenciación a ningún nivel de comparación. Estos hallazgos se relacionan como un complejo de los aislamientos de Fo, no necesariamente relacionados con las razas Foc reportadas en banano.

Conclusión. Los análisis no detectaron diferencias genéticas significativas entre las poblaciones estudiadas de Fo, ni se encontró estructura ni diferenciación genética a ningún nivel. Por lo tanto, nuestros datos sugieren que las poblaciones analizadas constituyen una única metapoblación, a pesar de la presencia de haplotipos poco frecuentes o únicos.

Palabras clave: Foc R4T, Genotipos de banano, Marcadores SSR

INTRODUCCIÓN

Los plátanos y bananos (*Musa* spp.) son el cuarto cultivo más importante del mundo, solo por debajo del arroz, el trigo y el maíz (FAOSTAT, 2024). Esta fruta está disponible todo el año y se cultiva en 135 países en regiones tropicales y subtropicales. Aunque el banano representa una fuente significativa de ingresos en la región de latinoamérica, solo 15 % de la producción se exporta como fruta fresca, ya que la mayoría de la cosecha se realiza en pequeñas fincas o traspatios para el consumo nacional o los mercados locales (FAOSTAT, 2024).

Los plátanos y bananos son afectados por varios patógenos en todo el mundo, un ejemplo es la marchitez por Fusarium, causada por el hongo *Fusarium oxysporum* (Fo), esta enfermedad es especialmente preocupante. El complejo específico de *F. oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc), constituido al menos por cuatro razas, es considerada una de las enfermedades más destructivas para este cultivo (van Westerhoven *et al.*, 2022). Foc produce tres tipos de esporas asexuales: macroconidios, microconidios y clamidosporas, que desempeñan funciones en la dispersión, infección, la reproducción y la supervivencia (Pegg *et al.*, 2019). Cuando Foc invade una plantación es difícil de controlar, ya que el patógeno permanece en el suelo durante largos periodos (Maryani *et al.*, 2019). Así, la alternativa más efectiva para controlar la enfermedad es el reemplazo de cultivares susceptibles por cultivares resistentes al patógeno.

En el pasado, casi todas las plantaciones comerciales del mundo cambiaron sus variedades susceptibles por genotipos del subgrupo Cavendish (genoma AAA). El reciente surgimiento de Foc Raza 4 Tropical (Foc R4T), capaz de infectar a miembros del subgrupo Cavendish, se ha convertido en la principal amenaza a la industria del plátano y el banano. Esto es más problemático porque, hoy en día, los mercados demandan principalmente frutos del clon 'Enano Gigante' del subgrupo Cavendish y no hay otros genotipos de banano resistentes disponibles (Ordoñez, 2018). En México, cerca de 40 mil hectáreas del cultivar 'Gros Michel' se vieron devastadas a mediados de la década de 1950 debido a Foc raza 1, lo que obligó a reemplazarlas por clones resistentes del subgrupo 'Cavendish', como 'Enano Gigante'. Por ejemplo, hace una década, el estado de Nayarit tenía 3 mil ha de cultivos de 'Manzano' y 3.5 mil ha de 'Gros Michel'. La producción de plátanos y bananos en México está concentrada en 16 estados, con Chiapas, Tabasco, Colima y Veracruz como los productores principales, representando 72.5 % del área sembrada, 75.3 % del volumen

producido y 66.3 % del valor de la producción del cultivo. El volumen obtenido en 2023 fue de 2,642,338 de toneladas, 1.9 % más que la producción del año anterior (SIAP, 2024).

El conocimiento de la diversidad genética de las poblaciones de hongos fitopatógenos y de su modo de reproducción es relevante para los programas de mejoramiento genético de cultivos y para reducir el impacto de la enfermedad (McDonald y Linde, 2002). En el caso de Foc, presenta una estructura genética relativamente diversa para un hongo de reproducción asexual (Martínez-de la Parte *et al.*, 2024). La información genética del patógeno puede usarse para diseñar prácticas de manejo efectivas contra la enfermedad, así como para programas de mejoramiento para desarrollar cultivares de banano resistentes o tolerantes, y para fines de cuarentena en un país o ubicación geográfica determinados (Magdama *et al.*, 2020; van Westerhoven *et al.*, 2022; Chittarath *et al.*, 2022; Baruah *et al.*, 2025). En México, a pesar del aumento sostenido de plantaciones de plátano y banano, la información sobre la diversidad y estructura genética de Foc es escasa. Esta investigación presenta el primer análisis en donde se estudian aislamientos de Fo de diferentes regiones usando marcadores SSR como un acercamiento preliminar para justificar estudios más a fondo sobre la diversidad de Foc.

