

Dispersión, caracterización molecular y filogenética de *Pectobacterium chrysanthemi* en el marco de fenómenos climáticos

Dispersion, molecular and phylogenetic characterization of *Pectobacterium chrysanthemi* within the framework of climatic phenomena

Cindy Yuriko Saavedra-Rios¹; Angélica María Vigil-Correa³; Irwin David Villar-Guevara⁴
Carlos Enrique Cubas-Zúñiga⁵; Edgar Abraham Maldonado-Duque²; Lesly Gianela Zurita-Chinguel²
Maria Dorothy Torres de León⁵; Roberto Mendoza-Rendón⁵; Alfredo Julian Sandoval-Norabuena⁵
Archi Alejandro Ruiz-Polo⁵

1 Inca Biotec S.A.C, Tumbes, Perú, Jr. Filipinas S/N, Tumbes, Tumbes, Perú

2 Laboratorio de Fitopatología, Universidad Nacional de Piura, Piura, Perú.

3 Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Piura, Piura, Perú.

4 Departamento de Investigación, Universidad Sedes Sapientiae, Piura, Perú.

5 Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Piura, Piura, Perú.

* Autor correspondiente: cuyurikosaavedrar@gmail.com (C. Y. Saavedra-Rios).

ORCID de los autores:

C. Y. Saavedra-Rios: <https://orcid.org/0009-0000-0968-4080>

A. M. Vigil-Correa: <https://orcid.org/0000-0002-3485-6283>

I. D. Villar-Guevara: <https://orcid.org/0000-0001-7958-5061>

C. E. Cubas-Zúñiga: <https://orcid.org/0000-0001-8001-5357>

E. A. Maldonado-Duque: <https://orcid.org/0000-0003-0030-3960>

L. G. Zurita-Chinguel: <https://orcid.org/0000-0002-4242-2709>

M. D. Torres de León: <https://orcid.org/0000-0002-7277-8474>

R. Mendoza-Rendón: <https://orcid.org/0000-0002-7743-1082>

A. J. Sandoval-Norabuena: <https://orcid.org/0000-0003-2947-419X>

A. A. Ruiz-Polo: <https://orcid.org/0009-0005-1273-2625>

RESUMEN

La investigación sobre la dispersión, así como la caracterización molecular y filogenética de *Pectobacterium chrysanthemi*, en el contexto de los fenómenos climáticos en Perú, no se ha realizado hasta la fecha. El objetivo de este estudio fue determinar la dispersión, y realizar la caracterización molecular y filogenética de *Pectobacterium chrysanthemi* en el marco de fenómenos climáticos en Perú. Se realizaron inspecciones sanitarias en el norte de Perú los días 4 y 30 de marzo de 2024. Durante estas evaluaciones, se registró la temperatura ambiental, la presencia de hojarasca en el suelo, la duración del riego y el número de plantas de banano afectadas por la pudrición blanda. Se colectaron porciones de pseudotallos afectados para el diagnóstico de la enfermedad, y se obtuvo el marcador molecular ITS-ADNr 16S/23S de *Pectobacterium chrysanthemi*, que fue secuenciado y analizado mediante herramientas bioinformáticas. En la primera inspección, la temperatura ambiental fue de 27,9 °C, y en la segunda, de 31,5 °C. En ambas inspecciones se observó la presencia de hojarasca y un riego intensivo cada siete días. Se identificó la dispersión del patógeno desde plantas enfermas a sanas en un periodo de 26 días y en un radio de 100 metros. Las características moleculares y filogenéticas de las cepas estudiadas revelaron dos genotipos circulantes (PN24.1. y PN24.2.). La pudrición blanda se manifiesta y se dispersa de plantas enfermas a sanas en un lapso de 26 días y en un radio de 100 metros. Los genotipos PN24.1. y PN24.2. son los responsables.

Palabras clave: *Pectobacterium chrysanthemi*; ADN; PCR; banano; marchitez.

ABSTRACT

Research on the dispersal, as well as the molecular and phylogenetic characterization of *Pectobacterium chrysanthemi*, in the context of climatic phenomena in Peru, has not been carried out to date. The objective of this study was to determine the dispersion and carry out the molecular and phylogenetic characterization of *Pectobacterium chrysanthemi* within the framework of climatic phenomena in Peru. Sanitary inspections were carried out in northern Peru on March 4 and 30, 2024. During these evaluations, the environmental temperature, the presence of leaf litter in the soil, the duration of irrigation and the number of banana plants were recorded. Affected by soft rot. Portions of affected pseudostems were collected for diagnosis of the disease, and the ITS-ADNr 16S/23S molecular marker of *Pectobacterium chrysanthemi* was obtained, which was sequenced and analyzed using bioinformatic tools. In the first inspection, the environmental temperature was 27.9 °C, and in the second, 31.5 °C. In both inspections, the presence of leaf litter and intensive irrigation every seven days will be verified. The spread of the pathogen from diseased to healthy plants was identified over a period of 26 days and within a radius of 100 meters. The molecular and phylogenetic characteristics of the strains studied revealed two circulating genotypes (PN24.1. and PN24.2.). Soft rot manifests and spreads from diseased to healthy plants within a period of 26 days and within a radius of 100 meters. The PN24.1 genotypes. and PN24.2. They are responsible.

