

Identificación mediante el gen 16S rRNA de bacterias aisladas de hojas de banano (*Musa acuminata*) con manchas foliares en el norte de Perú

Identification by the 16S rRNA gene of bacteria isolated from banana leaves (*Musa acuminata*) with leaf spots in northern Peru

César Augusto Mogollón-Farías^{1, 2 *}; Jose Stalyn Cordova-Campos²; Segundo Melecio Garcia-Garcia^{1, 2}; Archi Alejandro Ruiz-Polo²

1 Programa Profesional de Ingeniería Agrónoma, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Tumbes, Perú.

2 Estación Experimental Agraria Los Cedros. Subdirección de Recursos Genéticos de la Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología. Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), 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>

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

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

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

RESUMEN

La filósfera de banano alberga un microbiota diverso, cuya composición y función en la sanidad vegetal aún son poco comprendidas. En particular, la presencia de bacterias asociadas a enfermedades como las manchas foliares, las cuales han sido escasamente estudiadas. El objetivo del presente estudio fue la identificación mediante el gen 16S rRNA de bacterias aisladas de hojas de banano (*Musa acuminata*) con manchas foliares en el departamento de Tumbes, Perú. Se analizaron 22 aislamientos bacterianos, de los cuales se extrajo el ADN genómico total. Se amplificó el gen 16S rRNA mediante reacción en cadena de la polimerasa, seguido de su secuenciación mediante la tecnología de Sanger de doble cadena. Los productos de la secuenciación fueron ingresados en la herramienta BLAST para la búsqueda de homologías con secuencias depositadas en el banco de genes del NCBI. Se identificaron especies de los géneros *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Enterobacter*, *Acinetobacter* y *Enterococcus*, siendo *Bacillus* el género predominante con 13 especies (59.09%). No se identificaron especies de bacterias fitopatógenas. Se infiere que, en las manchas foliares del banano, se pueden encontrar diversas especies bacterianas, incluyendo aquellas con propiedades antagonistas que posiblemente las han adquirido durante su desarrollo.

Palabras clave: banano; manchas foliares; aislamientos bacterianos; secuenciación 16S rRNA.

ABSTRACT

The banana phyllosphere hosts a diverse microbiota, the composition and function of which in plant health are still poorly understood. In particular, the presence of bacteria associated with diseases such as leaf spot has been poorly studied. The objective of this study was to identify bacteria isolated from banana (*Musa acuminata*) leaves with leaf spot in the department of Tumbes, Peru, using the 16S rRNA gene. Twenty-two bacterial isolates were analyzed, and total genomic DNA was extracted from them. The 16S rRNA gene was amplified by polymerase chain reaction, followed by sequencing using double-stranded Sanger technology. The sequencing products were entered into the BLAST tool to search for homologies with sequences deposited in the NCBI gene bank. Species of the genera *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Enterobacter*, *Acinetobacter*, and *Enterococcus* were identified, with *Bacillus* being the predominant genus with 13 species (59.09%). No phytopathogenic bacterial species were identified. It is inferred that various bacterial species can be found in banana leaf spots, including those with antagonistic properties that may have been acquired during their development.

Keywords: banana; leaf spots; bacterial isolates; 16S rRNA sequencing.

Recibido: 14-04-2025.

Aceptado: 09-09-2025.



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

INTRODUCCIÓN

Los cultivares de banano comprenden principalmente especies del género *Musa*, como *Musa acuminata* (con genoma A) y *Musa balbisiana* (con genoma B), que son producto de hibridaciones artificiales y han facilitado su cultivo y reproducción en diversas regiones del mundo (Simmonds, 1962; D'hont et al., 2000; D'hont et al., 2012).

El crecimiento y desarrollo de estos cultivos está influenciado por una variedad de factores bióticos y abióticos, incluidos los factores edafoclimáticos, las características topográficas y la altitud de las plantaciones. No obstante, durante su desarrollo, y posterior a este, se presenta una amplia gama de organismos plaga que los afectan, tales como ácaros, insectos, nematodos y microorganismos como hongos y bacterias, los cuales ocasionan un daño significativo (García et al., 2021).

Entre las enfermedades más relevantes destacan las foliares, ya que inciden sobre la parte aérea de la planta, la cual desempeña un papel crucial en los procesos fotosintéticos necesarios para el crecimiento y desarrollo de la misma (Aragón et al., 2022; Morocho et al., 2024; Das et al., 2024).

No obstante, también se han identificado especies bacterianas, como *Klebsiella* spp. y *Pectobacterium chrysanthemi*, así como insectos coleópteros que afectan el pseudotallo, una de las partes de las plantas de banano más susceptibles a enfermedades (Nolasco et al., 2023; Maldonado-Duque et al., 2024; Hemadri & Mahato, 2025).

Al respecto, la biotecnología molecular ha emergido como una herramienta poderosa y precisa para la identificación de microorganismos, incluyendo bacterias patógenas y no patógenas, asociadas a enfermedades en cultivos agrícolas. A

través de técnicas avanzadas como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la secuenciación de ADN y los análisis filogenéticos, con los que es posible detectar y caracterizar con alta especificidad las cepas bacterianas que afectan a las plantas y conviven con ellas. Dicho enfoque ha permitido no solo una identificación más rápida y certera de microorganismos, sino también una mejor comprensión de sus mecanismos de virulencia, su distribución genética y su relación con las condiciones ambientales (Armenta, Valenzuela & Hernández, 2021; Suárez & Peñaranda, 2022; Felipe et al., 2024).

Hasta la fecha, no se ha llevado a cabo la identificación molecular de las cepas bacterianas aisladas de hojas afectadas por manchas foliares en el cultivo de banano *Musa acuminata*, a pesar de la relevancia de comprender la diversidad bacteriana asociada a este cultivo durante la aparición de enfermedades. Dicho enfoque permitirá esclarecer las interacciones entre los microorganismos y la planta en un menor tiempo, lo cual es clave para el diseño de estrategias de manejo más efectivas frente a las manchas foliares. Además, el análisis molecular facilitará la detección de cepas patógenas específicas, lo que optimizará la implementación de medidas de control más precisas y apropiadas, promoviendo la sostenibilidad y productividad de los cultivos en la región.