El muestreo se realizó directamente sobre plantas de *Musa* de las variedades ‘Pisang Awak’ (ABB), ‘Manzano’ (AAB) y ‘Pera’ (ABB) afectadas por la marchitez por *Fusarium* en cinco regiones productoras de plátano de México: en los estados de Colima, Michoacán, Jalisco, Nayarit y Yucatán (Cuadro 1). En cada plantación muestreada se recolectaron pseudotallos de plantas de seis a ocho meses de edad, con síntomas de marchitez por *Fusarium*. Los haces vasculares decolorados se cortaron en 2 a 4 fragmentos y se almacenaron en una bolsa de papel. En el laboratorio, se obtuvieron cultivos monospóricos utilizando cultivos mediante el protocolo propuesto por Mostert *et al.* (2017). La morfología y las características culturales de los aislados de Fo se determinaron según lo descrito por Leslie y Summerell (2006). Se obtuvieron 96 cultivos monospóricos, los cuales fueron almacenados en glicerol esterilizado al 15 % (v/v) a -80 °C. No se realizaron pruebas adicionales para verificar la identidad del aislamiento como *F. oxysporum* f. sp. *cubense*. Para la extracción del ADN genómico de los 96 cultivos monospóricos de Fo, se siguió el protocolo de Möller y Bahnweg (1992). Se analizaron seis loci SSR para la caracterización de haplotipos. Los oligonucleótidos usados aparecen en el Cuadro 2. Dado que estos SSR fueron sugeridos para estudiar la estructura de Fo (Bogale *et al.*, 2005), no necesariamente se debe asumir que este trabajo se enfocó en aislamientos de Foc, así como en sus razas, excepto la raza 4 (Foc R4T), la cual no ha sido reportada de forma oficial en México. Los ciclos de PCR se realizaron según lo especificado por Bogale *et al.* (2005). Los productos PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 1.5 % y luego se tiñeron en bromuro de etidio y se documentaron en un sistema ChemiBis MF-2 (Bio-Imaging Systems, Neve Yamin, Israel). Se construyó una matriz binaria para los seis loci y un total de 96 aislamientos.

Cuadro 1. Sitios de recolección de muestras para el aislamiento de *F. oxysporum* en plantaciones comerciales de banano en cinco estados mexicanos.

Código del aislamiento	Municipio	Estado	Cultivar	Localización geográfica	Altitud (msnm)
ACM1	Armería	Colima	Silk (AAB)	18°53'23"N, 104° 0' 0" O	11
ACM2			Silk (AAB)	18°53'23"N, 104° 0' 0" O	11
ACP1			Bluggoe (ABB)	18° 54' 52"N, 103° 59'38" O	11
ACP2			Bluggoe (ABB)	18° 54' 52"N, 103° 59'38" O	11
ACM3			Silk (AAB)	18°54'5"N, 103°54'31"O	11
ACM4			Silk (AAB)	18°54'5"N, 103°54'31"O	11
ACM10			Silk (AAB)	18°53'10"N, 103°59'37"O	11
ACP11			Bluggoe (ABB)	18°55'24"N, 103°57'49"O	11
ACP15			Bluggoe (ABB)	18°55'24"N, 103°57'49"O	11
ACM13			Silk (AAB)	18°55'34"N, 103°58'2"O	11
TCM1	Tecomán	Colima	Silk (AAB)	18°55'3"N, 103°5' 13"O	40
TCM2				18°55'3"N, 103°5' 13"O	40
TCM8				18°48'44"N, 103°42'49" O	69
TCM9				18°48'44"N, 103°42'49" O	69
TCM10				18°48'44"N, 103°42'49" O	69
TCM11				18°48'44"N, 103°42'49" O	69
TCM12				18°48'44"N, 103°42'49" O	69
TCM13				18°50' 54"N, 163°99' 28" O	27
TCM14				18°50' 54"N, 163°99' 28" O	27
TCM15				18°50' 54"N, 163°99' 28" O	27
TCM16				18°50' 54"N, 163°99' 28" O	27
TCM1				18°58'2"N, 103° 50'33" O	62
MCP1	Manzanillo	Colima	Bluggoe (ABB)	18°57'0"N, 104°3'40"O	22
MCT3			Pisang awak (ABB)	109°02'48"N, 104°06'35"O	70
MCT4			Pisang awak (ABB)	109°02'48"N, 104°06'35"O	70
MCT5			Pisang awak (ABB)	109°02'48"N, 104°06'35"O	70
MCT6			Pisang awak (ABB)	109°02'48"N, 104°06'35"O	70
MCM7			Silk (AAB)	109°0'52"N, 104°9'22"O	21
MCM9			Silk (AAB)	109°0'52"N, 104°9'22"O	21
MCM10			Silk (AAB)	109°0'52"N, 104°9'22"O	21
MCM11			Silk (AAB)	109°0'52"N, 104°9'22"O	21
MCM13			Silk (AAB)	19°00'46"O, 104°09'25"O	21
MCM14			Silk (AAB)	19°00'46"O, 104°09'25"O	21
MCM15			Silk (AAB)	19°02'21"N, 104°14'08"O	16
SNM1	San Blas	Nayarit	Silk (AAB)	21°32'25"N, 105°07'51"O	325
SNP1			Bluggoe (ABB)	21°32'32"N, 105°08'01"O	206
SNM2			Silk (AAB)	21°32'32"N, 105°08'05"O	206
SNM3			Silk (AAB)	21°32'32"N, 105°08'05"O	206
SNM4			Silk (AAB)	21°32'41"N, 105°08'05"O	206
SNM5			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'12"O	206

