

Lasiodiplodia theobromae asociado a manchas foliares en *Musa acuminata* empleando la región ITS en ADN fúngico

Lasiodiplodia theobromae associated with leaf spots in *Musa acuminata* using the ITS region in fungal DNA

César Augusto Mogollón-Farías^{1,2}; José Stalyn Córdova Campos²; Segundo Melecio García-García^{1,2}
Archi Alejandro Ruiz-Polo²

1. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Tumbes. Ciudad Universitaria, Av. Universitaria S/N, Tumbes, Perú.
2. Estación Experimental Agraria Los Cedros. Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología. Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Panamericana Norte Kilómetro 12, Tumbes. Perú.

* Autor correspondiente: cmogollonf@gmail.com (C. A. Mogollón-Farías).

ORCID de los autores

C. A. Mogollón-Farías: <https://orcid.org/0009-0000-5390-9208>

S. M. García-García: <https://orcid.org/0009-0003-6300-9221>

J. S. Córdova Campos: <https://orcid.org/0000-0002-5891-4679>

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

RESUMEN

Lasiodiplodia theobromae es un hongo multifitopatogeno que infecta a distintas especies de cultivos agrícolas entre los que se encuentran más de un cultivar de banano. No obstante, hasta la fecha no se ha reportado su asociación con manchas foliares. El objetivo del estudio fue determinar a *Lasiodiplodia theobromae* asociado a manchas foliares en *Musa acuminata* empleando la región ITS en ADN fúngico. Se analizaron secuencias consensuadas de la región ITS de dos cepas de *Lasiodiplodia* spp. (C1-LT-HM y C2-LT-HM), las cuales fueron previamente caracterizadas morfológicamente a partir de aislamientos obtenidos de manchas foliares en *Musa acuminata*. Las secuencias, con 409 y 183 pares de bases respectivamente, fueron introducidas en la herramienta BLAST para buscar secuencias similares disponibles en el banco de genes del NCBI. Posteriormente, se construyó un árbol filogenético utilizando el software MEGA v.11 para analizar la evolución y agrupar los clados. Se encontró que las secuencias de C1-LT-HM y C2-LT-HM presentaban similitudes con 12 secuencias de *Lasiodiplodia theobromae* disponibles en dicho banco de genes. Además, la secuencia de la cepa C1-LT-HM se agrupó en un clado con una secuencia de *Lasiodiplodia theobromae* del banco de genes, mientras que la secuencia de la cepa C2-LT-HM se agrupó de manera independiente con ancestros de esta especie. Este estudio constituye el primer informe sobre la asociación de *Lasiodiplodia theobromae* con manchas foliares en banano en el Perú, utilizando la región ITS en ADN fúngico como herramienta molecular para la identificación del patógeno.

Palabras clave: Hongo; *Lasiodiplodia theobromae*; manchas foliares; banano.

ABSTRACT

Lasiodiplodia theobromae is a multiphytopathogenic fungus that infects various agricultural crop species, including more than one banana cultivar. However, to date, its association with leaf spots has not been reported. The objective of this study was to determine the association of *Lasiodiplodia theobromae* with leaf spots in *Musa acuminata* using the ITS region in fungal DNA. Consensus sequences of the ITS region of two *Lasiodiplodia* spp. strains (C1-LT-HM and C2-LT-HM) were analyzed. These strains were previously morphologically characterized from isolates obtained from leaf spots of *Musa acuminata*. The sequences, with 409 and 183 base pairs, respectively, were entered into the BLAST tool to search for similar sequences available in the NCBI gene bank. Subsequently, a phylogenetic tree was constructed using MEGA v.11 software to analyze evolution and group clades. The sequences of C1-LT-HM and C2-LT-HM were found to show similarities with 12 *Lasiodiplodia theobromae* sequences available in the genbank. Furthermore, the sequence of strain C1-LT-HM clustered in a clade with a *Lasiodiplodia theobromae* sequence from the genbank, whereas the sequence of strain C2-LT-HM clustered independently with ancestors of this species. This study constitutes the first report on the association of *Lasiodiplodia theobromae* with banana leaf spots in Peru, using the ITS region in fungal DNA as a molecular tool for pathogen identification.

Keywords: Fungus; *Lasiodiplodia theobromae*; leaf spots; banana.

Recibido: 09-03-2025.

Aceptado: 09-06-2025.



