Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia

Diversidad genómica de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 en Costa Rica

Gabriel Bogantes[1]*, Nancy Chaves[1], Rafael Segura[1], César Rodríguez[2]

[1]Centro de Investigaciones de CORBANA, [2]Facultad de Microbiología & Centro de Investigaciones Tropicales, Universidad de Costa Rica

Autor de correspondencia:
Gabriel Bogantes
gbogantes@corbana.co.cr

Contribución:
Artículo Científico

Sección:
Biotecnología y Ómicas

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

Cita:
Bogantes G, Chaves N, Segura R, Rodríguez C. 2026. Diversidad genómica de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 en Costa Rica. *Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia* 3(1): 128 https://doi.org/10.62498/ARTC.26128

RESUMEN

A pesar de que el hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 (Foc R1) ha sido históricamente responsable de la enfermedad de la marchitez en cultivares de banano tipo Gros Michel en la región y en Costa Rica, no existen reportes sobre la diversidad genómica de aislamientos recuperados en este país. Para llenar este vacío de conocimiento, se mapearon lecturas cortas de secuenciación de 16 aislamientos de FocR1 recolectados en Matina, Turrialba, Sixaola, Pérez Zeledón y Jiménez (Tucurrique) entre 2019 y 2021, y se mapearon al genoma de la cepa de referencia *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 Tropical (Foc R4T; GCA_031834405.1). Estos mapeos mostraron entre 49 y 379 polimorfismos de nucleótido único en su genoma central, lo que evidenció una baja variabilidad genética y la presencia ininterrumpida de un linaje clonal dominante que se ha expandido a todas las regiones representadas en el estudio. Este trabajo constituye la primera caracterización genómica de FocR1 en Costa Rica y proporciona una referencia para fortalecer los programas de diagnóstico molecular, la vigilancia fitosanitaria y la planificación de estrategias de manejo preventivo ante la posible introducción de nuevas razas del patógeno.

Palabras clave: Diversidad genética, Secuenciación genómica, Marchitez del banano

ABSTRACT

Although *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Race 1 (Foc R1) has traditionally caused Fusarium wilt in Gros Michel banana cultivars in the region and in Costa Rica, there are no reports on the genomic diversity of isolates collected in the country. To address this gap, short sequencing reads from 16 Foc R1 isolates gathered between 2019 and 2021 from Matina, Turrialba, Sixaola, Pérez Zeledón, and Jiménez (Tucurrique) were mapped to the reference genome of *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 (GCA_031834405.1) to assess their variation. The genomes analyzed showed between 49 and 379 single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in their core genome, indicating low genetic diversity and the continued presence of a dominant clonal lineage that has spread across all sampled regions. This study marks the first genomic characterization of Foc R1 in Costa Rica and provides a reference for improving molecular diagnostics, phytosanitary monitoring, and the development of preventive management strategies to mitigate the potential introduction of new pathogen races.

Keywords: Genetic diversity, Genomic sequencing, Fusarium wilt

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

INTRODUCCIÓN

El hongo de suelo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 (Foc) es el agente causal de la enfermedad conocida como "marchitez por *Fusarium*" del banano (Batlle y Pérez, 2009). Esta es una de las enfermedades más destructivas de este cultivo, ya que no existen métodos químicos de control eficaces una vez que el patógeno se establece en la plantación, y también debido a que sus estructuras de resistencia pueden permanecer viables en el suelo durante décadas, incluso en ausencia de plantas hospederas (Magdama *et al.*, 2020; Thangavelu *et al.*, 2024).

El complejo *F. oxysporum* f. sp. *cubense* presenta una gran diversidad genética y se clasifica en al menos 24 Grupos de Compatibilidad Vegetativa (VCGs) y cuatro razas patogénicas diferenciadas según su rango de hospedadores: Raza 1, Raza 2, Raza 3 y Raza 4 (Manzo-Sánchez *et al*., 2017; Magdama *et al*., 2020). Las razas se definen principalmente por su capacidad diferencial para infectar variedades de banano, más que por su divergencia genética per se (Ploetz, 2015), lo que refleja la complejidad taxonómica y epidemiológica del patógeno.

Durante las primeras décadas del siglo XX, la Raza 1 de Foc (Foc R1) devastó plantaciones de la variedad *Gros Michel*, lo que motivó su sustitución por el grupo de cultivares *Cavendish*, actualmente predominante en la industria bananera mundial (Maryani *et al.*, 2019). La Raza 4 Tropical (Foc R4T), hasta este momento no reportada en Costa Rica, circula en múltiples países de Latinoamérica, incluidos países cercanos geográficamente, como en Colombia y Venezuela. Esta raza, originaria del sudeste asiático, representa una seria amenaza para las plantaciones comerciales debido a su amplio rango de hospedadores, así como su alta capacidad de diseminación y virulencia (Vásquez, 2021).

Ante la amenaza potencial del ingreso de Foc R4T al país, resulta prioritario estudiar la epidemiología genómica de las poblaciones locales de Foc con el fin de sentar una línea base que permita reconstruir su dinámica de dispersión y diseñar estrategias racionales de vigilancia y manejo fitosanitario.