SNM5.2			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'12"O	206
SNM6			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'12"O	206
SNM7			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'12"O	206
SNM8			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'17"O	206
SNM9			Silk (AAB)	21°32'44"N, 105°08'17"O	206
SNM10			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT1			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT2			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT3			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT4			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT5			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
SNT6			Pisang awak (ABB)	21°26'36"N, 105°11'20"O	33
AYP1			Bluggoe (ABB)	20°15'53"N, 89°21'37"O	32
AYP2	Akil	Yucatán	Bluggoe (ABB)	20°5'55"N, 89°21'37"O	32
AYM1			Silk (AAB)	20°15'52"N, 89°2'37"O	32
AYM2			Silk (AAB)	20°15'52"N, 89°21'22"O	32
OYM4			Silk (AAB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYM5			Silk (AAB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYM6			Silk (AAB)	20°13'14"N, 89°26'30"O	49
OYM7			Silk (AAB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYM8			Silk (AAB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYM9	Oxkutzcab	Yucatán	Silk (AAB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYP3			Bluggoe (ABB)	20°13'38"N, 89°27'32"O	49
OYM10			Silk (AAB)	20°16'42"N, 89°22'52"O	32
OYM11			Silk (AAB)	20°16'42"N, 89°22'52"O	32
OYM12			Silk (AAB)	20°16'42"N, 89°22'52"O	32
OYM13			Silk (AAB)	20°16'42"N, 89°22'52"O	32
OYM14			Silk (AAB)	20°16'42"N, 89°22'52"O	32
CMM1				18°40'41"N, 103°40'29"O	21
CMM2				18°40'43"N, 103°40'31"O	21
CMM3				18°40'22"N, 103°41'22"O	29
CMM4				18°39'57"N, 103°41'27"O	29
CMM5	Coahuayana	Michoacán	Silk (AAB)	18°44'04"N, 103°40'01"O	27
CMM6				18°44'04"N, 103°40'01"O	27
CMM7				18°42'59"N, 103°42'03"O	27
CMM8				18°42'59"N, 103°42'03"O	27
CMM9				18°42'59"N, 103°42'03"O	27
RJP1			Silk (AAB)	19°10'30.42"N 104°36'01.13"O	12
RJP2			Silk (AAB)	19°10'30.22"N, 104°36'01.25"O	12
RJP3	El Rebalse	Jalisco	Silk (AAB)	19°10'30.22"N, 104°36'01.57"O	12
RJP4			Silk (AAB)	19°10'30.04"N, 104°36'01.74"O	12
RJP5			Silk (AAB)	19°10'29.93"N, 104°36'02.17"O	12
RJP6			Silk (AAB)	19°10'29.83"N 104°36'02.41"O	12

RJP7	Silk (AAB)	19°10'39.42''N 104°36'07.12''O	12
RJP8	Silk (AAB)	19°10'38.67''N 104°36'06.60''O	12
RJP9	Silk (AAB)	19°10'38.38''N 104°36'05.71''O	12
RJP10	Silk (AAB)	19°10'38.86''N 104°36'07.77''O	12
RJP11	Bluggoe (ABB)	19°10'38.66''N 104°36'06.80''O	14
RJM12	Bluggoe (ABB)	19°10'39.20''N 104°36'09.30''O	14
RJM13	Bluggoe (ABB)	19°10'38.68''N 104°36'09.20''O	14
RJM14	Bluggoe (ABB)	19°11'15.86''N, 104°35'29.56''O	14
RJM15	Bluggoe (ABB)	19°11'16.26''N, 104°35'29.50''O	14
RJM16	Bluggoe (ABB)	19°11'17.05''N, 104°35'17.05''O	14
RJM17	Bluggoe (ABB)	19°11'17.35''N, 104°35'27.92''O	14
RJM18	Bluggoe (ABB)	19°11'17.72''N, 104°35'26.70''O	14
RJM19	Bluggoe (ABB)	19°11'21.94''N, 104°35'09.52''O	14
RJM20	Bluggoe (ABB)	19°11'21.83''N, 104°35'08.53''O	14