En virtud de lo anteriormente descrito, el objetivo de estudio fue la identificación mediante el gen 16S rRNA de bacterias aisladas de hojas de banano (*Musa acuminata*) con manchas foliares en el norte de Perú.

METODOLOGÍA

Muestras

Se analizaron muestras microbiológicas correspondientes a aislamientos bacterianos que se han obtenido directamente de hojas de banano con manchas foliares, dicho cultivo posee un manejo agronómico convencional en el fundo Los Zárates del distrito de Pampas de Hospital, departamento de Tumbes. La muestra se conformó por 22 cepas, cada una con su respectivo código para su distinción. Las cepas fueron proporcionadas por la empresa Inca Biotec S.A.C. ubicada en el departamento de Tumbes (Tabla 1).

Extracción de ADN y PCR del gen 16S rRNA

Se extrajo ADN total bacteriano de los aislados mediante el método CTAB 2X descrito por Worden

(2009), con una ligera modificación, conteniendo (100 mM Tris-HCl pH 8.0, 20 mM EDTA, 1.4 M NaCl) bromuro de hexadeciltrimetilamonio. El ADN concentrado y purificado se cuantificó en espectrofotómetro BioPhotometer UV/Vis (Eppendorf, Germany). Posteriormente, se realizó una PCR en punto final dirigida al gen 16S rRNA en un termociclador modelo Biometra Tone® empleando el kit Taq Polimerasa Thermo Scientific y los cebadores 27F (5'-AGAGTTTAGTCMTG-GCTCAG-3') y 1492R (5'-GGYTACCTT-GTTACGACTT-3').

La reacción se llevó a cabo en un volumen final de 25 µL, compuesto por agua ultra pura (AUP), buffer 10X, MgCl₂ (25 mM), dNTPs, 0,36 pmol de los cebadores 27F y 1492R, 0,04 U/µL de la enzima polimerasa y 2 µL de ADN.

Tabla 1

Cepas y sus respectivos códigos para la identificación molecular de bacterias

Cepa	Características de aislamiento	Localidad y coordenadas
CBCM1, CBCM2, CBCM3, CBCM4, CBCM5, CBCM6, CBCM7, CBCM8, CBCM9, CBCM10, CBCM11, CBCM12, CBCM13, CBCM14, CBCM15, CBCM16, CBCM17, CBCM18, CBCM19, CBCM20, CBCM21, CBCM22	Aislamientos realizados en medio sólido de cultivo general agar nutritivo (AN) mediante siembra por hisopado de hojas con manchas foliares.	Pampas de Hospital (-3.685734 N / -80.439724 E)

La reacción se realizó con las siguientes condiciones térmicas: un ciclo a 94 °C durante 5 min, seguido de 35 ciclos a 94 °C durante 30 s, 58 °C durante 45 s, 7 °C durante 1 min y 30 s, y un ciclo final de 72 °C durante 6 min. Se consideraron controles negativos y positivos con los que se validaron las amplificaciones del gen, el cual posee un tamaño de 1600 pares de bases (pb).

Electroforesis en gel de agarosa

Los productos de PCR obtenidos fueron analizados mediante electroforesis en gel de agarosa al 1,5%, utilizando una solución TAE 1X (Tris-Acetato-EDTA) y teñidos con bromuro de etidio a una concentración de 0,5 ng/mL. Para la migración, se emplearon 2 µL de buffer de carga 6X (DNA loading dye), 8 µL del amplicón y 2 µL de un marcador de peso molecular de 100 pb. La electroforesis se ejecutó a 80 V y 220 mA durante 30 minutos, y los productos fueron visualizados mediante un transiluminador (Vilber Lourmat TFX 20 M) bajo luz ultravioleta (UV).

Secuenciación de ADN

Los productos de PCR del gen 16S rRNA, en volúmenes de 25 µL, fueron secuenciados utilizando la tecnología de Sanger de doble cadena

en la empresa MACROGEN (EE. UU) <https://dna.macrogen.com/>.

Análisis bioinformático y asignación taxonómica de las secuencias

Los resultados de la secuenciación fueron entregados en formato de lectura de texto, los cuales fueron procesados utilizando el software Molecular Evolutionary Genetics Analysis v.11 (MEGA) disponible en <https://www.megasoftware.net>, para realizar el alineamiento y obtener una secuencia consenso. Las secuencias consenso generadas se introdujeron en la herramienta de búsqueda de alineamiento local básico (BLAST), accesible en <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, para identificar secuencias similares previamente registradas y así poder asignar las especies taxonómicamente según corresponda. Los parámetros de similitud para la asignación taxonómica consistieron en una cobertura y un porcentaje de identidad entre el 90% y el 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) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el presente estudio, la identificación molecular, a través del gen 16S rRNA, ha proporcionado una visión detallada de la composición bacteriana presente en hojas de banano con manchas de tono amarillo y/o marrón, revelando la presencia de especies con características biotecnológicas e indicadoras de contaminación. Al respecto, la frecuencia de los géneros bacterianos y sus porcentajes se presentan en la Figura 1, mientras que sus características e importancia biotecnológica se detallan en la Tabla 2. De acuerdo con Paladines et al. (2020), la composición microbiana en las plantas puede diferenciarse principalmente según el estado sanitario, es decir, sano o enfermo.

No obstante, Nolasco et al. (2023) han documentado la presencia de bacterias pertenecientes a los géneros *Serratia*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Enterobacter* y *Klebsiella* en el tejido radicular de diferentes cultivares de *Musa* spp., lo que subraya la diversidad bacteriana en sus distintas partes. Asimismo, Vargas et al. (2022) han encontrado que *Pectobacterium chrysanthemi* (actualmente *Dickeya chrysanthemi*) es una bacteria predominante en los cultivos de banano, puesto que es responsable de la pudrición blanda del pseudotallo. Esto coincide con estudios previos de Maldonado et al. (2024), quienes detectaron a *Pectobacterium chrysanthemi* en el pseudotallo.