Keywords: *Pectobacterium chrysanthemi*; DNA; PCR; banana; wilt.

Recibido: 24-12-2024

Aceptado: 25-02-2025



Esta obra está publicada bajo la licencia [CC BY 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

INTRODUCCIÓN

Durante las últimas décadas, el banano se ha consolidado como el cuarto cultivo más significativo a nivel global, superando al maíz, el trigo y el arroz en más de 120 naciones (Jones, 2000; Heslop & Schwarzacher, 2007).

Desde hace mucho se ha observado como el Perú posee ventaja contra otros países europeos, ya que cuenta con muchos años de experiencia de producción y comercialización de bananos orgánicos certificados (Ccacuya & Huamán, 2020). Sin embargo, diversas enfermedades provocadas por hongos, bacterias y virus afectan frecuentemente este cultivo (Ancajima & Cortéz, 2022). Siendo la pudrición blanda una de las enfermedades más importantes y comunes, especialmente en las regiones tropicales (Martínez et al., 2020; Hugouvieux et al., 2014). La enfermedad es causada por *Pectobacterium chrysanthemi*, una bacteria que ataca el pseudotallo y el rizoma al secretar enzimas pectinolíticas que degradan los pectatos de calcio de la lámina media de las paredes celulares produciendo la maceración del tejido y en la liberación de un olor desagradable durante la descomposición (Hugouvieux et al., 2014; Loganathan et al., 2019).

En ese contexto, para el futuro se prevén temperaturas más elevadas y alteraciones en los patrones climáticos debido al cambio climático, lo cual podría dar lugar a sequías e inundaciones que faciliten la propagación de enfermedades y plagas que afectan los cultivos (Maletta, 2019), ya que los vientos y las precipitaciones pueden desplazar a los patógenos y restos de vegetación enferma a distancias significativas (Hernández, 2024), lo que perjudica la producción agrícola a largo plazo.

Desde hace mucho se han desarrollado diversas estrategias para controlar las enfermedades de las plantas, utilizando disciplinas como la microbiología y la biotecnología molecular (Suárez & Peñaranda, 2022; Cordova et al., 2021), que, de forma individual o combinada, permiten identificar el agente causante y la enfermedad asociada, así como determinar tratamientos adecuados a través de métodos de detección rápida y específica. Asimismo, facilitan la identificación de los genotipos de las cepas circulantes mediante técnicas de caracterización molecular y filogenética (Salinas et al., 2020; Martínez et al., 2018).

Actualmente, entre el 2023 y 2024, Perú ha experimentado varios fenómenos climáticos significativos como el ciclón Yaku (El Comercio, 2023), El Niño Costero (SENAMHI, 2024a), El Niño Global (El Peruano, 2023), y recientemente un escenario de La Niña (SENAMHI, 2024b). Por tanto, la comprensión de cómo *Pectobacterium chrysanthemi* se comporta bajo condiciones climáticas variables y/o extremas antes, durante o después, es crucial para anticipar y mitigar brotes, protegiendo así la producción agrícola. En ese contexto, su caracterización molecular y filogenética permite identificar las cepas circulantes y su diversidad genética, facilitando las estrategias de manejo mediante la vigilancia epidemiológica de acuerdo con las cepas nativas o introducidas.

En virtud de lo anteriormente descrito, el objetivo del presente estudio fue determinar la dispersión, realizar la caracterización molecular y filogenética de *Pectobacterium chrysanthemi* en el marco de fenómenos climáticos en Perú, 2024.

METODOLOGÍA

Diseño y área de estudio

La investigación es de tipo transversal, diseño no experimental, enfoque cualitativo y nivel descriptivo. Se ha realizado en una parcela agrícola ubicada a los 92 m.s.n.m (Lat.-5.067112°/Long.-80.126062°) en la costa norte de Perú, provincia de Chulucanas, departamento de Piura.

Dispersión

El 4 y 30 de marzo de 2024, se realizaron inspecciones sanitarias considerando la temperatura ambiental y humedad relativa en el área de estudio. Durante cada inspección, se examinó el estado fitosanitario de la parcela, notando la presencia de hojarasca en el suelo, la duración de riego del cultivo y la presencia de plantas afectadas por pudrición blanda. En la primera (4 de marzo) y segunda (30 de marzo) inspección, los bananos se clasificaron con los siguientes códigos: "SE" (sin enfermedad), "EI" (enfermedad en etapa inicial) representado por pseudotallos con síntomas de necrosis y tejido blando, y "EA" (enfermedad en etapa avanzada) representado por pseudotallos con síntomas de necrosis, pudrición acuosa y hojas marchitas. Para estudiar la dispersión del fitopatógeno y/o la enfermedad que causa, en la

primera inspección se identificó bananos "SE" y "EI" en 100 metros a la redonda de un banano "EA". Luego, en la segunda inspección se evaluó si los bananos desarrollaron otros síntomas o no. Todas las plantas fueron codificadas y georreferenciadas con estacas en el suelo para su análisis. La temperatura y humedad relativa ambiental se midió con un termohigrómetro modelo SH-110 de la marca Boeco Germany.