Cuadro 2. Información de los oligonucleótidos de repetición de secuencia simple (SSR) usados para analizar la diversidad genética de aislamientos de *Fusarium oxysporum* (modificado de Bogale *et al.*, 2005).

Oligonucleótido	^x Secuencia (5'-3')	Temperatura de empalme (°C)
G1/ MV15	F: CTCGTCCTTTGCGAATGACC	58
	R: GACCACCTCGGTGATGGTGAGACGG	
	R: CAAGCCGCTCTCCACGGCGAAGGCG	
MB18	F: GGTAGGAAATGACGAAGCTGAC	57
	R: TGAGCACTCTAGCACTCCAAAC	
	R: CGTCCTCAAGAGCAGCGAC	

^x F: forward, R: reverse

Los aislamientos totales se organizaron en tres grupos para mejorar la robustez del análisis y facilitar la interpretación de datos. Así, consideramos a los aislamientos de Colima, Jalisco y Michoacán como una población única por su continuidad regional y la falta de barreras ecológicas aparentes. Los aislamientos de Nayarit integran la segunda población, y los de Yucatán son la tercera población. Después, con base en la proximidad geográfica y las rutas de comercio de frutas y propágulos de plátano, estas se asignaron adicionalmente a dos regiones: (i) el este de México (muestras de Yucatán) y (ii) el occidente de México (aislamientos de Nayarit, Colima, Jalisco y Michoacán). El número y la frecuencia de los haplotipos se calcularon en POPGENE. Con estos datos, por medio del índice de similitud de Morisita en el paquete Vegan de R (Oksanen *et al.*, 2019), se estimó la semejanza genética de las poblaciones. Con los datos del haplotipo, también se realizó un análisis molecular de varianza (AMDEVA) para evaluar la diferenciación genética entre regiones (FCT), entre poblaciones en cada región (FSC) y entre todas las poblaciones

incluidas en el análisis (FST). Se realizó el AMDEVA en ARLEQUIN v. 3.5 con el uso de 1000 permutaciones. Además, para ilustrar las relaciones entre haplotipos y su distribución y frecuencia entre poblaciones, se generó una red de expansión mínima. La estructura genética se infirió mediante el análisis de componentes principales y la factorización matricial dispersa no negativa (sNMF) en LEA (Frichot y François, 2015). Se seleccionó el número óptimo de K con el uso de un criterio de entropía cruzada basado en la predicción de genotipos enmascarados para evaluar el error en la estimación de la ascendencia.

Los resultados de la caracterización cultural mostraron que el desarrollo del tamaño de la colonia tuvo un rango de 8.7 a 9.8 mm por día en un medio PDA a 28 °C. Después de siete días de cultivo, todos los aislamientos presentaron micelio blanco algodonoso, que podía ser plano o aéreo, de forma circular o irregular, con una coloración de violeta claro a violeta oscuro en la superficie superior. En el reverso de la placa de Petri, el color de las colonias variaba de naranja a rojo oscuro. Las monofiálides tuvieron un promedio de 3 a 5 septos, unicelulares o bicelulares, con microconidios ovalados de $5\text{--}15 \times 2.5\text{--}3.5 \mu\text{m}$. Los macroconidios eran de $23.5\text{--}47.8 \times 3.3\text{--}4.8 \mu\text{m}$, falciformes, con tres a cuatro septos (Leslie y Summerell, 2006). Estas características son típicas de *Fusarium oxysporum*. Por otra parte, los análisis moleculares, mostraron que todos los loci analizados fueron polimórficos en los 96 aislamientos mexicanos de *Fusarium oxysporum*. Se detectaron 16 haplotipos, de los cuales el más frecuente y común fue el H16 (Figura 1). El resto se encontró ampliamente disperso o restringido a una o dos poblaciones.