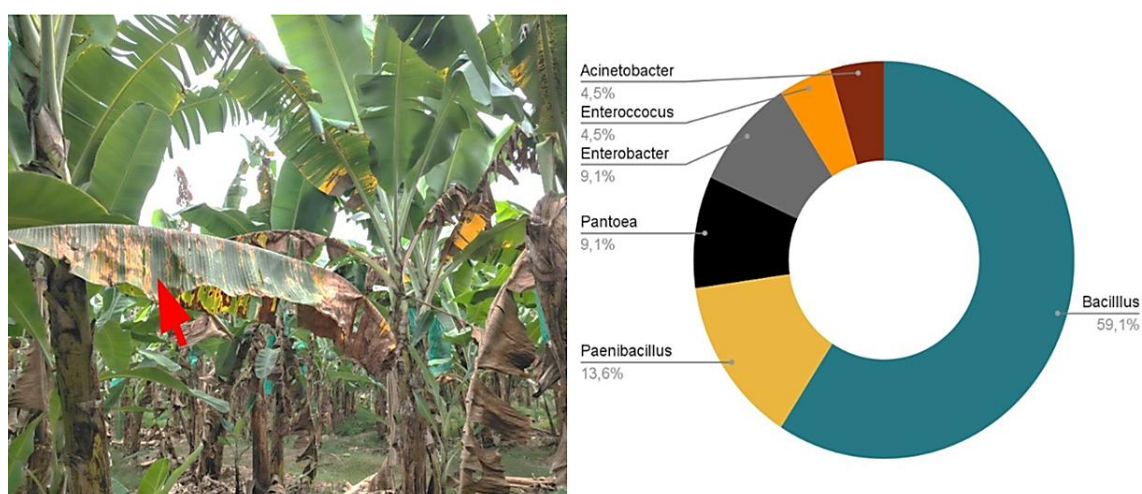


Figura 1. Frecuencia de géneros bacterianos identificados en hojas de banano (*Musa acuminata*). Flecha roja señala manchas foliares en el haz de las hojas de las plantas analizadas.

Tabla 2

Especies de bacterias identificadas con el gen 16S rRNA y sus características y/o importancias biotecnológicas

Nº	Especie	Características y/o importancia biotecnológica	Fuente
1	<i>Bacillus megaterium</i>	Controlador biológico de <i>Meloidogyne incognita</i> (nematodo) y <i>Fusarium oxysporum</i> (hongo), y promotor de crecimiento vegetal (PGPR) en cultivos agrícolas	Maqsood et al. (2024) Nascimento et al. (2019)
2	<i>Bacillus pumilus</i>	Controlador biológico de <i>Pseudocercospora fijiensis</i> , agente causal de la enfermedad de la sigatoka en cultivos agrícolas	Cruz et al. (2016) Cruz et al. (2018)
3	<i>Bacillus subtilis</i>	Controlador biológico de <i>Botrytis cinerea</i> , agente causal de la enfermedad del moho gris en cultivos agrícolas	Bolívar et al. (2021)
4	<i>Bacillus velezensis</i>	Controlador biológico que produce lipopéptidos (iturina, fengicina, surfactina, bacilomicina D) y compuestos volátiles con actividad antifúngica y antibacteriana, que inhibe fitopatógenos como <i>Fusarium</i> , <i>Alternaria</i> , <i>Botrytis</i> , <i>Sclerotinia</i> , <i>Phytophthora</i> y nematodos como <i>Meloidogyne incognita</i>	De Fátima Dias Diniz et al. (2024) Hammad et al. (2023) Wang et al. (2023) Kim et al. (2022) Han et al. (2021) Torres et al. (2020) Myo et al. (2019)
5	<i>Bacillus thuringiensis</i>	Controlador biológico que actúa produciendo proteínas cristalinas insecticidas (toxinas Cry y Cyt) durante la esporulación, las cuales son específicas para insectos plaga lepidópteros, coleópteros, dípteros	Kumar et al. (2021) Domínguez-Arrizabalaga et al. (2020)
6	<i>Bacillus</i> spp.	Controlador biológico, supresor de enfermedades y PGPR en cultivos agrícolas	Zhang et al. (2023) Miljaković et al. (2020)
7	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Controlador biológico de <i>Fusarium bulbigenum</i> , agente causal de la marchitez vascular y PGR que actúa mejorando la absorción de nutrientes en suelos agrícolas	Huang et al. (2024) Xu et al. (2022)
8	<i>Pantoea</i> spp.	Controlador biológico de <i>Ralstonia solanacearum</i> , agente causal de la marchitez bacteriana y PGPR que actúa fijando nitrógeno, solubilizan fosfatos y produciendo fitohormonas (auxinas)	Duchateau et al. (2024) Abo-Elyousr & Hassan (2021) Walterson & Stavrínides (2015)
9	<i>Enterobacter</i> spp.	PGPR que actúa favoreciendo la solubilización fósforo y potasio, fijando nitrógeno y produciendo fitohormonas	Roslan et al. (2020)
10	<i>Enterococcus</i> spp.	Especie perteneciente a un género enterobacteriano con importancia clínica por enfermedades gastrointestinales que causa en el ser humano, su presencia en cultivos agrícolas se emplea como indicador de contaminación fecal	García-Solache & Rice (2019) Hamilton & Shah (2001)
11	<i>Acinetobacter</i> spp.	Especie perteneciente a un género bacteriano caracterizado por su resistencia a antibióticos, que puede hallarse en frutas y verduras además de suelos agrícolas y estiércol de ganado	Son et al. (2024) Serda et al. (2023) Pulami et al. (2020) Carvalho et al. (2017)