Obtención del material vegetal

Se colectó material vegetal de una planta de banano clasificado como EA. Se utilizaron hojas N° 10 de bisturis estériles para realizar incisiones de 20 a 30 cm con una disección longitudinal de 10 a 15 cm en la capa externa del pseudotallo. Luego, el material vegetal diseccionado se colocó en bolsas ziploc estériles e inmediatamente después, se trasladaron al laboratorio de Fitopatología del Departamento de Sanidad Vegetal de la Universidad Nacional de Piura (UNP).

Aislamiento de bacterias

Trozos de material vegetal del pseudotallo se colocaron en tubos de ensayo con 5 mL de agua destilada estéril y se dejó reposar por 10 min para

la difusión de bacterias. Transcurrido el tiempo, la solución adquirió un aspecto lechoso en donde se insertó un asa de Kolle flameada con la que se hizo siembras por estrías en placas Petri con agar nutritivo (AN), que luego se incubaron invertidas a 28 ± 1 °C por 48 h y en oscuridad (French, 1980). En los aislados obtenidos, se evaluaron características morfológicas como el color, forma, tamaño, elevación y textura (Skerman, 1960), con las que se consideraron como presuntivos.

Diagnóstico

El protocolo de detección desarrollado por Maldonado et al. (2024) se utilizó para llevar a cabo el diagnóstico de la pudrición blanda. Dicho protocolo se basa en una prueba de patogenicidad con *Solanum tuberosum* y un ensayo de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) que amplifica en 171 pb, el espaciador transcrito interno (ITS) del ADNr 16S/23S a partir del ADN extraído de los aislados presuntivos para *Pectobacterium chrysanthemi*. Se utilizaron los cebadores diseñados por Li et al. (2013): LF: 5-TTCGTCTAGAGGCCAGGAC-3 y LR: 5-TCAGCTTGTTCCGGATTGTT-3. El ciclaje con sus condiciones térmicas fueron una desnaturalización inicial de 98 °C por 4 minutos, seguido de 35 ciclos con 95 °C por 30 segundos para la desnaturalización, 60 °C por 45 segundos para hibridar, 72 °C por 1 minuto para la extensión, una post-extensión de 72 °C por 5 minutos y una temperatura de conservación de 4 °C por hasta 24 h.

Secuenciación de ADN

Los productos PCR (amplicones) obtenidos del diagnóstico fueron secuenciados mediante la tecnología de Sanger doble cadena por la empresa

Macrogen (<https://dna.macrogen.com/>). Posteriormente, las secuencias de las bases nitrogenadas del gen se analizaron mediante herramientas bioinformáticas.

Caracterización molecular

El programa bioinformático de análisis de genética evolutiva molecular MEGA versión 11 (<https://www.megasoftware.net/>) se utilizó para analizar las secuencias del gen de interés de cada cepa. Se llevó a cabo el alineamiento para determinar las secuencias consenso utilizando las lecturas directa e inversa del gen. Para cada cepa realizó la asignación taxonómica de la especie utilizando la herramienta de búsqueda de alineación local básica (BLAST, por sus siglas en inglés <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) mediante mapeo de similitudes con secuencias de genes disponibles en el banco de genes del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI, por sus siglas en inglés). Las secuencias consenso que presentaron similitud del 100% se ingresaron y procesaron en el programa DNAsp v5. Finalmente, se obtuvo un archivo de texto con los polimorfismos, su ubicación y los haplotipos que resultaron.

Filogenética

Utilizando las similitudes halladas en el banco de genes, se realizó un análisis evolutivo construyendo un árbol filogenético utilizando el método de máxima verosimilitud (Maximum Likelihood tree, en inglés) y el modelo de 3 parámetros de Tamura con 1000 réplicas de arranque disponibles en MEGA 11. Como grupo externo se consideró la secuencia AF232678.1

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Dispersión

Se aislaron dos cepas (cepa 2 y cepa 4) obtenidas del tejido de banano enfermo que se recolectó. Así mismo, durante la primera y segunda inspección sanitaria, se identificó la acumulación de hojarasca en el suelo, así como un régimen de riego intensivo aplicado cada siete días. Se observó la progresión de la enfermedad, evidenciando que *Pectobacterium chrysanthemi* se dispersó desde plantas de banano enfermas a plantas sanas en un período de 26 días, abarcando un radio de 100 m. Esto se infiere debido a que los bananos clasificados como "EI" comenzaron a manifestar síntomas de "EA", mientras que tres ejemplares catalogados como "SE" presentaron síntomas de "EI" (Figura 1). Las temperaturas ambientales registradas durante la primera y segunda inspección fueron de 27,9 °C y 31,5 °C, respectivamente.