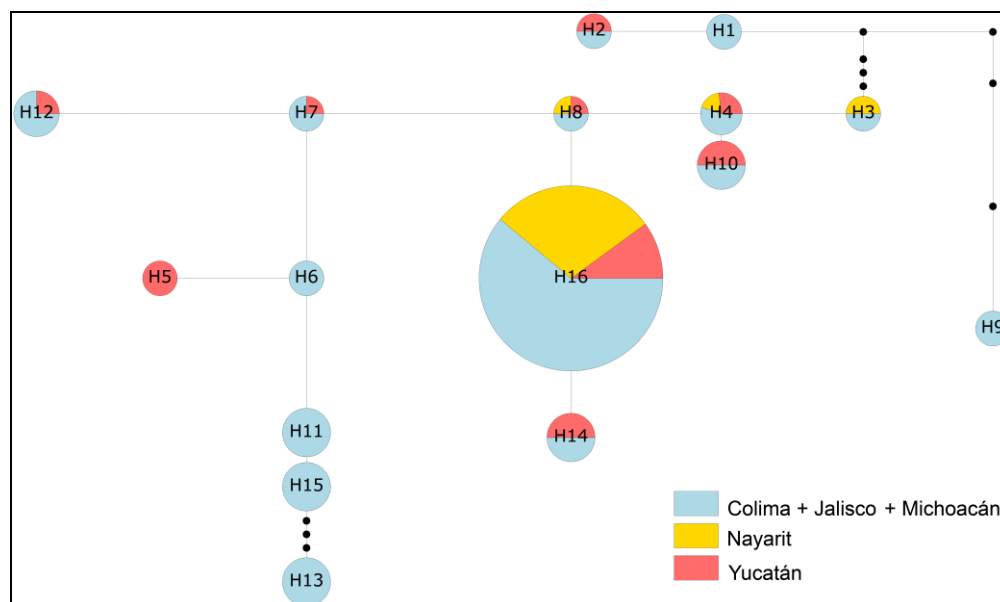


Figura 1. Una red de expansión mínima de 16 haplotipos encontrados en las poblaciones estudiadas de *Fusarium oxysporum*. Los pequeños puntos negos a lo largo de las ramas representan haplotipos ausentes. El H dentro de los círculos corresponde al identificador del haplotipo, el color indica el tipo de población y el tamaño del círculo representa la frecuencia del haplotipo.

Las diferencias genéticas entre las tres poblaciones analizadas no fueron significativas (Cuadro 3, Figura 2), ni entre regiones (Cuadro 4).

Cuadro 3. Disimilitud entre las poblaciones muestreadas de *Fusarium oxysporum*.

Población	Colima, Jalisco y Michoacán	Nayarit	Yucatán
Colima, Jalisco and Michoacán	—	—	—
Nayarit	0.097	—	—
Yucatán	0.000	0.255	—