En este sentido, el estudio de Cruz et al. (2018) reporta el aislamiento de *Bacillus pumilus* como una especie predominante en la filósfera de banano. Autores como Trivedi et al. (2020) sugieren que existe una disminución progresiva en la diversidad microbiana de las plantas de banano, comenzando desde el suelo y pasando por la rizosfera hasta llegar a la parte aérea de la planta, incluidas las flores y las hojas. Este patrón refleja una adaptación de las comunidades microbianas a distintos nichos de la planta, con una mayor diversidad en los ambientes más cercanos al suelo y una especialización creciente en las partes aéreas. Sin embargo, también es importante considerar el tipo de manejo del cultivo. Al respecto, Zapata et al. (2022) observaron que la diversidad microbiana en la rizosfera y el suelo era mayor bajo manejo convencional en comparación con el manejo orgánico. No obstante, en las hojas de las plantas este patrón se invierte, registrándose una mayor diversidad bajo el manejo orgánico. Según Dita et al. (2018) y Larkin (2015), la diversidad microbiana en las plantas de banano puede explicarse por las complejas interacciones que existen con su huésped (la planta). En ese sentido, se infiere que la diversidad microbiana del banano varía según el órgano y el manejo del cultivo, con

adaptaciones específicas a cada nicho. Es importante destacar que, de los aislamientos bacterianos, las especies predominantes corresponden al género *Bacillus*, entre las cuales se identificaron *Bacillus megaterium* (9,09%), *Bacillus pumilus* (13,64%), *Bacillus subtilis* (9,09%), *Bacillus velezensis* (4,55%), *Bacillus* spp. (9,09%) y *Bacillus thuringiensis* (13,64%). Dicho resultado es relevante, dado que estas especies bacterianas son reconocidas por su alto potencial en diversas aplicaciones biotecnológicas y ambientales, tales como la biorremediación, la síntesis de metabolitos bioactivos y la promoción del crecimiento vegetal. De acuerdo con Stein (2005) y Pérez et al. (2011), desde hace décadas se han aislado diversas especies de *Bacillus*, reconocidas como seguras para la salud humana, y se ha investigado su potencial para el control de enfermedades en plantas. En este sentido, Cruz et al. (2018) utilizaron una cepa de *Bacillus pumilus* (CCIBP-C5), aislada de la filósfera de banano, para evaluar su efecto frente al hongo *Pseudocercospora fijiensis*, agente causal de la Sigatoka negra, que provoca manchas foliares. Los resultados de este estudio indicaron que la bacteria actúa como un controlador biológico, probablemente debido a su capacidad para producir metabolitos antifúngicos.

Esto coincide con estudios previos en los que se ha demostrado que *Bacillus pumilus*, aislado de la filosfera del banano, puede inhibir el crecimiento *in vitro* del micelio de *Pseudocercospora fijiensis* (Cruz et al., 2016).

Otros autores han reportado que distintas cepas de *Bacillus pumilus* inducen defensas frente a fitopatógenos (Kloepper & Ryu, 2006; Yi et al., 2013). En ese sentido, cabe mencionar que, durante más de 50 años, se ha documentado la presencia de bacterias en el interior de las plantas sin inducir síntomas evidentes de enfermedad (Tervet & Hollis, 1948; Hollis, 1951). No obstante, estas bacterias también pueden generar efectos neutros o adversos (Lodewyckx et al., 2002). Esto concuerda con reportes de Malfanova et al. (2012) y Bolívar et al. (2021), quienes señalan que cepas específicas de *Bacillus subtilis*, como la HC8, son endófitas beneficiosas para las plantas y pueden emplearse como agentes de biocontrol contra *Botrytis cinerea*, un hongo fitopatógeno que ataca a diversos cultivos vegetales.

En este sentido, las bacterias endófitas no solo poseen propiedades de biocontrol, sino que también desempeñan un papel importante en la regulación de micro y macronutrientes. En un estudio realizado con especies de cultivos como *Calamagrostis vicunarum*, *Festuca dolichophylla* y *Muhlenbergia ligularis*, inoculadas con 19 bacterias endófitas, se observó que estos microorganismos contribuyen significativamente a la acumulación de nutrientes. En *C. vicunarum*, varios aislados de *Bacillus mycoides* aumentaron entre un 15,2 % y un 35,6 % la acumulación de nutrientes como S, Ca, Na, Mg, P, K y N (macronutrientes), así como Fe, B, Zn, Mn, Cu y Mo (micronutrientes). En *F. dolichophylla*, bacterias como *Bacillus mycoides*, *Paenibacillus tundrae* y *Staphylococcus warneri* incrementaron entre un 8,6 % y un 25,9 % la acumulación de S, Ca, Mg, P, K, B, Zn, Mn y Cu. Por último, en *M. ligularis*, bacterias como *Bacillus simplex*, *Bacillus mycoides*, *Paenibacillus xylanexedens* y *Paenibacillus amylolyticus* aumentaron entre un 10,7 % y un 73,6 % la acumulación de Na, N, K, Mg, S, P, Ca, Cu, Mo, B, Fe, Zn y Mn (Villanueva et al., 2022). Estos resultados destacan el potencial de las bacterias endófitas para regular los niveles de nutrientes esenciales en las plantas y, a su vez, explican su posible función en las hojas de banano analizadas. No obstante, su presencia podría estar relacionada con la base teórica previamente citada (Tervet & Hollis, 1948; Hollis, 1951).

En relación con otras especies bacterianas detectadas en las hojas de banano analizadas, se identificaron *Pantoea* spp. (9,09 %), *Enterobacter* spp. (9,09 %), *Acinetobacter* spp. (4,55 %), *Paenibacillus polymyxa* (13,64 %) y *Enterococcus* spp. (4,55 %). Según Permasari et al. (2024), *Pantoea* spp. se encuentra predominantemente en el pseudotallo de banano, junto con otros microorganismos como *Escherichia coli*, *Synechococcus* spp., *Pantoea vagans* y *Klebsiella pneumoniae*. En otros estudios, como los de Dewada et al. (2024), se menciona a *Priestia megaterium* (actualmente clasificada como *Bacillus megaterium*) y *Pantoea cyripedii* como bacterias

filosféricas con un papel en el desarrollo de las plantas, aunque su aislamiento proviene de hojas de banano sanas, lo que podría explicar su presencia en las hojas con manchas analizadas en este estudio.