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

INTRODUCCIÓN

El banano representa una fuente alimenticia esencial y un producto de alta importancia comercial en las áreas tropicales y subtropicales a nivel global (Martínez & Rey, 2021; Alzate et al., 2011). El banano es parte de la seguridad alimentaria de países en desarrollo, se ha estimado que alrededor de 400 millones de personas dependen del banano para asegurar su alimentación (Ramírez-Padrón et al., 2025). No obstante, la producción de bananos se ve frecuentemente comprometida por enfermedades originadas principalmente por hongos, bacterias y virus (Manzo et al., 2014), siendo uno de los agentes etiológicos más destacados el hongo multiinfectioso *Lasiodiplodia theobromae* (Viana et al., 2020), el cual causa la pudrición parda de la cáscara de diversas frutas tropicales (Kwembe et al., 2021; Perumal et al., 2017) y la pudrición de la corona de los frutos (Sahoo et al., 2015).

La infección por *Lasiodiplodia theobromae*, puede generar una variedad de síntomas en las plantas afectadas, incluyendo la muerte descendente de brotes y ramas (Rusin et al., 2020), tizón, clorosis foliar, pudrición de raíces en plantas lechosas y marchitez de frutos, lo que conlleva a pérdidas económicas en cultivos como mango, aguacate, papaya, plátano, uva, cítricos y duraznos (Flores et al., 2021). El hongo *Lasiodiplodia theobromae*, pertenece a la familia Botryosphaeriaceae que agrupa varios hongos necrótrofos, poseen un rango de temperatura óptima para su crecimiento, entre 15 y 40 °C, siendo 28 °C la temperatura ideal, lo que le permite completar su ciclo biológico en una amplia gama de condiciones térmicas. Además, se describe como un hongo cosmopolita con un amplio espectro de hospederos, distribuyéndose en regiones tropicales y subtropicales, en las que se ha hallado que actúa como endófito en tejidos vegetales sanos y causa daños cuando el hospedador se encuentra debilitado, como resultado de factores como heladas o deficiencias nutricionales (Moreira et al., 2021)

Un análisis filogenético reciente de cepas fúngicas de *Lasiodiplodia* spp., obtenidas de frutos de banano (*Musa* spp.) con síntomas de pudrición de la corona, ha evidenciado su agrupación en clados correspondientes a *Lasiodiplodia theobromae*, confirmando que este hongo es uno de los principales patógenos causantes de dicha enfermedad (Jaramillo et al., 2024). Este hallazgo resalta la importancia de *Lasiodiplodia theobromae* como un agente fitopatógeno clave en los cultivos

de banano, ya que su presencia contribuye significativamente a las pérdidas en la producción, que puede manifestarse en distintas variedades. Tal como se ha demostrado en estudios que han reportado el aislamiento de este hongo en frutos de *Musa paradisiaca*, lo que amplía la comprensión de su distribución y su impacto en diferentes variedades de banano (Quiroz et al., 2024).

En Perú y otros países de Sudamérica, se han llevado a cabo diversos estudios fitopatológicos dirigidos a *Lasiodiplodia theobromae*, sin embargo, en ninguno de estos se ha identificado la presencia de este hongo en hojas de cultivos de banano. En su lugar, los reportes se han centrado en cultivos de mango (Pizarro et al., 2023), cultivos de cacao (Moreira et al., 2021; Martínez & Pérez, 2015), palta (Jiménez et al., 2023), frutos de banano (Jaramillo et al., 2024) y, donde se ha documentado su asociación con diversas patologías. Por lo que, esta falta de información sugiere una posible brecha en el conocimiento acerca de su distribución en plantas de cultivos de banano, lo que podría convertirse en una problemática para la gestión fitosanitaria en este sector agrícola, ya que, si no existen datos y/o reportes sobre su asociación a enfermedades foliares, la producción de banano podría verse afectada.

En el Perú, la aparición de manchas foliares en los cultivos de banano constituye un síntoma de particular relevancia, al estar frecuentemente asociado con otras fitopatologías foliares que comprometen la integridad de los tejidos de las hojas, disminuyen la capacidad fotosintética de la planta y generan pérdidas significativas en la producción. Entre los patógenos implicados se encuentran *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 Tropical (R4T), agente causal de la marchitez por *Fusarium* (Acaro & Cevallos, 2025; Villafuerte et al., 2025), y *Mycosphaerella fijiensis*, responsable de la sigatoka negra (Fofana et al., 2025; Chan-Cupul et al., 2025). Por tanto, la identificación y diferenciación especies fúngicas asociadas a las manchas foliares resulta fundamental para comprender los aspectos biológicos y evolutivos de la interacción hongo-hospedero, así como para el diseño e implementación de estrategias efectivas de vigilancia fitosanitaria en los cultivos de banano. El objetivo del presente estudio es determinar a *Lasiodiplodia theobromae* asociado a manchas foliares en *Musa acuminata* empleando la región ITS en ADN fúngico.