Pectobacterium chrysanthemi es una bacteria fitopatogena perteneciente a la familia Enterobacteriaceae, reconocida por su capacidad para causar pudrición blanda en diversas plantas, especialmente en cultivos de banano y papa. Esta bacteria se caracteriza por su habilidad para secretar enzimas pectinolíticas, como pectinasas, que degradan los pectatos de calcio de la lámina media presentes en las paredes celulares de las plantas, lo que provoca la descomposición del

tejido vegetal (Hugouvieux et al., 2014; Loganathan et al., 2019; Martínez et al., 2020).

Conocer la interacción de los patógenos con el medio ambiente es fundamental para desarrollar métodos más efectivos de control y mitigación, asegurando así la sostenibilidad de la producción de un cultivo (Vera et al., 2024). Según Hugouvieux et al. (2014), los cultivos de banano infectados por cepas de *Pectobacterium* bajo condiciones naturales presentan síntomas de necrosis y pudrición blanda en el pseudotallo, que son consecuencia de la degradación enzimática de la pectina en el tejido vascular. Aguilar et al. (2021) demostraron que, en condiciones controladas, tras la inoculación de pseudotallos de banano con *Pectobacterium*, los síntomas comienzan a manifestarse a los 6 días. Sin embargo, a los 16 días se observa la descomposición total del pseudotallo, acompañada de un olor característico de descomposición. Ramírez et al. (2014) evidenciaron que al inocular plántulas de banano con una solución de *Pectobacterium sp.* a una concentración aproximada de 10^8 UFC/ml, la enfermedad de la pudrición blanda se desarrolla en un máximo de 45 días. Sin embargo, estos resultados solo se obtienen bajo la aplicación de inductores de resistencia, lo que sugiere que el tiempo de desarrollo de la enfermedad difiere en condiciones naturales.

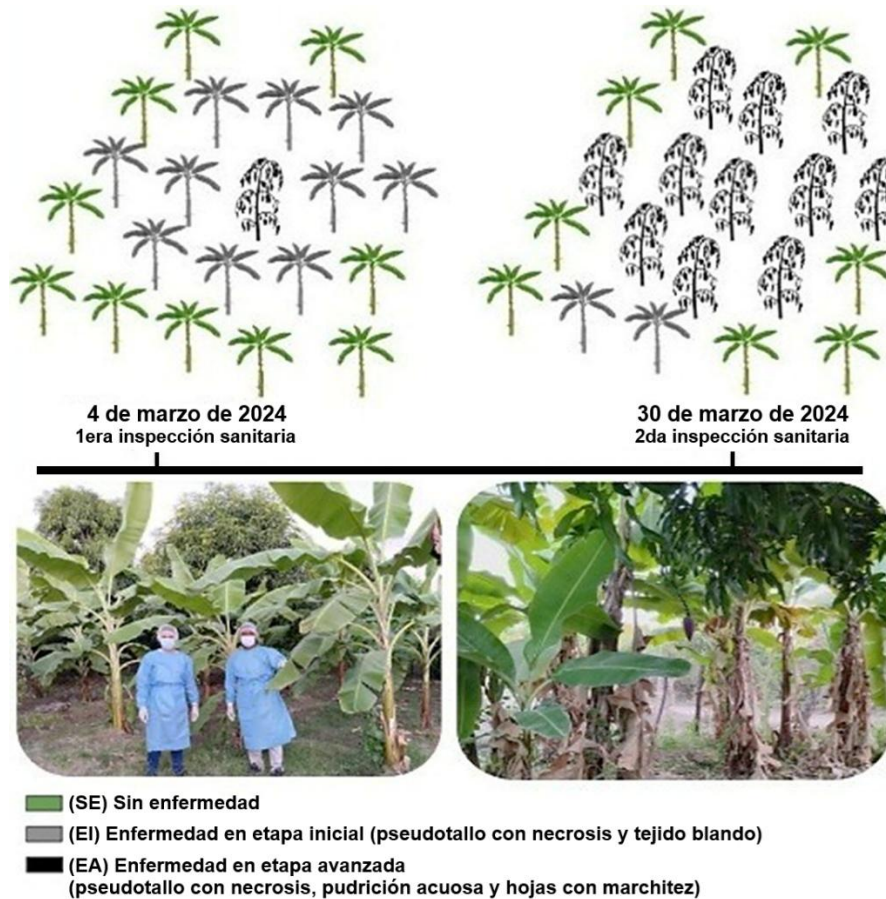


Figura 1. Infograma de dispersión y/o desarrollo de la pudrición blanda, enfermedad causada.

