Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia

Filogenómica como herramienta clave para la detección y respuesta temprana ante *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 Tropical

Itzel Anayansi Solis García[1]*, Karen Patricia Narciso Ortiz[1], Lervin Hernández Ramos[1], Ángel Ramírez Suárez[1]
[1]Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF), México

Autor de correspondencia:
Itzel Anayansi Solis García
itzel.solis.i@senasica.gob.mx

Contribución:
Artículo Científico

Sección:
Fitosanidad

Recibido:
15 diciembre, 2025
Publicado:
30 abril, 2026

Cita:
Solis García IA, Narciso Ortiz KP, Hernández Ramos L, Ramírez Suárez A. 2026. Filogenómica como herramienta clave para la detección y respuesta temprana ante *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 Tropical. *Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia* 3(1): 117 https://doi.org/10.62498/ARTC.26117

RESUMEN

Fusarium oxysporum f. sp. *cubense* (Foc) es el agente causal de la marchitez por *Fusarium* del banano, una enfermedad de relevancia fitosanitaria que afecta a cultivos del género *Musa*. En México, al igual que en otros países, la raza 4 tropical (Foc R4T) es considerado un patógeno cuarentenario, lo que hace indispensable disponer de metodologías de identificación rápidas, precisas y confiables. En concordancia con las directrices de la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF), el Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria desarrolló e implementó un flujo de trabajo bioinformático para la detección y diferenciación de Foc R4T, que integra la secuenciación de genoma completo, el análisis filogenómico basado en polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y la caracterización del perfil de genes secretados en el xilema (SIX). Este enfoque tiene como objetivo complementar el diagnóstico molecular y optimizar los tiempos de respuesta ante una posible incursión del patógeno. El flujo de trabajo fue puesto a prueba mediante el análisis de cinco aislados de Foc presentes en México, los cuales se agruparon con secuencias de referencia de Foc R1, con base en la filogenia basada en SNP y el perfil de genes SIX. Asimismo, el flujo fue evaluado mediante un ejercicio de simulación para estimar los tiempos de respuesta desde la secuenciación hasta el análisis bioinformático. En conjunto, estos resultados evidencian que la incorporación de herramientas genómicas fortalece la capacidad diagnóstica, de vigilancia y de preparación del CNRF ante una posible incursión de Foc R4T.

Palabras clave: Marchitez por *Fusarium*, Diagnóstico fitosanitario, Secuenciación genómica, Filogenómica basada en SNP

ABSTRACT

Fusarium oxysporum f. sp. *cubense* (Foc) is the causal agent of *Fusarium* wilt of banana, a disease of phytosanitary relevance affecting crops of the genus *Musa*. In Mexico, as in many other countries, Tropical Race 4 (Foc TR4) is considered a quarantine pathogen, making it essential to have rapid, accurate, and reliable identification methodologies. In accordance with the guidelines of the International Plant Protection Convention (IPPC), the National Phytosanitary Reference Center developed and implemented a bioinformatic workflow for the detection and differentiation of Foc TR4, integrating whole-genome sequencing, SNP-based phylogenomic analysis, and characterization of the profile of secreted in xylem (SIX) genes. This approach aims to complement molecular diagnostics and optimize response times in the event of a potential pathogen incursion. The workflow was tested through the analysis of five Foc isolates present in Mexico, which clustered with reference sequences of Foc Race 1 based on SNP-based phylogeny and SIX gene profiles. Additionally, the workflow was evaluated through a simulation exercise to estimate response times from sequencing to bioinformatic analysis. Overall, these results demonstrate that the incorporation of genomic tools strengthens the diagnostic, surveillance, and preparedness capacity of the CNRF in the face of a potential incursion of Foc TR4.

Keywords: *Fusarium* wilt, Phytosanitary diagnostics, Genomic sequencing, SNP-based phylogenomics

Copyright: © 2026 por los autores. Licencia Acorbat Internacional. Este artículo es de acceso libre y distribuido bajo los términos de Acorbat Internacional

INTRODUCCIÓN

Fusarium oxysporum f. sp. *cubense* (E.F. Smith) Snyder y Hansen (Foc) es el agente causal de la marchitez por *Fusarium* del banano, una enfermedad que afecta a diferentes cultivares del género *Musa* (Yun *et al*., 2019; Zheng *et al.,* 2018).