METODOLOGÍA

Material bioinformático y origen de su obtención

Se emplearon secuencias consenso de ADN fúngico de la región ITS con sentido directo correspondiente a dos cepas fúngicas (C1-LT-HM y C2-LT-HM), previamente identificadas por su morfología como *Lasiodiplodia* spp. (Barnett y Hunter, 1998; Hanlin, 2001; Maharachchikumbura et al., 2011; French & Hebert, 1980; Agrios, 2005). Las cepas corresponden a aislamientos de manchas

foliares de plantas de *Musa acuminata* cultivadas en el norte de Perú. Así mismo, las secuencias se han obtenido mediante la tecnología de secuenciación por Sanger en doble cadena en el marco de estudios previos basados en aislamientos y análisis metagenómicos. Por otra parte, las secuencias se encontraron en formato FASTA para su análisis, lo que facilitó su lectura como texto, mostrando longitudes de 409 bases nitrogenadas para C1-LT-HM y 183 para C2-LT-HM (Figura 1).



Figura 1. Manchas foliares en el haz y el envés de las hojas de *Musa acuminata*. Flechas rojas indican manchas marrones y flechas negras manchas amarillas. *Nota.* La figura muestra la morfología y el color de las manchas foliares presentes en el haz y el envés de hojas de *Musa acuminata* de donde se han aislado las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM.



Figura 2. Secuencias consenso alineadas de la región ITS de las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM de *Lasiodiplodia* spp. aisladas de manchas foliares de *Musa acuminata*.

Similitud con secuencias del banco de genes

Las secuencias consensuadas de las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM de *Lasiodiplodia* spp. fueron ingresadas en la herramienta de búsqueda básica de alineación local (BLAST, por sus siglas en inglés), utilizando parámetros de similitud que requerían una cobertura e identidad entre 92% y 100% para su comparación con las secuencias disponibles en el banco de genes del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI, por sus siglas en inglés).

Posteriormente, las secuencias que mostraron similitud, junto con las secuencias de C1-LT-HM y C2-LT-HM, fueron procesadas en el software de análisis genético evolutivo molecular v.11 (MEGA, por sus siglas en inglés), donde se alinearon y compararon.

Filogenética

Se construyeron árboles filogenéticos independientes para C1-LT-HM y C2-LT-HM con las secuencias con que mostraron similitud. Todas las secuencias se insertaron en MEGA v.11 tomando como variables el método de máxima verosimilitud y el modelo de 3 de Tamura (1992) con 500 réplicas para las distancias evolutivas, añadiendo como grupo externo a la región ITS-DNA de *Fusarium brachypodium* (NR_198831.1) con el fin de calibrar las relaciones evolutivas.

Análisis de datos

Los códigos de acceso y los parámetros de las secuencias del banco de genes con similitud a las de los hongos estudiados, fueron recopilados y organizados en documentos elaborados con los Softwares MS Word v.2021 y MS Excel v.2021.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Similitud con secuencias del banco de genes

La evaluación de similitud reveló un número representativo de información genética de la región ITS de hongos, siendo *Lasiodiplodia theobromae* la especie con quién se observó mayor homología en orden correlativo tanto para la cepa

C1-LT-HM como C2-LT-HM de *Lasiodiplodia* spp. (Figura 3 y 4). De acuerdo con Moreira et al. (2021), *Lasiodiplodia theobromae* es un hongo endófito que puede hallarse en tejidos vegetales sanos causando daños cuando el hospedador se encuentra susceptible por factores abióticos o deficiencias

nutricionales. Autores como Rusin et al. (2020), señalan que la infección por *Lasiodiplodia theobromae* causa una variedad de síntomas que se manifiestan en brotes y ramas. Otros autores señalan qué, entre los síntomas causados por *Lasiodiplodia theobromae* se encuentra el tizón, la clorosis foliar, la pudrición de raíces en plantas lechosas y marchitez de frutos, siendo los cultivos como el mango, aguacate, papaya, plátano, uva, cítricos y duraznos los más afectados (Flores et al., 2021). Según Duarte, Tomalá Reyes & Manzano (2022), *Lasiodiplodia theobromae* es un fitopatógeno que afecta a la producción y exportación de cultivos de cacao y banano post cosecha. De acuerdo con Quiroz et al. (2024), *Lasiodiplodia theobromae* es un hongo fitopatógeno que puede ser encontrado en frutos de *Musa paradisiaca*. Un análisis filogenético realizado con cepas de *Lasiodiplodia* spp. aisladas de frutos con síntomas de pudrición de la corona en *Musa* spp. (Jaramillo et al., 2024), han confirmado que este hongo puede actuar como fitopatógeno de