No obstante, la dispersión de la pudrición blanda y/o *Pectobacterium chrysanthemi* que hallamos en la parcela analizada, puede atribuirse a factores abióticos, tales como la acumulación de hojarasca en el suelo, la práctica de un riego intensivo, así como temperaturas ambientales de 27,9 °C a 31,5 °C que observamos en este estudio. Estas condiciones podrían considerarse propicias para la aparición y dispersión de la pudrición blanda. Al respecto, Martínez & Müller (2023) señalan que la propagación de enfermedades y plagas está profundamente influenciada por condiciones climáticas extremas, como sequías e inundaciones. Ormeño (2023) indica que algunas especies de plantas son susceptibles a la adquisición de enfermedades debido a cambios en la humedad del suelo y la temperatura. De acuerdo con Hernández (2024), tanto los vientos como las precipitaciones, juegan un papel crucial en la dispersión de restos de vegetación infectada. Medina et al. (2024), señalan que normalmente, los agentes fitopatógenos ingresan a las plantas por heridas, a través del agua, insectos y nematodos. En India, tras períodos de lluvias intensas, se ha registrado la aparición de bananos con síntomas de necrosis blanda, atribuyéndose la causa a *Pectobacterium chrysanthemi* (Nagrle et al., 2013). Este escenario es factible debido a que, en el contexto agrícola, algunas bacterias se propagan a través del agua de riego, utilizándose como un medio de transmisión (Obregón, 2016). Según Snehalatharani et al.

(2010) la infección por bacterias del género *Pectobacterium* en plantas de banano provoca con frecuencia el colapso del pseudotallo, que se quiebra en la zona más descompuesta del tallo, particularmente cerca del nivel del suelo. En este contexto, se favorecen las infecciones y la dispersión de enfermedades a través de factores abióticos, como la acumulación de hojarasca en el suelo y la práctica de un riego intensivo, junto con una temperatura y humedad que brindan condiciones ideales.

Caracterización molecular y filogenética

Como resultado del secuenciamiento de la región espaciadora intergénica ADN_r 16S/23S (171 pb) de las cepas analizadas (cepa 2 y cepa 4) y su posterior alineamiento, se obtuvieron secuencias consensuadas de 129 pb, que, al ser comparadas con las disponibles en el banco de genes del NCBI, presentaron similitud con un fragmento de AF232682.1. Este fragmento corresponde a la secuencia completa de la región espaciadora intergénica 16S-23S y del gen ARNt-Glu de la cepa KACC 10163 de *Pectobacterium chrysanthemi*, que posee un tamaño total de 354 pb (Figura 2). Entre los fragmentos de 129 pb que se analizaron, se halló variabilidad entre las bases, que, tras su caracterización molecular por bioinformática, se reflejó en 101 sitios monomórficos, 28 sitios polimórficos y 34 mutaciones, representadas en 3 haplotipos (Hap-1, Hap-2, Hap-3).



Figura 2. Alineamiento de la región espaciadora intergénica ADN_r 16S/23S de las cepas 2 y 4, y la secuencia AF232682.1. Los guiones (-) representan espacios (gaps), los asteriscos (*) indican posiciones idénticas, y los recuadros en rojo señalan variaciones de bases nitrogenadas entre las posiciones correspondientes de cada secuencia.

La secuencia de AF232682.1 (Hap-1) presenta un solo haplotipo, al igual que las secuencias de cepa 2 (Hap-2) y cepa 4 (Hap-3). En color amarillo se señala una base nitrogenada distinta en una posición, mientras que en color verde se representan tres bases nitrogenadas diferentes para una misma posición. Estos resultados sugieren la circulación de dos genotipos de *Pectobacterium chrysanthemi* en el norte de Perú (Tabla 1).

Por otra parte, en lo que respecta a las relaciones evolutivas entre los haplotipos identificados de las secuencias ITS-ADNr 16S/23S que se analizaron, se ilustra un árbol filogenético elaborado mediante el método de máxima verosimilitud. Según la hipótesis evolutiva derivada, se aprecian dos clados, clado I (secuencias de cepa 2 y cepa 4) y

clado II (secuencia de AF232682.1). El clado I se sitúa en una rama que emerge de otra compartida con el clado II. Según Ragavil et al. (2019), la región ITS-ADNr 16S/23S es útil para la detección de *Pectobacterium carotovorum subsp. carotovorum* y su análisis filogenético en comparación con otras secuencias disponibles. Esto es respaldado por autores como Kwon et al. (2000), quienes trabajaron con la región ITS-ADNr 16S/23S para la diferenciación de *Pectobacterium carotovorum subsp. carotovorum* y *Pectobacterium chrysanthemi*. Sin embargo, Basim et al. (2019) sugieren que, como alternativa para la identificación molecular de bacterias del género *Pectobacterium*, los genes *pel* y *16S* pueden ser utilizados.