Los aislados de Foc se agrupan en razas, basadas en su patogenicidad sobre distintos grupos de cultivares de banano (Edel-Hermann & Lecomte, 2019). Actualmente, se reconocen tres razas principales: raza 1 (R1) (Waite & Stover, 1960), raza 2 (R2) (Waite & Stover, 1960) y raza 4 (R4) (Su *et al*., 1977). Foc R4 se subdivide en R4 subtropical (STR4), restringida a regiones subtropicales expuestas a condiciones de estrés como bajas temperaturas y sequías, y R4 tropical (R4T), capaz de causar enfermedad en condiciones tropicales y subtropicales (Czislowski *et al*., 2018; Magdama *et al*., 2019).

La importancia cuarentenaria de Foc R4T (VCG 01213-01216) en la mayoría de los países productores de banano ha sido ampliamente documentada (García-Bastidas *et al*., 2020; Reyes-Herrera *et al.,* 2023; Zheng *et al*., 2018). Lo que resalta la importancia de contar con métodos de identificación rápida, precisa y confiable del patógeno como parte de la respuesta ante la amenaza de la enfermedad *(Magdama et al*., 2019).

Ante esta situación, la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF) estableció un Comité de Implementación y Desarrollo de Capacidades (IC) sobre Foc R4T, el cual elaboró el documento Directrices para la prevención, la preparación y la respuesta frente a *Fusarium* Raza 4 Tropical (R4T) de las musáceas (plátanos y bananos) (Secretaría de la CIPF, 2025).

Para el diagnóstico, se establece que, ante una primera detección sospechosa, debe realizarse en primer lugar la identificación molecular del patógeno mediante la amplificación por PCR punto final con *primers* específicos para Foc R4T VCG 01213/16, PCR tiempo real o PCR LAMP, seguida de la secuenciación de los amplicones y análisis filogenético para confirmar la identidad del aislado. Como segundo paso, se recomienda realizar una prueba para determinar el VCG del aislado o sustituir este análisis por la secuenciación del genoma completo. Finalmente, se deben completar estos análisis con los ensayos de patogenicidad empleando los postulados de Koch (Secretaría de la CIPF, 2025).

Considerando lo establecido por la CIPF, se elaboró un flujo de trabajo bioinformático para la detección molecular de Foc R4T, basado en la secuenciación de genoma completo y en un análisis filogenómico basado en polimorfismos de un solo

nucleótido (SNP). Este flujo de trabajo tiene como objetivo complementar el procedimiento de diagnóstico actualmente implementado en el Laboratorio de Micología del Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria (CNRF), integrando información a nivel genómico que permita la identificación y diferenciación de las diferentes razas de Foc, así como optimizar los tiempos de respuesta diagnóstica ante una posible incursión del patógeno.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron cinco aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) provenientes del Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria. Los aislados se secuenciaron utilizando una plataforma de secuenciación de segunda generación, generando lecturas pareadas para su posterior análisis bioinformático.

Análisis filogenómico e identificación de genes SIX

Los genomas obtenidos se analizaron mediante un flujo de trabajo bioinformático orientado a la evaluación de calidad, ensamble *de novo* y validación de los ensambles.

Para el análisis filogenómico, los ensambles del CNRF se compararon con genomas de referencia de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* representativos de distintas *formae speciales* y razas de Foc, disponibles en bases de datos públicas.

A partir del genoma central se infirió una filogenia, lo que permitió establecer la relación filogenómica de los aislados analizados y su asignación a nivel de raza. De manera complementaria, se estimó la identidad nucleotídica promedio como criterio adicional de comparación genómica.

De forma complementaria, se realizó la caracterización del perfil de genes secretados en el xilema (SIX), como un criterio adicional para apoyar la diferenciación entre Foc R1/R2/STR4 y Foc TR4.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El CNRF desarrolló e implementó un flujo de trabajo para la detección y diferenciación de Foc R4T, que integra la secuenciación de genoma completo, el análisis filogenómico basado en polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y la caracterización del perfil de genes SIX. Este enfoque combinado permite diferenciar las diferentes razas de Foc de importancia fitosanitaria.

El flujo de trabajo fue puesto a prueba mediante el análisis de aislados de Foc presentes en México, con el objetivo de evaluar su desempeño en la tipificación de

cepas y contribuir al conocimiento de la diversidad genética de Foc en el país. Los cinco aislados analizados hasta el momento se agruparon con secuencias de referencia de Foc R1, con base en la filogenia basada en SNP (Figura 1) y el perfil de genes SIX, lo cual confirma la concordancia entre los distintos enfoques genómicos empleados.