los frutos de musáceas. Sin embargo, no se ha encontrado suficiente documentación que respalde su presencia en manchas foliares, lo que sugiere una brecha en la comprensión de la biología y la epidemiología de este fitopatógeno. Por tanto, mediante la revisión de estudios previos y la contrastación de los resultados obtenidos, se puede determinar que la región ITS de las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM de *Lasiodiplodia* spp. Corresponden a la especie *Lasiodiplodia theobromae*. Este hallazgo es respaldado por estudios previos que mencionan que la infección por *Lasiodiplodia theobromae* puede provocar diversos síntomas en las plantas, como las clorosis foliares observadas en el trabajo de Flores et al. (2021). Lo cual concuerda con las manchas foliares observadas en las plantas infectadas por este hongo, que muestran síntomas compatibles con clorosis, reforzando así, la hipótesis de que *Lasiodiplodia theobromae* no solo afecta a los frutos de las musáceas, sino que también puede ser responsable de alteraciones en la parte foliar de la planta.

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Lasiodiplodia mahajangana CMW 27801 ITS region, from TYPE material	Lasiodiplodia ma...	300	300	92%	5e-77	98.21%	461	NR_147325
Lasiodiplodia theobromae voucher AH 51302_Daniels3631_TF-11 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	505	MW970326.1
Lasiodiplodia parva isolate LTY2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S r...	Lasiodiplodia parva	300	300	92%	5e-77	98.21%	542	KX227551.1
Lasiodiplodia theobromae strain LVPEI H546_10 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	444	JX868619.1
Lasiodiplodia theobromae strain HGAJ-7 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	520	KR709026.1
Lasiodiplodia theobromae isolate NCCP1 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	477	OM919171.1
Lasiodiplodia sp. isolate 880644-09 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene an...	Lasiodiplodia sp.	300	300	92%	5e-77	98.21%	1064	MW299364.1
Lasiodiplodia theobromae isolate S49L small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	499	OL831089.1
Lasiodiplodia theobromae isolate BPPCA123 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal trans...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	545	MR530018.1
Lasiodiplodia theobromae genes for ITS1, 5.8S rRNA, partial sequence: isolate_ryk-1	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	567	AB908425.1
Lasiodiplodia theobromae strain I5 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene an...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	500	OR786808.1
Fungal sp. voucher ARIZ-PS0184 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene and...	fungal sp.	300	300	92%	5e-77	98.21%	983	KU977618.1
Lasiodiplodia theobromae isolate KINISO6 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA g...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	507	MW362565
Lasiodiplodia sp. isolate COUFPJ289 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed s...	Lasiodiplodia sp.	300	300	92%	5e-77	98.21%	581	OR018815
Lasiodiplodia theobromae EF24T genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete s...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	494	LC787621.1
Lasiodiplodia theobromae strain CMW40636 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed sp...	Lasiodiplodia the...	300	300	92%	5e-77	98.21%	526	KY473025.1

Figura 3. Similitud de la secuencia consenso de la cepa C1-LT-HM mediante BLAST con aquellas disponibles en el banco de genes del NCBI.

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Lasiodiplodia theobromae isolate F11 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	Lasiodiplodia the...	556	556	100%	7e-154	90.22%	449	OM439608.1
Botryosphaeriaceae sp. LM241 18S ribosomal RNA gene, partial sequence	Botryosphaeriace...	551	551	100%	3e-152	90.00%	985	EF060575.1
Lasiodiplodia theobromae isolate 8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spa...	Lasiodiplodia the...	549	549	100%	1e-151	89.98%	531	OR362340.1
Lasiodiplodia theobromae isolate DP1 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene...	Lasiodiplodia the...	549	549	100%	1e-151	89.98%	504	MZ089465.1
Lasiodiplodia egyptiaca strain CMW54191 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA...	Lasiodiplodia eg...	549	549	100%	1e-151	89.98%	490	MT934428.1
Fungal sp. E14926K internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene and internal trans...	fungal sp. E1492...	549	549	100%	1e-151	89.98%	482	KM265793.1
Lasiodiplodia theobromae isolate RSGVL10-3 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal R...	Lasiodiplodia the...	549	549	100%	1e-151	89.98%	602	HM346872.2
Lasiodiplodia theobromae strain FRAH08 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	549	549	100%	1e-151	89.98%	500	MK507848.1
Lasiodiplodia theobromae isolate Mex.VrCot-5.1 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal...	Lasiodiplodia the...	549	549	100%	1e-151	89.98%	511	MW301277.1
Lasiodiplodia theobromae isolate IIOPR 2 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	540	540	84%	7e-149	94.46%	496	PP177614.1
Lasiodiplodia theobromae voucher AH 51302_Daniels3631_TF-11 small subunit ribosomal RNA gene, partial seq...	Lasiodiplodia the...	534	534	84%	3e-147	94.17%	505	MW970326
Lasiodiplodia parva isolate LTY2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S r...	Lasiodiplodia parva	534	534	84%	3e-147	94.17%	542	KX227551.1
Lasiodiplodia theobromae strain HGAJ-7 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	534	534	84%	3e-147	94.17%	520	KR709026
Lasiodiplodia theobromae isolate NCCP1 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA ge...	Lasiodiplodia the...	534	534	84%	3e-147	94.17%	477	OM919171
Lasiodiplodia sp. isolate 880644-09 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene an...	Lasiodiplodia sp.	534	534	84%	3e-147	94.17%	1064	MW299364
Lasiodiplodia theobromae isolate S49L small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	Lasiodiplodia the...	534	534	84%	3e-147	94.17%	499	OL831089.1