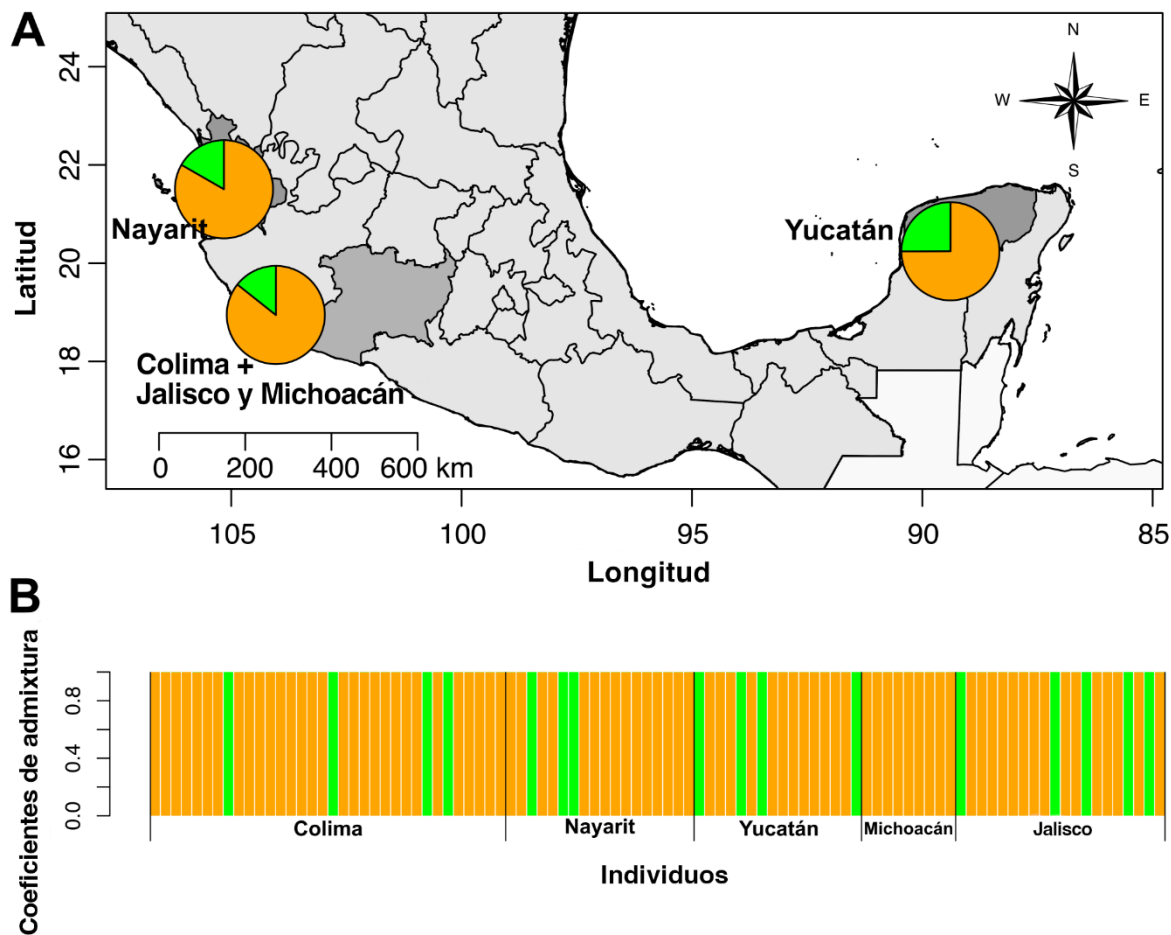


Figura 2. Análisis de la estructura genética de aislamientos de *Fusarium oxysporum* de diferentes localidades con base en la factorización matricial dispersa no negativa (sNMF). (A) Estructura poblacional para K = 2, representada en el mapa utilizando los valores promedio del coeficiente de ascendencia para cada población estimada. (B) Probabilidad de asignación grupal de cada individuo muestreado.

Cuadro 4. Análisis molecular de varianza (AMDEVA) con base en haplotipos asociados a 96 aislamientos de *Fusarium oxysporum* de Colima, Jalisco, Michoacán, Nayarit y Yucatán, agrupados en dos regiones (este y oeste de México).

Fuente de variación ^x	d.f.	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Variación (%)	FI	P
Entre regiones	1	0.921	-0.00145	-0.19	-0.00188	0.66960 ± 0.019
Entre poblaciones al interior de regiones	1	1.012	0.00888	1.15	0.01150	0.21114 ± 0.014
Entre poblaciones	94	71.778	0.76359	99.04	0.00964	0.23460 ± 0.011
Total	96	73.711	0.77103	—	—	—

^xd.f., grados de libertad; FI, índice de fijación; P, significancia.

Según estos resultados, las poblaciones mexicanas de Fo son genéticamente similares (Cuadros 3 y 4). Al analizar poblaciones ecuatorianas de Foc, Magdama *et al.* (2020) concluyeron que también integran un único linaje clonal. En este estudio se detectaron varios haplotipos de Foc, pero solo uno era dominante (Figura 1). Esto puede estar relacionado a la baja tasa de variabilidad de Foc como organismo asexual en comparación con organismos que se reproducen de forma sexual, tales como *Pseudocercospora fijiensis* (Manzo-Sánchez *et al.*, 2019; McDonald y Linde, 2002). Estos resultados también concuerdan con Bentley (1998), quien detecta solo un linaje de Foc en poblaciones mexicanas (linaje VIII). El mismo autor describe que este linaje es único en Centroamérica, pero no asignó un código de grupo de compatibilidad vegetativa (VCG). Por otra parte, Ordoñez (2018) especifica que el VCG 0124 hallado en México corresponde al complejo de grupo de compatibilidad 0124/5/8/20, cuyos miembros a nivel mundial se habían identificado como pertenecientes a las razas 1, 2 y 4. El VCG de Foc hallado en México nos permite plantear la hipótesis de que el patógeno en este país es una mezcla entre cepas nativas e introducidas. Si esto es cierto, las actividades humanas son responsables de la diseminación del linaje clonal.

El hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* es un patógeno genéticamente diverso con una distribución cosmopolita. Está compuesto de cuatro razas, de las cuales tres infectan a plátanos y bananos (Ploetz, 2015; Pegg *et al.*, 2019; Martínez-de la Parte *et al.*, 2024; Baruah *et al.*, 2025). Asimismo, se han reconocido más de 24 grupos de compatibilidad vegetativa (Koenig *et al.*, 1997; Ordoñez, 2018; Maryani *et al.*, 2019), y se han detectado al menos nueve linajes filogenéticamente agrupados en dos clados (Bentley *et al.*, 1998; Czisłowski *et al.*, 2018; O'Donnell *et al.*, 1998; Pegg *et al.*, 2019). Debido a que Foc se reproduce de forma preferentemente asexual, su diversidad genética está agrupada en linajes clonales (Bentley *et al.*, 1998; Pegg *et al.*, 2019). Esta diversidad puede enriquecerse por eventos parasexuales en los que puede ocurrir una transferencia horizontal de genes (Czisłowski *et al.*, 2018; Fourie *et al.*, 2009; Ma *et al.*, 2010; Vlaardingerbroek *et al.*, 2016). Así, la estructura genética de Foc (o la ausencia de esta) corresponde a lo que se espera para un organismo que se reproduce de manera preferentemente asexual (McDonald y Linde, 2002). De hecho, la diversidad genética de este patógeno (la mayoría de los VCGs) se concentra en su centro de origen, y solo unos pocos VCGs se encuentran dispersos por el mundo (Bentley *et al.*, 1998; Koenig *et al.*, 1997; Mostert *et al.*, 2017), lo cual explica la ausencia de una estructura genética detectable en las poblaciones muestreadas.

¿Por qué Foc es diverso y cosmopolita a nivel mundial, pero puede tener una estructura genética restrictiva a nivel local? Tres explicaciones posibles: una es que el patógeno se había dispersado de manera efectiva debido al intercambio de materiales contaminados (rizomas o hijuelos) (Ploetz, 2015). Otra explicación es que se trata de un complejo

polifilético, por lo que es posible que las cepas nativas hayan convergido parasíticamente con la introducción de *Musa* spp. (Gurr, 2011). La tercera posibilidad es que, efectivamente, *Musa* spp. pudo haberse dispersado junto con algunos linajes clonales de Foc que intercambiaron información genética mediante mecanismos parasexuales o quizá sexuales con linajes nativos locales (Ordoñez, 2018). En México no se conocen las dinámicas de dispersión de Foc (Ordoñez, 2018), aunque Foc, sobre todo la raza 1, está ampliamente distribuido en el territorio.

En conclusión, la morfología cultural de los aislamientos monospóricos de Fo fue consistente con lo reportado en la literatura para Fo. A pesar de la diversidad de haplotipos encontrada (16), H16 fue el más frecuente, mientras que los haplotipos restantes pueden estar distribuidos de manera amplia o local, pero con baja frecuencia. No se encontraron diferencias genéticas significativas entre las poblaciones estudiadas ni agrupadas por regiones. Por lo tanto, estos resultados, obtenidos mediante el uso de seis marcadores SSR, sugieren que las poblaciones analizadas constituyen una única metapoblación.

Conflictos de interés

Todos los autores declaran no tener conflicto de interés.

Agradecimientos

Este trabajo contó con el apoyo de la Universidad de Colima, México.

Contribuciones de los autores

Los autores primero, segundo y cuarto proporcionaron la metodología genómica y el muestreo. El segundo autor contribuyó con un muestreo extenso y la concepción del problema fitosanitario. Todos contribuyeron con la redacción y la discusión.

REFERENCIAS

- Baruah A, Bora P, Damodaran T, Saikia B, Manoharan M, *et al.* 2025. Patho-Ecological distribution and genetic diversity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in Malbhog banana belts of Assam, India. *Journal of Fungi*, 11, 195. <https://doi.org/10.3390/jof11030195>
- Bentley S, Pegg KG, Moore NY, Davis RD and Buddenhagen IW. 1998. Genetic variation among vegetative compatibility groups of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* analyzed by DNA fingerprinting. *Phytopathology* 88:1283-1293. <https://doi.org/10.1094/phyto.1998.88.12.1283>
- Bogale M, Wingfield BD, Wingfield MJ and Steenkamp ET. 2005. Simple sequence repeat markers for species in the *Fusarium oxysporum* complex. *Molecular Ecology Notes* 5:622-624. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01015.x>
- Chittarath K, Nguyen CH, Bailey WC, Zheng SJ, Mostert D, *et al.* 2022. Geographical distribution and genetic diversity of the banana fusarium wilt fungus in Laos and Vietnam. *Journal of Fungi* 8: 46. <https://doi.org/10.3390/jof8010046>
- Czislowski E, Fraser-Smith S, Zander M, O'Neill WT, Meldrum RA, *et al.* 2018. Investigation of the diversity of effector genes in the banana pathogen, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, reveals evidence of horizontal gene transfer. *Molecular Plant Pathology* 19:1155-1171. <https://doi.org/10.1111/mpp.12594>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations, Statistics (FAOSTAT). 2024. FAO Rome, Italy. <http://www.fao.org/faostat/es/#data/WCAD>. Consulta, abril 2025.
- Fourie G, Steenkamp ET, Gordon TR and Vijoer A. 2009. Evolutionary relationships among the *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* vegetative compatibility groups. *Applied and Environmental Microbiology* 75:4770-4781. <https://dx.doi.org/10.1128/AEM.00370-09>