Si bien las razas de Foc distintas a R4T no tienen el mismo nivel de agresividad, su presencia representa un riesgo fitosanitario relevante, ya que pueden afectar cultivos de banano y plátano de importancia agroalimentaria y económica en México. En este contexto, la caracterización genómica de cepas locales es clave para la vigilancia fitosanitaria y el diagnóstico diferencial.

Adicionalmente, el flujo de trabajo fue evaluado en un ensayo de simulación con el propósito de estimar los tiempos de respuesta desde la secuenciación hasta la generación de resultados, en un escenario de posible incursión de Foc R4T. Este ejercicio representa un paso estratégico en la preparación del CNRF para responder de manera oportuna ante una emergencia fitosanitaria.

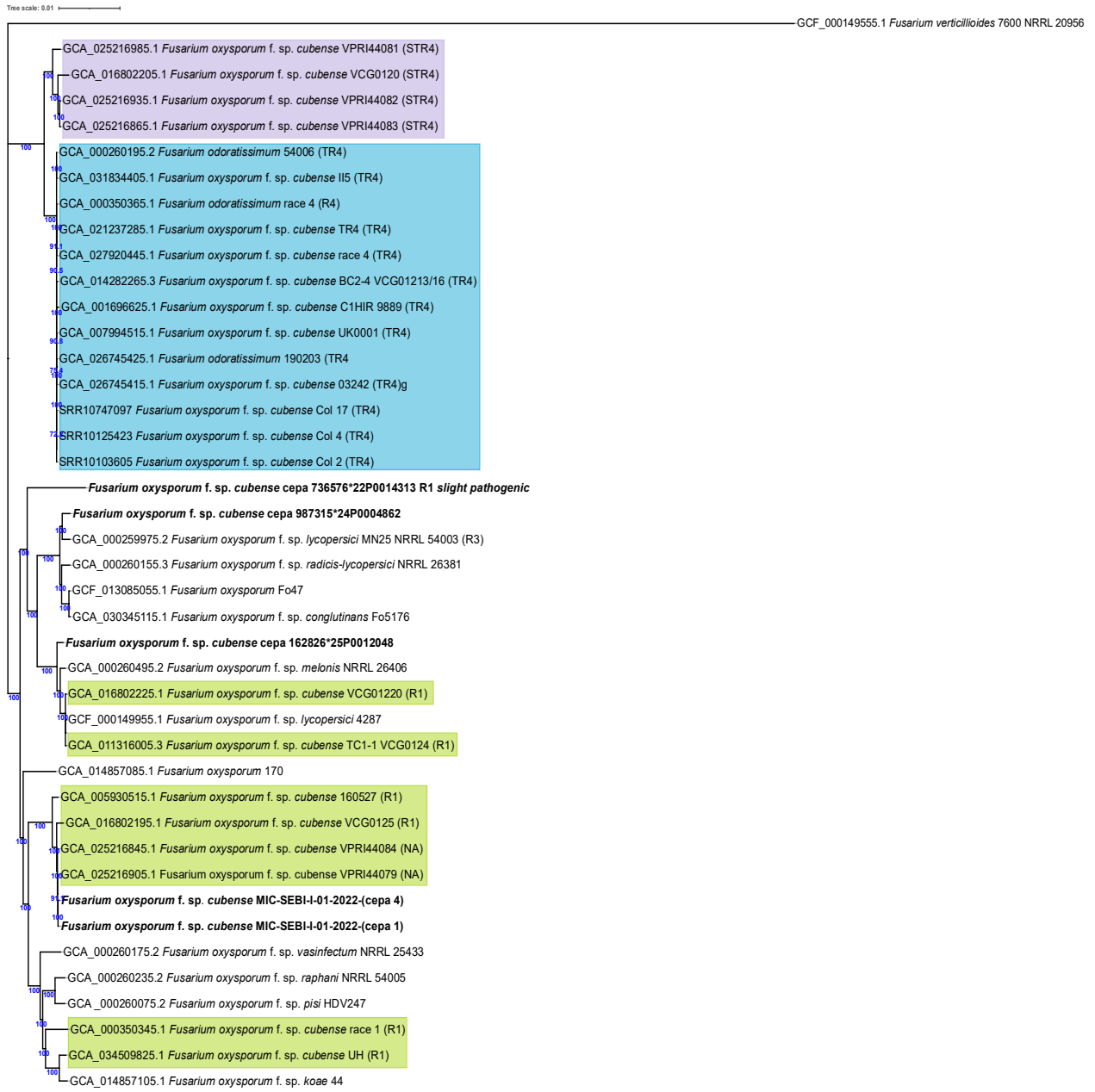


Figura 1. Inferencia filogenómica de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* basada en SNP. Los colores indican las diferentes razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*: R1 (verde), R4T (azul) y STR4 (lila). Los aislados analizados mediante el flujo de trabajo propuesto se resaltan en color negro.