Figura 4. Similitud de la secuencia consenso de la cepa C2-LT-HM mediante BLAST con aquellas disponibles en el banco de genes del NCBI. Los checklists indican las secuencias que mostraron similitud como las secuencias de las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM.

Filogenética

A partir del análisis filogenético de las secuencias consensuadas de la región ITS-DNA de las cepas C1-LT-HM y C2-LT-HM, se construyeron dos árboles filogenéticos independientes. Estos árboles permitieron observar la agrupación de clados, que facilitó la determinación del grado de relación filogenética entre las cepas estudiadas y las secuencias ITS de *Lasiodiplodia theobromae* previamente reportadas por otros investigadores en el banco de genes del NCBI (Figura 5). El análisis de estas agrupaciones proporcionó una visión más clara sobre la posición evolutiva de las cepas dentro de la especie *Lasiodiplodia theobromae*, lo cual validó la identificación molecular previa. En el árbol filogenético correspondiente a la cepa C1-LT-HM se identificaron cinco clados (Figura 5A), uno de los cuales incluye tanto la secuencia de la cepa analizada como la secuencia con accesión OR116084.1. Este clado se ubica en una rama que se origina de otra compartida con un clado distinto que agrupa las secuencias MW560113.1, MN718960.1, KY992569.1, MT672607.1, ON287269.1, KY052943.1 y OP584309.1. Además, se observa que ambos clados convergen en un mismo nodo el cual se desprende de ramas inferiores, lo que sugiere una relación filogenética derivada de un ancestro común. En cuanto al árbol filogenético de C2-LT-HM (Figura 5B), se observa que esta cepa forma un clado en el que únicamente se agrupa a sí misma, y se encuentra cercanamente relacionada con el grupo externo utilizado para la calibración de las secuencias. Estos hallazgos sugieren que C2-LT-HM presenta características moleculares que lo distinguen como un linaje antiguo en comparación con las demás secuencias, las cuales se agrupan en clados derivados de ramas superiores. Estos resultados coinciden con los de

Jaramillo et al. (2024), quienes han determinado mediante análisis filogenético a *Lasiodiplodia theobromae* como la especie asignada a cepas de *Lasiodiplodia* spp. aisladas de frutos con síntomas de pudrición de la corona en *Musa* spp de Ecuador. Los estudios realizados por Sangeetha, Anandan & Rani (2012), señalan resultados similares a los de Jaramillo et al. (2024), ya que aislaron *Lasiodiplodia theobromae* de los trozos de frutos de cultivares de banano de India como Poovan (AAB), Rasthali (AAB), Robusta (AAA), Monthan (ABB), Virupakshi (AAB), Plátano rojo (AAA), Karpuravalli (ABB), Nendran (AAB), Pachanadan (AAB), Cavendish enano (AAA), Peyan (AAB) y Moris (AAA). No obstante, en este estudio se describe que, si bien las cepas analizadas corresponden a *Lasiodiplodia theobromae*, se observó una variabilidad genética que las distingue debido a las distancias evolutivas observadas para cada una. Por otro lado, Aponte, Vanegas & Guerrero (2025), mencionan que la manifestación de síntomas como la floración “dura” o pudrición en los frutos de banano, son causadas por *Lasiodiplodia theobromae* y otras especies como *Fusarium* spp., *Fusarium oxysporum*, *Fusarium equiseti*, *Fusarium circinatum* y *Fusarium proliferatum*. Otros autores como Thangavelu et al. (2024), señalan que entre las enfermedades que afectan gravemente el comercio y la calidad del banano, se encuentra la podredumbre del cogollo, una enfermedad postcosecha causada por el hongo *Lasiodiplodia theobromae*. En términos de evolución, los análisis filogenéticos permiten comprender mejor la historia evolutiva de las cepas de *Lasiodiplodia* y su diferenciación, como lo señala Darwin (1859), al inferir las relaciones ancestrales y descendientes de los taxones estudiados.