En cuanto a *Enterococcus* spp., los resultados de este trabajo contrastan con la información existente en la literatura. Autores como Al-Kharousi et al. (2016) señalan que *Enterococcus* es un género bacteriano comúnmente encontrado en diversas frutas y verduras, pero no en el banano, la granada, la zanahoria ni el pimiento. Según Hamilton & Shah (2001), la presencia de *Enterococcus* en una muestra es indicadora de contaminación fecal, que puede ser de origen reciente o persistente, dado que estas bacterias tienen la capacidad de sobrevivir en el ambiente durante periodos prolongados. En este sentido, es posible que la presencia de *Enterococcus* en las hojas manchadas de banano analizadas se deba al tipo de agua utilizada para el riego, la cual proviene de canales de regadío, lo que podría haber facilitado la contaminación de las hojas con esta bacteria.

Respecto a *Enterobacter* spp., perteneciente a la familia Enterobacteriaceae, Nolasco et al. (2023) han reportado la presencia de *Klebsiella* (género también incluido en esta familia) en pseudotallos de banano. Por tanto, la presencia de bacterias de la familia Enterobacteriaceae no constituye un hallazgo novedoso, dado que ya ha sido documentada previamente.

Por otro lado, en un estudio realizado por Thomas (2009), en el que se evaluaron las bacterias endófitas presentes en las puntas de los brotes profundos de los hijuelos de banano, se identificó un microbioma compuesto por diversas bacterias pertenecientes a los filos Firmicutes (*Bacillus*, *Brevibacillus*, *Paenibacillus*, *Virgibacillus*, *Staphylococcus*), Actinobacteria (*Cellulomonas*, *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *Kocuria*), α -proteobacteria (*Paracoccus*) y γ -proteobacteria (*Pseudomonas*, *Acinetobacter*). Esta información es relevante para el presente estudio, dado que *Paenibacillus polymyxa* fue detectada con una frecuencia del 13,64 %, lo que sugiere una relación simbiótica adquirida desde la fase de hijuelo hasta la adultez. En este contexto, Xu et al. (2022) describen que *Paenibacillus polymyxa* posee características que le permiten actuar como un agente de control biológico frente a hongos como *Fusarium bulbigenum*, lo que indica su potencial en la protección de las plantas contra patógenos fúngicos.

En virtud de lo anteriormente descrito, la predominancia de especies como *Bacillus* y la presencia de otras bacterias observadas en las hojas de banano en el presente estudio son coherentes con la bibliografía consultada. La presencia de especies bacterianas con propiedades antifúngicas podría sugerir un papel potencial en la regulación o control de dichas infecciones, lo que refuerza la hipótesis de que los microorganismos bacterianos podrían estar influyendo en la dinámica de las infecciones que afectan a las hojas de banano. Así, los resultados de este estudio

pueden interpretarse a la luz de la información disponible, infiriendo la existencia de relaciones simbióticas entre bacterias y plantas frente a

infecciones, así como posibles funciones de regulación de nutrientes en el caso de especies endófitas con dichas características.

CONCLUSIONES

En conclusión, el presente estudio permitió identificar una diversidad bacteriana asociada a las manchas foliares en plantas de banano (*Musa acuminata*) en el departamento de Tumbes, Perú. Mediante la amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA, se determinaron especies pertenecientes a los géneros *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Enterobacter*, *Acinetobacter* y *Enterococcus*, destacando *Bacillus* como el género predominante. A pesar de la detección de diversas especies bacterianas, no se identificaron patógenos bacterianos específicos relacionados con enferme-

dades foliares del banano. Estos resultados sugieren que las manchas foliares podrían estar asociadas a una microbiota bacteriana diversa, que incluye especies con potencial para aplicaciones biotecnológicas, tales como bacterias con propiedades antagonistas y promotoras del desarrollo vegetal. Sin embargo, se requieren estudios adicionales para comprender con mayor precisión el papel funcional de estas bacterias en la sanidad vegetal y su potencial en el manejo integrado de enfermedades en cultivos de banano.

AGRADECIMIENTOS

A la empresa Inca Biotec S.A.C. por sus valiosas enseñanzas teóricas y prácticas, que han fortalecido los conocimientos en biotecnología