- Frichot E and François O. 2015. LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution* 6:925-929. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12382>
- Koenig RL, Ploetz RC and Kistler HC. 1997. *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* consists of a small number of divergent and globally distributed clonal lineages. *Phytopathology* 87:915-923. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1997.87.9.915>
- Leslie JF and Summerell BA. 2006. The *Fusarium* Laboratory Manual. Blackwell Publishing-Wiley, Hoboken, NJ, USA. 388 p.
- Ma L, Van der Does H, Borkovich K, Coleman JJ, Daboussi MJ, *et al.* 2010. Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in *Fusarium*. *Nature* 464:367-373. <https://doi.org/10.1038/nature08850>
- Magdama F, Monserrate-Maggi L, Serrano L, García Onofre J, and Jiménez-Gasco MM. 2020. Genetic Diversity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, the *Fusarium* Wilt Pathogen of Banana, in Ecuador. *Plants* 9:1133. <https://doi.org/10.3390/plants9091133>
- Manzo-Sánchez G, Orozco-Santos M, Islas-Flores I, Martínez-Bolaños L, Guzmán-González S, *et al.* 2019. Genetic variability of *Pseudocercospora fijiensis*, the black Sigatoka pathogen of banana (*Musa* spp.) in México. *Plant Pathology* 68:513-522. <https://doi.org/10.1111/ppa.12965>
- Maryani N, Lombard L, Poerba YS, Subandiyah S, Crous PW, *et al.* 2019. Phylogeny and genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in the Indonesian centre of origin. *Studies in Mycology* 92: 155–194.
- Martínez-de la Parte E, Pérez-Vicente L, Torres DE, van Westerhoven A, Meijer HJ, *et al.* 2024. Genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen in Cuba and across Latin America and the Caribbean. *Environmental Microbiology*, 26(5): e16636. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16636>
- McDonald BA and Linde C. 2002. The population genetics of plant pathogens and breeding strategies for durable resistance. *Euphytica* 124:163-180.
- Möller EM and Bahnweg G. 1992. A simple and efficient protocol for isolation of high molecular weight DNA from filamentous fungi, fruit bodies and infected plant tissues. *Nucleic Acids Research* 20: 6115-6116. <https://doi.org/10.1093/nar/20.22.6115>
- Mostert D, Molina AB, Daniells J, Fourie G, Hermanto C, *et al.* 2017. The distribution and host range of the banana *Fusarium* wilt fungus, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, in Asia. *Plos ONE* 12: e0181630. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181630>
- O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E and Ploetz R. 1998. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: Concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95: 2044-2049. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.5.2044>
- Oksanen J, Blanchet FG, Friendly M, Kindt R, Legendre P, *et al.* 2019. *Vegan: Community Ecology Package*. R package version 2.5-6. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>. Consulta, septiembre 2019.
- Ordoñez N. 2018. A global genetic diversity analysis of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. PhD. Thesis. Wageningen University, Wageningen, The Netherlands. 156 pp. <https://doi.org/10.18174/453455>
- Pegg KG, Coates LM, O'Neill WT and Turner DW. 2019. The Epidemiology of *Fusarium* wilt of banana. *Frontiers in Plant Science* 10:1395. doi: 10.3389/fpls.2019.01395
- Ploetz RC. 2015. *Fusarium* wilt of banana. *Phytopathology*. 105:1512-1521. <http://dx.doi.org/10.1094/PHYTO-04-15-0101-RVW>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). 2024. Cierre de la producción agrícola por estado. Recuperado de <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/>. Consulta, enero 2024.
- van Westerhoven AC, Meijer HJG, Seidl MF and Kema GHJ. 2022. Uncontained spread of *Fusarium* wilt of banana threatens African food security. *PLOS Pathogens* 18: e1010769.
- Vlaardingerbroek I, Beerens B, Rose L, Fokkens L, Cornelissen BJC, *et al.* 2016. Exchange of core chromosomes and horizontal transfer of lineage-specific chromosomes in *Fusarium oxysporum*. *Environmental Microbiology* 18: 3702-3713. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13281>