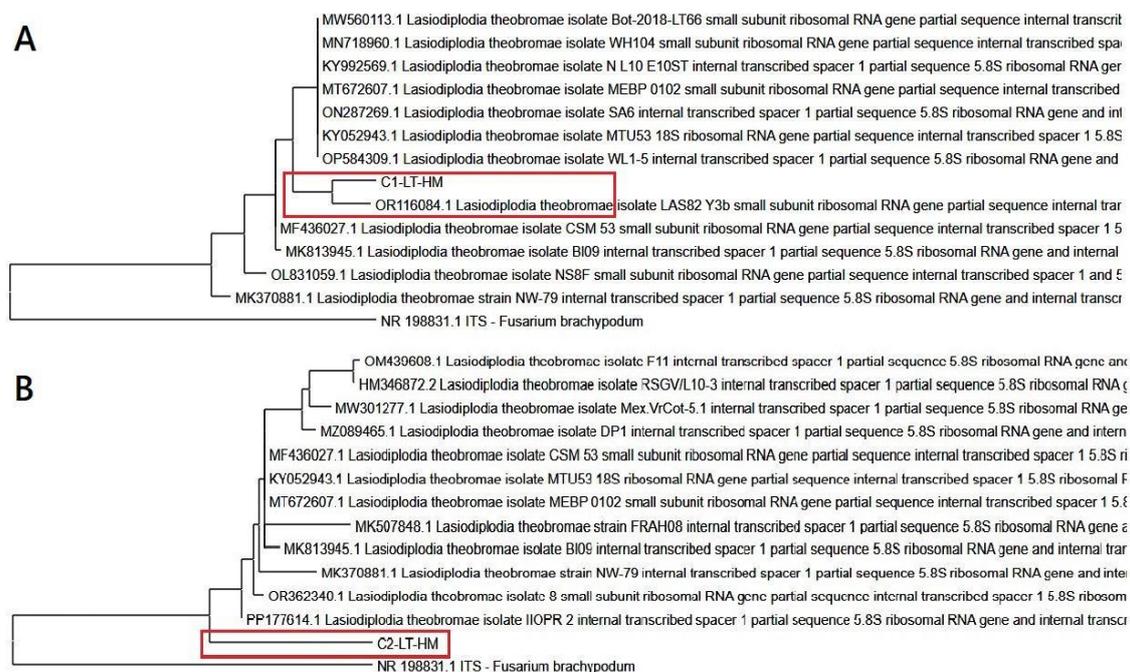


Figura 5. Árbol filogenético basado en el método de distancia de máxima verosimilitud y el modelo 3 parámetros de Tamura (1992) con un valor bootstrap de 500 réplicas, que muestra la relación existente entre las secuencias consensuadas de la región ITS-DNA de la cepa C1-LT-HM y C2-LT-HM, y las secuencias con las que se halló similitud en el banco de genes del NCBI. A) Árbol independiente de C1-LT-HM. B) Árbol independiente de C2-LT-HM. Los recuadros en rojo indican clados.

A partir de los cladogramas observados, es posible rastrear las rutas evolutivas de las diferentes cepas y cómo estas se han diversificado, lo que a su vez puede proporcionar información valiosa para la gestión de las enfermedades en cultivos de banano. En consecuencia, al analizar la literatura revisada y

comparar los datos obtenidos, tanto en relación con la similitud de las secuencias como con la construcción de los árboles filogenéticos, los resultados de este estudio pueden ser interpretados.

CONCLUSIONES

Lasiodiplodia theobromae es un hongo frecuentemente implicado en la pudrición de la corona de frutos de banano. No obstante, su capacidad de colonización se extiende a otras estructuras aéreas de plantas afectadas, como lo demuestra el presente estudio basado en lesiones foliares de *Musa acuminata*, mediante el uso de la región ITS en ADN fúngico. Este hallazgo resalta la necesidad de llevar a cabo estudios complementarios que examinen en mayor profundidad la distribución de *Lasiodiplodia theobromae* en diferentes órganos y en distintas

variedades de banano, con el fin de esclarecer su rol y/o papel en la fitopatología del cultivo y así contribuir al diseño de estrategias de manejo y control más eficaces, especialmente si se confirma su implicación patogénica en las lesiones foliares. Se sugiere la realización de estudios con enfoques experimentales, tanto in vitro como in situ, que contemplen la inoculación de cepas de *Lasiodiplodia theobromae* en hojas de *Musa acuminata*, con el objetivo de confirmar su papel como fitopatógeno asociado a la aparición de manchas foliares