molecular necesarios para el desarrollo de esta investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abo-Elyousr, K., & Hassan, S. (2021). Biological control of *Ralstonia solanacearum* (Smith), the causal pathogen of bacterial wilt disease by using *Pantoea* spp. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 31, 113. <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00460-z>
- Al-Kharousi, Z. S., Guizani, N., Al-Sadi, A. M., Al-Bulushi, I. M., & Shaharoon, B. (2016). Hiding in fresh fruits and vegetables: opportunistic pathogens may cross geographical barriers. *International journal of microbiology*, (1), 4292417. <https://doi.org/10.1155/2016/4292417>
- Armenta-López, S. E., Valenzuela-Solano, C., & Hernández-Martínez, R. (2021). Identificación y análisis molecular de razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* aisladas de jitomate en Baja California, México. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 39(2), 266-288. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2103-4>
- Aragón, L., Huarhua, H., Cerna, M., Flores, J., Dueñas, F., Lao, C. P., & Solis, R. (2022). Incidencia de las enfermedades foliares en los sistemas agroforestales de Yurimaguas, Perú. *Peruvian Journal of Agronomy*, 6(1), 93-102. <https://doi.org/10.21704/pja.v6i1.1733>
- Bolívar-Anillo, H. J., González-Rodríguez, V. E., Cantoral, J. M., García-Sánchez, D., Collado, I. G., & Garrido, C. (2021). Bacteria endofítica *Bacillus subtilis*, aislada de *Zea mays*, como potencial agente de biocontrol contra *Botrytis cinerea*. *Biología*, 10(6), 492. <https://doi.org/10.3390/biology10060492>
- Carvalho, A., Silva, J., & Teixeira, P. (2017). Lettuce and fruits as a source of multidrug resistant *Acinetobacter* spp. *Food microbiology*, 64, 119-125. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2016.12.005>
- Cruz-Martín, M., Acosta-Suárez, M., Mena, E., Roque, B., Pichardo, T., & Alvarado-Capó, Y. (2018). Effect of *Bacillus pumilus* CCIBP-C5 on *Musa-Pseudocercospora fijiensis* interaction. *3 Biotech*, 8(2), 1-10. <https://doi.org/10.1007/s13205-018-1152-z>
- Cruz-Martín, M., Acosta-Suárez, M., Roque, B., Pichardo, T., Castro, R., & Alvarado-Capó, Y. (2016). Diversidad de cepas bacterianas de la filosfera de *Musa* spp. con actividad antifúngica frente a *Mycosphaerella fijiensis* Morelet. *Bioteología Vegetal*, 16(1), 53-61. <https://core.ac.uk/download/pdf/228605584.pdf>
- Das, D., Chowhan, P., Mandal, P., & Chakraborty, A. (2024). Studies on variability in mode of infection by the isolates of leaf pathogens isolated from diseased leaves of *Musa paradisica* from Uttar Dinajpur District. *F1000Research*, 13, 370 (<https://doi.org/10.12688/f1000research.136445.1>)
- De Fátima Dias Diniz, G., Figueiredo, J., Canuto, K., Cota, L., De Queiroz Souza, A., Simeone, M., De Sousa Tinoco, S., Ribeiro, P., Ferreira, L., Marins, M., De Oliveira-Paiva, C., & Santos, V. (2024). Chemical and genetic characterization of lipopeptides from *Bacillus velezensis* and *Paenibacillus ottowii* with activity against *Fusarium verticillioides*. *Frontiers in Microbiology*, 15. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1443327>
- Dewada, R., Khunt, M. D., Tandel, D. H., Suthar, H., & Bhimani, H. D. (2024). Isolation, characterization and in vitro efficacy of banana phyllospheric bacteria. *Emergent Life Sciences Research*, 10, 90-96. <https://doi.org/10.31783/elsr.2024.1019096>
- Dita, M., Barquero, M., Heck, D., Mizubuti, E. S., & Staver, C. P. (2018). Fusarium wilt of banana: Current knowledge on epidemiology and research needs toward sustainable disease management. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1468. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01468>
- D'hont, A., Denoeud, F., Aury, J. M., Baurens, F. C., Carreel, F., Garsmeur, O., & Wincker, P. (2012). The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature*, 488(7410), 213-217. <https://doi.org/10.1038/nature11241>
- D'hont, A., Paget-Goy, A., Escoute, J., & Carreel, F. (2000). The interspecific genome structure of cultivated banana, *Musa* spp. revealed by genomic DNA in situ hybridization. *Theoretical and Applied Genetics*, 100, 177-183. DOI: 10.1007/s001220050024
- Domínguez-Arrizabalaga, M., Villanueva, M., Escriche, B., Ancín-Azpilicueta, C., & Caballero, P. (2020). Actividad insecticida de las proteínas de *Bacillus thuringiensis* contra plagas de coleópteros. *Toxinas*, 12(7), 430. <https://doi.org/10.3390/toxins12070430>
- Duchateau, S., Crouzet, J., Dorey, S., & Aziz, A. (2024). The plant-associated *Pantoea* spp. As biocontrol agents: Mechanisms and diversity of bacteria-produced metabolites as a prospective tool for plant protection. *Biological Control*, 188, 105441. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2024.105441>
- Edmunds, W. M., Cook, J. M., Darling, W. G., Kinniburgh, D. G., Miles, D. L., Bath, A. H., Morgan Jones, M., & Andrews, J. N. (1987). Baseline geochemical conditions in the Chalk aquifer, Berkshire, U.K.: A basis for groundwater quality management. *Applied Geochemistry*, 2, 251-274. [https://doi.org/10.1016/0883-2927\(87\)90042-4](https://doi.org/10.1016/0883-2927(87)90042-4)
- Felipe, V., Palma, L., Álvarez, T. D., Somale, P. S., Sattler, A. E., von Baczkó, O. H., ... & Romero, A. M. (2024). Identificación molecular de bacteria causante de pie negro y podredumbre blanda en papa en el cinturón verde de Córdoba capital. <https://agris.fao.org/search/en/providers/124845/record/s/67bc98bae27dfa1251894859>
- García-Solache, M., & Rice, L. (2019). The *Enterococcus*: a Model of Adaptability to Its Environment. *Clinical Microbiology Reviews*, 32(2), e00058-18.