Tabla 1
Características moleculares del ITS-ADNr 16S/23S de las secuencias analizadas

Posiciones	5	12	30	31	32	35	37	38	39	44	46	52	53	54
Hap-3	A	T	T	A	C	C	C	A	G	A	T	T	C	C
Hap-2	A	C	G	T	T	C	C	A	G	G	G	C	C	G
Hap-1	G	T	A	T	G	T	A	C	A	G	G	C	A	C
Posiciones	55	56	59	60	64	66	67	73	74	78	81	82	112	120
Hap-3	T	T	G	C	C	T	G	T	T	C	T	C	G	A
Hap-2	T	G	C	T	T	G	C	A	C	C	G	C	A	G
Hap-1	G	G	A	A	T	A	C	A	C	T	G	T	A	G

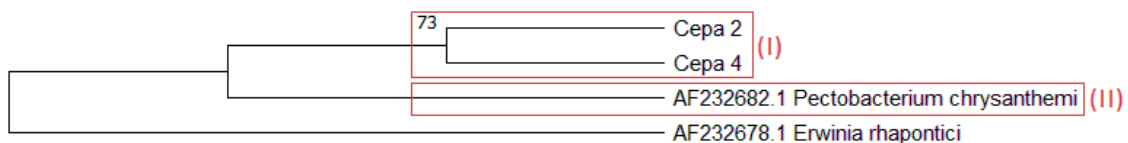


Figura 3. Árbol filogenético basado en el método de máxima verosimilitud y el modelo 3 parámetros de Tamura con un valor bootstrap de 1000 réplicas. Muestra la relación existente entre la secuencia de los haplotipos del ITS-ADNr 16S/23S de *Pectobacterium chrysanthemi* aislado de banano orgánico (*Musa sp.*) de Perú y la secuencia AF232682.1 disponible en el banco de genes del NCBI.

Rafael et al. (2022) han realizado una investigación empleando el gen 16S en Perú, con el que han logrado la identificación molecular de *Pectobacterium carotovorum* y *Pectobacterium chrysanthemi*. Kwon et al. (2000) mencionan que la secuencia AF232682.1 se ha obtenido mediante la amplificación de cebadores diseñados a partir de fragmentos de ADN de 474 a 569 pb y de 354 a 459 pb, amplificados con dos conjuntos de cebadores que permiten diferenciar diversas especies del género *Pectobacterium* gracias a su elevada diversidad nucleotídica, lo cual difiere con el marcador universal 16S.

En este marco, los hallazgos de nuestro estudio no pueden ser completamente interpretados respecto a la diversidad genética de *Pectobacterium chrysanthemi* en Perú, dado que se trata de la

primera investigación que emplea este marcador específico (ITS-ADNr 16S/23S). No obstante, se ha logrado establecer una diferenciación genotípica ya que se utilizó una región de ADN con alta tasa de mutación, pero con suficiente conservación como para definir características moleculares distintivas de la especie, como hemos demostrado en este estudio.

Además, el tamaño del fragmento amplificado en nuestra investigación coincide con lo reportado por Li et al. (2013), cuyos cebadores fueron utilizados para este estudio. Por tanto, se resalta la limitación de publicaciones e investigaciones sobre este marcador. No obstante, se han hallado dos genotipos (cepa 2 y cepa 4) nuevos, que se encuentran circulando en el norte de Perú, los cuales se han designado como PN24.1. y PN24.2.

CONCLUSIONES

En este estudio se encontró que *Pectobacterium chrysanthemi* se dispersó de plantas de banano enfermas a sanas en 26 días, abarcando un radio de 100 metros. Factores como la presencia de hojarasca en el suelo, el riego intensivo y temperaturas ambientales de 27,9 °C a 31,5 °C, podrían estar influyendo negativamente en la infección por pudrición blanda. Estos factores son relevantes en el contexto agrícola, ya que suelen contribuir a la infección de cultivos por bacterias fitopatógenas, y al desarrollo y dispersión de las enfermedades asociadas. Asimismo, la pudrición blanda analizada en este estudio se atribuyó a dos genotipos de *Pectobacterium chrysanthemi*, PN24.1. y PN24.2, reportados por primera vez para Perú. Los esfuerzos por comprender la dispersión y características moleculares de *Pectobacterium chrysanthemi* en condiciones abióticas específicas permitieron identificar dos genotipos, por lo cual

sugerimos continuar con estudios adicionales, en los que se analice múltiples parcelas en diversas zonas geográficas y bajo diferentes escenarios climáticos, así como el uso de marcadores moleculares complementarios para ampliar el conocimiento sobre estos genotipos circulantes y la identificación de otros que aún se desconocen. Además, es crucial realizar estudios experimentales en condiciones de laboratorio en los que se determine las temperaturas específicas que influyen en el desarrollo de síntomas de la pudrición blanda. Estos datos permitirán estimar el tiempo en que se desarrolla la enfermedad y su posterior dispersión según el genotipo y la agresividad que posea, facilitando la implementación de medidas adecuadas para el control de la pudrición blanda, ya sea a través de charlas informativas para agricultores o estrategias sanitarias por parte de los organismos gubernamentales competentes.