CONCLUSIONES

En conjunto, los resultados demuestran que la integración de secuenciación genómica, análisis filogenómico y caracterización de genes SIX fortalece la capacidad diagnóstica y de respuesta del Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria para la detección, diferenciación y respuesta temprana ante patógenos de alto impacto, contribuyendo a la protección de la producción nacional de banano y plátano.

REFERENCIAS

Czislowski E, Fraser-Smith S, Zander M, O'Neill WT, Meldrum RA, Tran-Nguyen LTT, Batley J and Aitken EAB. 2018. Investigation of the diversity of effector genes in the banana pathogen, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, reveals evidence of horizontal gene transfer. Molecular Plant Pathology 19(5), 1155–1171. https://doi.org/10.1111/mpp.12594

Edel-Hermann V and Lecomte C. 2019. Current Status of *Fusarium oxysporum* Formae Speciales and Races. Phytopathology® 109(4), 512–530. https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-18-0320-RVW

García-Bastidas FA, Quintero-Vargas JC, Ayala-Vasquez M, Schermer T, Seidl MF, Santos-Paiva M, Noguera AM, Aguilera-Galvez C, Wittenberg A, Hofstede R, Sørensen A and Kema GHJ. 2020. First Report of Fusarium Wilt Tropical Race 4 in Cavendish Bananas Caused by *Fusarium odoratissimum* in Colombia. Plant Disease 104(3), 994–994. https://doi.org/10.1094/PDIS-09-19-1922-PDN

Magdama F, Monserrate-Maggi L, Serrano L, Sosa D, Geiser DM, Jiménez-Gasco MdelM. 2019. Comparative analysis uncovers the limitations of current molecular detection methods for *Fusarium oxysporum* f. Sp. *cubense* Race 4 strains. PLoS ONE 14(9). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222727

Reyes-Herrera PH, Torres-Bedoya E, Lopez-Alvarez D, Burbano-David D, Carmona SL, Bebber DP, Studholme DJ, Betancourt M and Soto-Suarez M. 2023. Genome sequence data reveal at least two distinct incursions of the Tropical Race 4 variant of Fusarium wilt into South America. Phytopathology 113(1), 90–97. https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-22-0034-R

Secretaría de la CIPF. 2025. Directrices para la prevención, la preparación y la respuesta frente a Fusarium Raza 4 Tropical (R4T) de las musáceas (plátanos y bananos). FAO en nombre de la Secretaría de la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria. https://doi.org/10.4060/cc4865es

Su HJ, Chuang TY and Kong WS. 1977. Physiological race of fusarial wilt fungus attacking Cavendish banana of Taiwan. Taiwan Banana Res. Inst. Spec. Publ 2(21), 814–818.

Waite BH and Stover RH. 1960. Studies on fusarium wilt of bananas: vi. variability and the cultivar concept in *Fusarium oxysporum* f. *cubense*. Canadian Journal of Botany 38(6), 985–994. https://doi.org/10.1139/b60-087

Yun Y, Song A, Bao J, Chen S, Lu S, Cheng C, Zheng W, Wang Z and Zhang L. 2019. Genome Data of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Race 1 and Tropical Race 4 Isolates Using Long-Read Sequencing. Molecular Plant-Microbe Interactions® 32(10), 1270–1272. https://doi.org/10.1094/MPMI-03-19-0063-A

Zheng SJ, García-Bastidas FA, Li X, Zeng L, Bai T, Xu S, Yin K, Li H, Fu G, Yu Y, Yang L, Nguyen HC, Douangboupha B, Khaing AA, Drenth A, Seidl MF, Meijer HJG and Kema GHJ. 2018. New geographical insights of the latest expansion of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 into the greater mekong subregion. Frontiers in Plant Science 9. https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00457