- <https://doi.org/10.1128/CMR.00058-18>
- García-Velasco, R., Portal-González, N., Santos-Bermúdez, R., Rodríguez-García, A., & Companioni-González, B. (2021). Mejoramiento genético para la resistencia a marchitez por *Fusarium* en banano. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 39(1), 122-146. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2008-2>
- Han, X., Shen, D., Xiong, Q., Bao, B., Zhang, W., Dai, T., Zhao, Y., Borris, R., & Fan, B. (2021). The Plant-Beneficial Rhizobacterium *Bacillus velezensis* FZB42 Controls the Soybean Pathogen *Phytophthora sojae* Due to Bacilysin Production. *Applied and Environmental Microbiology*, 87(23), e01601-21. <https://doi.org/10.1128/AEM.01601-21>
- Hammad, M., Ali, H., Hassan, N., Tawab, A., Salman, M., Jawad, I., De Jong, A., Moreno, C., Kuipers, O., Feroz, Y., & Rashid, M. (2023). Food safety and nutritional control; genomic insights and antimicrobial potential of *Bacillus velezensis* FB2 against agricultural fungal pathogens. *PLoS ONE*, 18(11), e0291975. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0291975>
- Hamilton-Miller, J. M. T., & Shah, S. (2001). Identity and antibiotic susceptibility of enterobacterial flora of salad vegetables. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 18(1), 81-83. [https://doi.org/10.1016/S0924-8579\(01\)00353-3](https://doi.org/10.1016/S0924-8579(01)00353-3)
- Hemadri, T., L., R., D. S., & Mahato, S., (2025). Biology and Management of Banana Pseudostem Weevil *Odoiporus longicollis*. *Indian Journal of Entomology*, e25299. <https://doi.org/10.55446/ije.2025.2299>
- Huang, X., Ye, X., Hu, Y., Tang, Z., Zhang, T., Zhou, H., Zhou, T., Bai, X., Pi, E., Xie, B., & Shi, L. (2024). Exopolisacáridos de *Paenibacillus polymyxa*: una revisión. *Revista internacional de macromoléculas biológicas*, 261(1), 129663. <https://doi.org/10.1016/j.rjbiomac.2024.129663>
- Hollis, J. P. (1951). Bacteria in healthy potato tissue. *Phytopathology*, 41, 350-366.
- Kim, J., Song, J., Kim, P., Kim, D., & Kim, Y. (2022). *Bacillus velezensis* TSA32-1 as a Promising Agent for Biocontrol of Plant Pathogenic Fungi. *Journal of Fungi*, 8(10), 1053. <https://doi.org/10.3390/jof8101053>
- Kloepper, J. W., & Ryu, C. M. (2006). Bacterial endophytes as elicitors of induced systemic resistance. En B. Schulz, C. Boyle, & T. N. Sieber (Eds.), *Microbial root endophytes* (pp. 33-52). Springer. https://doi.org/10.1007/3-540-33526-9_3
- Kumar, P., Kamle, M., Borah, R., Mahato, D. & Sharma, B., (2021). *Bacillus thuringiensis* como biopesticida microbiano: usos y aplicaciones para la agricultura sostenible. *Revista Egipcia de Control Biológico de Plagas*, 31, 1-7. <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00440-3>
- Larkin, R. P. (2015). Soil health paradigms and implications for disease management. *Annual Review of Phytopathology*, 53, 199-221. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080614-120357>
- Lodewyckx, C., Vangronsveld, J., Porteous, F., Moore, E. R., Taghavi, S., Mezgey, M., & der Lelie, D. V. (2002). Endophytic bacteria and their potential applications. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 21(6), 583-606. <https://doi.org/10.1080/0735-260291044377>
- Maldonado Duque, E. A., Vigil-Correa, A. M., Zurita Chinguel, L. G., León, M. D., Mendoza Rendón, R., Saavedra-Rios, C. Y., & Polo, A. A. R. (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. <http://dx.doi.org/10.57188/manglar.2024.032>
- Malfanova, N., Franzil, L., Lugtenberg, B., Chebotar, V., & Ongena, M. (2012). Perfil de lipopéptidos cíclicos de la bacteria endófito beneficiosa para las plantas *Bacillus subtilis* HC8. *Archivos de Microbiología*, 194, 893-899. <https://doi.org/10.1007/s00203-012-0823-0>
- Maqsood, A., Aslam, M., Khaliq, H., Shakeel, M., Wu, H. & Fahad, S. (2024). Promoción del crecimiento vegetal de plántulas de tomate mediada por *Bacillus* spp. endófitos y supresión del complejo de enfermedades Meloidogyne incognita y Fusarium oxysporum. *Journal of Plant Growth Regulation*, 43, 2454-2469. <https://doi.org/10.1007/s00344-024-11279-x>
- Miljaković, D., Marinković, J., & Balešević-Tubić, S. (2020). The Significance of *Bacillus* spp. in Disease Suppression and Growth Promotion of Field and Vegetable Crops. *Microorganisms*, 8(7), 1037. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8071037>
- Morocho-Coronel, Y. B., Jaramillo-Aguilar, E. E., Herrera-Reyes, S. N., & Moreno-Herrera, A. (2024). Evaluación del efecto antifúngico de extractos vegetales sobre hongos asociados a manchas foliares en banano. *Revista Metropolitana de Ciencias Aplicadas*, 7(1), 248-257. <https://doi.org/10.62452/6zxedf06>
- Myo, E., Liu, B., J., Shi, L., Jiang, M., Zhang, K., & Ge, B. (2019). Evaluation of *Bacillus velezensis* NKG-2 for bio-control activities against fungal diseases and potential plant growth promotion. *Biological Control*, 134, 23-31. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2019.03.017>
- Nascimento, F., Hernández, A., Glick, B., & Rossi, M. (2019). Plant growth-promoting activities and genomic analysis of the stress-resistant *Bacillus megaterium* STB1, a bacterium of agricultural and biotechnological interest. *Biotechnology Reports*, 25, e00406. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2019.e00406>
- Nolasco-Cárdenas, O., Chacón-Aguilar, C., Salas-Alva, L., Velarde-Vilchez, M., Murrugarra-Bringas, Y., & Gutiérrez-Román, A. I. (2023). Identificación bacteriana mediante secuenciación del gen 16S rRNA a partir de muestras de pudrición blanda del pseudotallo del banano. *Paideia XXI*, 13(2), 335-343. <https://doi.org/10.31381/paideiaxxi.v13i2.5873>
- Pulami, D., Schauss, T., Eisenberg, T., Wilharm, G., Blom, J., Goesmann, A., Kämpfer, P., & Glaeser, S. (2020). *Acinetobacter baumannii* in manure and anaerobic digestates of German biogas plants. *FEMS microbiology ecology*, 96(10), 176. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa176>
- Perez-Garcia, A., Romero, D., & de Vicente, A. (2011). Plant protection and growth stimulation by microorganisms: Biotechnological applications of *Bacilli* in agriculture. *Current Opinion in Biotechnology*, 22, 187-193. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2010.12.003>
- Permanasari, M. D., Sumardi, D., Suhandono, S., & Dwivany, F. M. (2024). 16S rRNA-based Metagenomic Analysis of Beeswax-coated Saba Banana (*Musa paradisiaca*) Pseudostem. *Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science*, 47(3). <https://doi.org/10.47836/pjtas.47.3.23>
- Romanenko, L. A., Tanaka, N., Kalinovskaya, N. I., & Mikhailov, V. V. (2013). Antimicrobial potential of deep surface sediment associated bacteria from the Sea of Japan. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29, 1169-1177. <https://doi.org/10.1007/s11274-013-1276-6>
- Roslan, M., Zulkifli, N., Sobri, Z., Zuan, A., Cheak, S. & Rahman, N., (2020). Seed biopriming with P- and K-solubilizing *Enterobacter hormaechei* sp. improves the early vegetative growth and the P and K uptake of okra (*Abelmoschus esculentus*) seedling. *PLoS ONE*, 15(7), e0232860. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232860>
- Sarda, P., Elhottová, D., y Pérez-Valera, E. (2023). Respuestas específicas del suelo en el resistoma antibiótico de *Acinetobacter* spp. cultivables y otras bacterias Gram-negativas no fermentativas después de la aplicación experimental de estiércol. *Ecología microbiológica FEMS*, 99, 12, fiad148, <https://doi.org/10.1093/femsec/fiad148>
- Simmonds, N. W. (1962). *The evolution of the bananas* (pp. 101-131). Longman.
- Son, S., Ahn, E., Ahn, S., Cho, S., & Ryu, S. (2024). Prevalence of antibiotic-resistant *Acinetobacter* spp. on soil and crops collected from agricultural fields in South Korea. *Food Science and Biotechnology*, 33, 1931-1937. <https://doi.org/10.1007/s10068-023-01496-7>
- Stein, T. (2005). *Bacillus subtilis* antibiotics: Structures, syntheses and specific functions. *Molecular Microbiology*, 56, 845-857. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2005.04587.x>
- Suárez-Contreras, L. Y., & Peñaranda-Figueroa, F. A. (2022). Identificación molecular de hongos filamentosos y su potencial biotecnológico. *Bioteconología en el sector agropecuario y agroindustrial*, 20(1), 194-206. <https://doi.org/10.18684/bsaa.v20.n1.2022.1914>
- Torres, M., Llamas, I., Torres, B., Toral, L., Sampedro, I., & Béjar, V., (2020). Growth promotion on horticultural crops and antifungal activity of *Bacillus velezensis* XT1. *Applied Soil Ecology*, 150, 103453. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.103453>
- Tervet, I. W., & Hollis, J. P. (1948). Bacteria in the storage organs of healthy plants. *Phytopathology*, 38(4), 314-315.
- Thomas, P., & Soly, T. A. (2009). Endophytic bacteria associated with growing shoot tips of banana (*Musa sp.*) cv. Grand Naine and the affinity of endophytes to the host. *Microbial Ecology*, 58, 952-964. <https://doi.org/10.1007/s00248-009-9519-7>
- Trivedi, P., Leach, J., Tringe, S., Sa, T., & Singh, B. (2020). Plant-microbiome interactions: From community assembly to plant health. *Nature Reviews Microbiology*, 18(11), 607-621. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1>
- Vargas-Fernández, J. P., Wang-Wong, A., & Muñoz-Fonseca, M. (2022). Microorganismos asociados a la enfermedad conocida como pudrición suave del fruto de banano (*Musa sp.*) y alternativas de control microbiológicas y químicas a