AGRADECIMIENTOS

A la empresa Inca Biotec S.A.C. por sus enseñanzas teóricas y prácticas que han afianzado los conoci-

mientos en biotecnología molecular para el desarrollo de esta investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acaro Reyes, B. P., & Cevallos, S. (2025). Hongos asociados al cultivo de banano (*Musa* spp.) con potencial biotecnológico para el desarrollo de inoculantes. *Siembra*, 12(1). <https://doi.org/10.29166/siembra.v12i1.7053>
- Agrios, G. N. (2005). *Plant pathology* (5th ed.). Elsevier Academic Press.
- Alzate Tamayo, L. M., Jimenez Cartagena, C., & Londoño Londoño, J. (2011). Aprovechamiento de residuos agroindustriales para mejorar la calidad sensorial y nutricional de productos avícolas. *Producción Limpia*, 6(1), 108-127.
- Aponte, F. J. M., Vanegas, C. P. B., & Guerrero, J. N. Q. (2025). Determinación de los agentes causantes de la flor dura en los frutos de banano. *Polo del Conocimiento*, 10(2), 1083-1096. <https://doi.org/10.23857/pc.v10i2.8932>
- Barnett, H. L., & Hunter, B. B. (1998). *Illustrated genera of imperfect fungi* (4th ed.). Burgess Publishing Co.
- Chan-Cupul, W., Villegas-Guerrero, O., Sánchez-Rangel, J. C., Manzo-Sánchez, G., & Buenrostro-Nava, M. T. (2025). *Trichoderma* spp. conidiospores production and its application with *Streptomyces* spp. for the management of *Mycosphaerella fijiensis* in banana. *Mexican Journal of Phytopathology*, 43(4), 53. <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2024-05>
- Darwin, C. (1912). *The origin of species by means of natural selection, or The preservation of favored races in the struggle for life* (Vol. 1). D. Appleton and Company.
- Duarte Pasaguay, C. G., Tomalá Reyes, C. J., & Manzano Santana, P. I. (2022). Valoración de la actividad antifúngica in vitro de dos aceites esenciales para la inhibición del crecimiento de *Lasiodiplodia theobromae* patógeno de banano y cacao postcosecha (Doctoral dissertation, ESPOL. FCNM).
- Flores, H., Flores, J., Varela, E., Pérez, A., Azuara, A., & Monteón, A. (2021). Reporte de *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon y Maubl. en árboles cítricos de Tamaulipas. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 12(3), 499-511.
- French, E., & Hebert, T. (1980). *Métodos de investigación fitopatológica*. Editorial IICA de Costa Rica.
- Fofana, O., Voko Bi, R. D. R., & Kouassi, K. C. (2025). Evaluation of Biocontrol of *Mycosphaerella fijiensis* by five Species of Rhizosphere Fungi of Plantain. *Journal of Basic Microbiology*, e70020. <https://doi.org/10.1002/jobm.70020>
- Hanlin, R. T. (2001). *Combined keys to illustrated genera of Ascomycetes 1 and 2* (5th printing). APS Press.
- Jaramillo-Aguilar, E. E., Peña-Zúñiga, E., Barriga-Medina, N., Rodríguez-González, D. A., Mattos-Calderón, L., León-Reyes, A., & Garcés-Fiallos, F. R. (2024). First report of *Lasiodiplodia theobromae* causing fruit crown rot on banana in Ecuador. *Plant Disease*, 108(11), 3410. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-24-1370-PDN>
- Jimenez-Ariza, N. V., Soto-Heredia, J. M., & Aragón-Caballero, L. M. (2023). Posible inducción de resistencia sistémica a *Lasiodiplodia theobromae* en aguacate (*Persea americana* Mill.) en condiciones semicontroladas en La Molina. *Peruvian Journal of Agronomy*, 7(2), 132-143. <https://doi.org/10.21704/pja.v7i2.2053>
- Kwembe, J. T. K., Onautshu, O., Mpiana, P. T., Vermeir, P., & Haesaert, G. (2021). Chemical composition of essential oil of *Ageratum conyzoides* with antifungal activity on the *Lasiodiplodia theobromae* strain in the region of Kisangani and DR Congo. *Arch Curr Res Int*, 12-23. <https://doi.org/10.9734/ACRI/2021/v21i130222>
- Maharachchikumbura, S. S. N., Guo, L. D., Chokeatitrote, E., Bahkali, A. H., & Hyde, K. D. (2011). Pestalotiopsis: Morphology, phylogeny, biochemistry, and diversity. *Fungal Diversity*, 50, 167-187. <https://doi.org/10.1007/s13225-011-0125-x>
- Manzo-Sánchez, G., Orozco-Santos, M., Martínez-Bolaños, L., Garrido-Ramírez, E., & Canto-Canche, B. (2014). Enfermedades de importancia cuarentenaria y económica del cultivo de banano (*Musa* sp.) en México. *Revista mexicana de fitopatología*, 32(2), 89-107.
- Martínez de la Parte, E., & Pérez Vicente, L. (2015). Incidencia de enfermedades fúngicas en plantaciones de cacao de las provincias orientales de Cuba. *Revista de Protección Vegetal*, 30(2), 87-96.
- Martínez, G., & Rey, J. C. (2021). Bananos (*Musa AAA*): Importancia, producción y comercio en tiempos de Covid-19. *Agronomía Mesoamericana*, 32(3), 1034-1046. <http://dx.doi.org/10.15517/am.v32i3.43610>
- Moreira, A., Cedeño, Á., Canchignia, F., & Garcés, F. (2021). *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon & Maubl [syn. *Botryodiplodia theobromae* Pat.] in the cocoa crop: Symptoms, biological cycle, and strategies management. *Scientia Agropecuaria*, 12(4), 653-662. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2021.068>
- Moreira-Morrillo, A. A., Cedeño-Moreira, Á. V., Canchignia-Martínez, F., & Garcés-Fiallos, F. R. (2021). *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon & Maul [(sin.) *Botryodiplodia theobromae* Pat.] en el cultivo de cacao: Síntomas, ciclo biológico y estrategias de manejo. *Scientia Agropecuaria*, 12(4), 653-662. <http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2021.068>
- Perumal, A. B., Sellamuthu, P. S., Nambiar, R. B., & Sadiku, E. R. (2017). Effects of essential oil vapour treatment on the postharvest disease control and different defence responses in two mango (*Mangifera indica* L.) cultivars. *Food Bioprocess Technol*, 10, 1131-1141. <https://doi.org/10.1007/s11947-017-1891-6>
- Pizarro, A. M., Rojas, I. N., Alberca, E. S., Sime, K. Z., Álvarez, L. A., Peña-Castillo, R., ... & Javier-Alva, J. (2023). Sustainable alternatives for the control of *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon & Maubl in mango. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 27(1). <http://doi.org/10.56369/isaes.4839>