AGRADECIMIENTOS

Al Departamento de Sanidad Vegetal de la Universidad Nacional de Piura por permitirnos realizar los aislamientos bacterianos en sus laboratorios. Al departamento de Ciencias Biológicas de la misma institución por facilitar el acceso a los equipos de biotecnología molecular en el

desarrollo de esta investigación. A Zinadine Zidane Barranzuela Carrasco y José Javier Benites Alamo, estudiantes de la Universidad Sedes Sapientiae que brindaron apoyo en las inspecciones sanitarias, colecta y traslado de material vegetal de banano.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguilar-Ancota, R., Ruiz, W., Morales-Pizarro, A., Rafael-Rutte, R., Tirado-Lara, J., Saucedo-Bazalar, M., & Teodor, K. (2021). Pudrición blanda en el pseudotallo de banano orgánico (*Musa sp.*): sintomatología, caracterización cultural y bioquímica, patogenidad y alternativas de manejo. *Scientia Agropecuaria*, 12(4), 571-578. <http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2021.061>
- Ancajima, A., & Cortéz, H. (2022). Enfermedades que afectan la agroexportación de banano orgánico (*Musa paradisiaca*) en el Valle Del Chira, 2021. [Tesis de bachillerato, Universidad Nacional de Frontera].
- Basim, H., Basim, E., Bakl, D., & Turgut, A. (2019). Enfermedad de la pudrición húmeda del banano (*Musa sp.*) causada por *Pectobacterium carotovorum subsp. carotovorum* en Turquía. *Revista canadiense de patología vegetal*, 41(2), 174-187.
- Ccaccya Díaz, K. I., & Huamán Tirado, M. A. (2020). Efectos de la certificación de comercio justo en el departamento de Piura con respecto a las exportaciones de banano orgánico con partida arancelaria 0803.90. 11.00 a los Países Bajos durante el periodo de 2013-2018. [Tesis de licenciatura, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas].
- Córdova, L., Zelaya, L., Ávila, N., Valenzuela, V., Cortés, N., Parra, F., & Santos, S. (2021). Potencial de las ciencias ómicas en la bioprospección de agentes microbianos de control biológico: el caso de la agro-biotecnología mexicana. *Revista mexicana de fitopatología*, 39(1), 147-184. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2009-3>
- El Comercio. (2023). *Ciclón Yaku 2023 en el Perú y Ecuador: cómo se origina y por qué afecta estos países*. El Comercio.
- El Peruano. (2023). *Niño Global comenzó en el mundo, pero aún no en Perú, ¿cuándo se sentirán sus efectos?*. El Peruano.
- French, E., & Hebert, T. (Ed.). (1980). *Métodos de Investigación Fitopatológica*. IICA de Costa Rica. (pp. 236)
- Hernández, R. C. (2024). Evaluación de la actividad antifúngica in vitro de extractos totales de dos especies vegetales Marco y Molle frente a uno de los hongos patógenos causantes de Phytophthora infestans en Tomate Riñón. [Tesis de licenciatura, Pontificia Universidad Católica del Perú].
- Heslop-Harrison, J., & Schwarzhacher, T. (2007). Domestication, genomics and the future for banana. *Annals of Botany*, 100(5), 1073-1084. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm191>
- Hugouvieux-Cotte-Pattat, N., Condemine, G., & Shevchik, V. (2014). Bacterial pectate lyases, structural and functional diversity.