- nivel in vitro. *Agronomía Costarricense*, 46(2), 61-76. <http://dx.doi.org/10.15517/rac.v46i2.52046>
- Villanueva, N. S., Bermudez, A. T., Mamani, G. M., Chavez, M. A., Guzman, W. G., & Espinoza-Montes, F. (2022). Contribución de bacterias endófitas nativas en la acumulación de nutrientes en poaceas altoandinas. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 33(5). <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v33i5.23790>
- Wang, B., Pu, Q., Zhang, Y., Zhang, C., Wu, H., Zeng, G., Zhu, W., Yao, Y., & Hu, X. (2023). Secretion and volatile components contribute to the antagonism of *Bacillus velezensis* 1-10 against fungal pathogens. *Biological Control*, 187, 105379. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2023.105379>
- Walterson, A., & Stavrinides, J., (2015). Pantoea: insights into a highly versatile and diverse genus within the Enterobacteriaceae. *FEMS microbiology reviews*, 39(6), 968-84. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuv027>
- Xu, Y. H., Chai, S. S., Li, C. Y., Ying, Z. W., Wang, C., Lei, J., ... & Wang, L. J. (2022). Isolation and identification of *Paenibacillus polymyxa* strain and its control effect on *Fusarium bulbigenum* of sweet potato. *Journal of Plant Pathology*, 104, 311-319.
- Yi, H. S., Yang, J. W., & Ryu, C. M. (2013). ISR meets SAR outside: Additive action of the endophyte *Bacillus pumilus* INR7 and the chemical inducer, benzothiadiazole, on induced resistance against bacterial spot in field-grown pepper. *Frontiers in Plant Science*, 4, 122. <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00122>
- Zhang, N., Wang, Z., Shao, J., Xu, Z., Liu, Y., Xun, W., Miao, Y., Shen, Q., & Zhang, R., (2023). Biocontrol mechanisms of *Bacillus*: Improving the efficiency of green agriculture. *Microbial Biotechnology*, 16, 2250 - 2263. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14348>
- Zapata-Ramón, C. G., Paladines-Montero, A., León-Reyes, A., & Ramírez-Villacís, D. X. (2022). Caracterización del microbioma de plantas de banano (*Musa× paradisiaca* L.) bajo sistemas de producción orgánica y convencional. *ACI Avances en Ciencias e Ingenierías*, 14(2). <https://doi.org/10.18272/aci.v14i2.2298>