- Quiroz, L. F. J., Carriel, C. A. B., Guerra, E. G., Proaño, T. E. L., Reyes, A. L., & Medina, N. N. B. (2024). Tolerancia in-vitro de *Lasioidiplodia theobromae* aislado de *Musa paradisiaca* y *Rubus niveus* a cinco fungicidas de diferente modo de acción. *Ciencia y Tecnología*, 17(2), 28-39. <https://doi.org/10.18779/cyt.v17i2.831>
- Ramírez-Padrón, L. C., Caamal-Cauich, I., & Pat-Fernández, V. G. (2025). Producción y competitividad del banano mexicano a nivel mundial. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 16(3), e3626-e3626. <https://doi.org/10.29312/remexca.v16i3.3626>
- Rusin, C., Cavalcanti, F., de Lima, P., Duarte, C., Kurtz, M., & Vasconcelos, R. (2020). Control of the fungi *Lasioidiplodia theobromae*, the causal agent of dieback, in cv. Syrah grapevines. *Acta Scientiarum - Agronomy*, 43, 1-9. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v43i1.44785>
- Sangeetha, G., Anandan, A., & Rani, S. U. (2012). Morphological and molecular characterisation of *Lasioidiplodia theobromae* from various banana cultivars causing crown rot disease in fruits. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 45(4), 475-486. <https://doi.org/10.1080/03235408.2011.587986>
- Sahoo, S., Mahapatra, SS, Rout, M. y Khamari, B. (2025). Nuevo informe de aislamientos de *Lasioidiplodia* spp. de la región costera de Odisha (India), causantes de la enfermedad de podredumbre de corona en banano. *Journal of Applied Horticulture*, 27(1), 15-19. <https://doi.org/10.37855/jah.2025.v27i01.03>
- Tamura, K. (1992). Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G + C-content biases. *Molecular Biology and Evolution*, 9, 678-687. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040752>
- Thangavelu, R., Suresh Kumar, P., Shuprajhaa, T., Varun, G., & Selvarajan, R. (2024). Influence of native biocontrol agents and newer molecules on controlling postharvest diseases, improving quality and extending the shelf-life of banana cv. Grand Nain (AAA). *Scientia Horticulturae*, 334, 113292. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2024.113292>
- Viana, T. L., Peres, W. M., David, G. Q., de Matos, D. L., Campos, O. R., Yamashita, O. M., et al. (2020). Effect of essential oils on the “in vitro” mycelial growth of the fungus *Lasioidiplodia theobromae*. *South American Journal of Basic Education, Technology and Technology*, 7, 301-310.
- Villafuerte, J. W. S., Contreras, G. D. C., & Camposano, C. E. M. (2025). Prevención de *Fusarium oxysporum* raza 1, en el cultivo de banano variedad Gros Michel, utilizando *Trichoderma* spp. en la zona de Naranjal-Ecuador. *Arandu UTIC*, 12(1), 721-744. <https://doi.org/10.69639/arandu.v12i1.639>