- Environmental Microbiology Reports*, 6(5), 427-440. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12166>
- Ormeño, S. (Ed.). (2023). Introducción sintética a las enfermedades de las plantas. Ormeño, Madrid: Universidad Politécnica de Madrid.
- Jones, D. R. D. (Ed.). (2000). Enfermedades del banano, abacá y enset. ABL, Wallingford (pp. 544).
- Kwon, S., Myung, I., & Go, S. (2000). Detección de *Pectobacterium chrysanthemi* utilizando cebadores de PCR específicos diseñados a partir de la región espaciadora intergénica del ARNr 16S-23S. *La Revista de Patología Vegetal*, 16(5), 252-256.
- Kwon, S. W., Cheun, M. S., Kim, S. H., & Lim, C. K. (2000). Phylogenetic analysis of *Pectobacterium* species using the 16S-23S rRNA intergenic spacer regions. *The Plant Pathology Journal*, 16(2), 98-104.
- Li, P., Lin, B., Shen, H., & Pu, X. (2013). Species-specific detection of *Dickeya* sp. (*Pectobacterium chrysanthemi*) in infected banana tissues, soil and water. *African Journal of Biotechnology*, 10(74), 16769-16773. <https://doi.org/10.5897/AJB11.1248>
- Loganathan, M., Thangavelu, R., Padmanaban, B., & Uma, S. (2019). Status of rhizome and pseudostem wet rot diseases of banana. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8, 764-771. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2019.805.090>
- Maldonado, E. A., Vigil Correa, A., Zurita Chinguel, L. G., Mendoza Rendón, R., Torres, M. D., Saavedra Rios, C. Y., Villar, D., Cubas Zúñiga, C. E., Peña Zárate, M. C., Vilchez Estrada, K. N. & Ruiz Polo, A. A. (2024). Patogenicidad de *Pectobacterium chrysanthemi* en *Solanum tuberosum* y PCR del espaciador transcrito interno (ITS) del ADNr 16S/23S en aislados de *Musa* sp. del norte del Perú. *Manglar*, 21(3), 299-304. <https://doi.org/10.57188/manglar.2024.032>
- Martínez Quijón, F. I., & Müller Mora, C. A. (2023). El impacto del cambio climático en el uso de los suelos agrícolas de la comuna de Parral en el periodo 2002-2022. [Tesis de licenciatura, Universidad del Bío-Bío - Chile].
- Martínez-Solórzano, G., Rey-Brina, J., Pargas-Pichardo, R., & Manzanilla, E. (2020). Marchitez por *Fusarium raza tropical 4*: Estado actual y presencia en el continente americano. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 259-276. <http://dx.doi.org/10.15517/am.v31i1.37925>.
- Martínez, H. F., Chávez-Arteaga, K., Guato-Molina, J., Peñafiel-Jaramillo, M., & Mestanza-Uquillas, C. (2018). Bacterias fluorescentes productoras de metabolitos antagonistas de cultivares nativos de *Musa* sp. y su diversidad filogenética al gen ARNr 16S. *Ciencia y Tecnología*, 11(2), 17-29.
- Medina, N. B., Sagnay-Ramírez, B., & Leon-Reyes, A. (2024). Memorias del VI Simposio en Fitopatología, Control Biológico e Interacciones Planta-Patógeno. *Archivos Académicos USFQ*, (51). <https://doi.org/10.18272/archivosacademicos.vi51.3308>
- Nagrале, D., Borkar, S., Gawande, S., Mandal, A., & Raut, S. (2013). Characterization of a bacterial collar and rhizome rot of banana (*Musa paradisiaca*) caused by strains of *Erwinia chrysanthemi* pv. *paradisiaca*. *Journal of Applied and Natural Science*, 5(2), 435-441. <https://doi.org/10.31018/jans.v5i2.349>
- Obregon, V., Ibanez, J., & Lattar, T. (Ed.). (2016). Guía para la identificación de las enfermedades de pimiento en invernadero. Bellavista, Argentina. INTA. (pp. 44).
- Rafael-Rutte, R., Zavala, L., A. Maldonado, E., Aguilar-Ancota, R., et al. (2022). Characterization of rhizome and pseudostem wet rot of organic banana (*Musa* sp.) in Piura, Perú. *Chilean Journal of Agricultural & Animal Sciences*, 38(2), 176-188. <https://doi.org/10.29393/CHJAA38-17CRRC70017>
- Ragavil, G., Muthamilan, M., Nakkeeran, S., Kumaravadivel, N., Sivakumar, U., & Suganthi, A. (2019). Molecular detection of the causative agent of soft rot (*Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*) in banana (*Musa* sp.) *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(11), 1854-1868. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2019.811.218>
- Ramírez, G., Jaraba, B., & Buriticá, PE. (2014). Manejo de la pudrición acuosa del pseudo-tallo (*Dickeya* sp.) en plátano (*Musa* sp.) bajo condiciones de invernadero. *Agronomía Costarricense*, 38(2), 83-92. <https://doi.org/10.15517/rac.v38i2.17277>
- Suárez-Contreras, L. Y., & Peñaranda-Figueroa, F. A. (2022). Identificación molecular de hongos filamentosos y su potencial biotecnológico. *Biotechnología en el sector agropecuario y agroindustrial*, 20, 194-206. <https://doi.org/10.18684/bsaa.v20.n1.2022.1914>
- Salinas, L. I., Torre Hernández, M. E. D. L., Aguirre Garrido, J. F., & Ramírez Saad, H. C. (2020). Caracterización molecular de bacterias rizosféricas asociadas a *Echinocactus platyacanthus* en invernadero y silvestres. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 11(3), 531-542. <https://doi.org/10.29312/remexca.v11i3.2017>
- SENAMHI (2024a). *El Niño Costero 2023-2024 fue el más intenso de los últimos 20 años en el Oeste de Sudamérica*. Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú.
- SENAMHI. (2024b). *Condiciones actuales de El Niño/La Niña: No activo*. Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú.
- Skerman, V. B. (1960). A guide to the identification of the genera of bacteria. *Academic Medicine*, 35(1), 92.
- Snehalatharani, A., & Khan, A. (2010). Biochemical and physiological characterisation of *Erwinia* species causing tip-over disease of banana. *Archives Of Phytopathology and Plant Protection*, 43(11), 1072-1080. <https://doi.org/10.1080/03235400802285422>
- Vera-Morales, M., Castañeda-Ruiz, R. F., Sosa, D., Arias-Vega, C., Quevedo, A., & Ratti, M. F. (2024). Compuestos bioactivos de bacterias y hongos en el control de nematodos fitopatógenos: mecanismos de acción, interacciones y aplicaciones. *Scientia Agropecuaria*, 15(1), 143-157. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2024.011>