MATERIALES Y MÉTODOS

Secuenciación de ADN

Esta investigación se realizó con ADN extraído utilizando el método CTAB (Protocolo interno de CORBANA, 2022) a partir de 30 cepas identificadas previamente por técnicas moleculares como *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 y que fueron

depositadas en la colección de microorganismos del Laboratorio de Fitopatología de CORBANA (Cuadro 1).

Cuadro 1. Detalle del hospedero, año y lugar de procedencia de los aislamientos de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 seleccionados para la secuenciación.

Código del aislamiento	Cultivo/Variedad	Localidad	Año
1 - 3	Banano / Gross Michel	Jiménez	2020
4	Banano / Gross Michel	Matina	2019
5 - 16	Banano / Gross Michel	Matina	2020
18	Banano / Gross Michel	Pérez Zeledón	2019
19	Banano / Gross Michel	Sixaola	2019
21 - 25	Banano / -	Turrialba	2019
26	Banano / FHIA 23	Turrialba	2020
27, 28	Banano / Gross Michel	Turrialba	2020
29	Guineo cuadrado / -	Upala	2019

El material por secuenciar se seleccionó con base en tres criterios: maximizar la representatividad temporal y espacial de la submuestra, resultado positivo en una PCR punto final con los oligonucleótidos Foc-1 (5´-CAGGGGATGTATGAGGAGGCT) y Foc-2 (5´ GTGACAGCGTCGTCTAGTTCC´), específicos para Raza 1 (Line *et al*., 2009), y disponibilidad de al menos 30 µl con una concentración ≥ 20 ng/µL y ≥ 10 ng/µL determinada por espectrometría (Nanodrop) y fluorometría (Quantus), respectivamente.

Las preparaciones de ADN fueron enviadas a SeqCenter LLC (Pittsburgh, Estados Unidos) donde se prepararon librerías con el kit Illumina DNA Prep, basado en tagmentación y PCR, haciendo uso de índices duales de 10 pb y un tamaño de inserto de 280 pb. La secuenciación se realizó en un equipo Illumina NovaSeq X Plus, generando lecturas pareadas de 2 × 151 pb.

Análisis bioinformático

Las lecturas crudas fueron evaluadas con FastQC y los resultados consolidados con MultiQC. La remoción de adaptadores y el recorte por calidad se llevó a cabo con bcl-convert v4.2.4 y fastp, respectivamente. Las lecturas depuradas se mapearon contra el genoma de referencia de *F. oxysporum* f. sp. *cubense* II5 (Raza 4 Tropical; GCA_031834405.1) utilizando BWA-MEM2, y los archivos BAM resultantes se procesaron con Picard para marcar duplicados. Este genoma de referencia se seleccionó

por alta completitud y amplio uso en estudios comparativos (Maymon *et al.* 2020; Guo *et al*., 2014).

Se calcularon métricas de mapeo y cobertura con samtools, incluyendo el porcentaje de lecturas mapeadas, la cobertura promedio, el porcentaje del genoma cubierto a ≥10×, la tasa de duplicados y la tasa de desajustes. Solamente aquellos mapeos con >90 % de lecturas mapeadas, cobertura >20×, ≥85 % del genoma cubierto a ≥10×, duplicados <30 %, y mismatches ≤3% fueron retenidos para análisis posteriores.

El llamado de variantes se realizó con el pipeline MycoSNP (Bagal *et al.* 2022) que generó matrices de core SNPs tras filtrar posiciones con profundidad <10×, baja calidad o exceso de datos faltantes. Los SNPs se alinearon y exportaron en formato FASTA para generar un árbol filogenético el cual se construyó con IQ-TREE v2.x mediante el modelo GTR+F+ASC+G4, empleando 1 000 réplicas de UFBoot y SH-aLRT. Este dendograma no enraizados se visualizó en Microreact junto con metadatos de localidad y año.

RESULTADOS

El número total de lecturas por muestra osciló entre 71 056 300 y 142 386 386 pb, mientras que el total de bases con calidad superior a Q30 varió entre 9 644 674 477 y 18 884 320 773 pb por muestra. El porcentaje de bases con calidad > Q30 se situó entre 95.3 % y 97.0 %, lo que refleja la alta calidad general de los datos de secuenciación obtenidos en este estudio.

Tras la evaluación de las métricas de mapeo y cobertura, se excluyeron las muestras 4, 7, 9, 11, 14, 15, 16, 24, 26 y 29, por no cumplir con los umbrales críticos de calidad. Este filtrado garantizó la robustez y uniformidad de la cobertura a lo largo del genoma de referencia, reduciendo el riesgo de sesgos en la detección de variantes. Consecuentemente, el análisis filogenético final se realizó únicamente con 16 genomas: tres de Jiménez (2020: 1, 2 y 3), dos de Matina (2020: 5 y 6) y tres de Matina (2021: 8, 10 y 12), una de Pérez Zeledón (2019: 18), una de Sixaola (2019: 19), cuatro de Turrialba (2019: 21, 22, 24 y 25) y dos de Turrialba (2020: 27 y 28) (Figura 1).

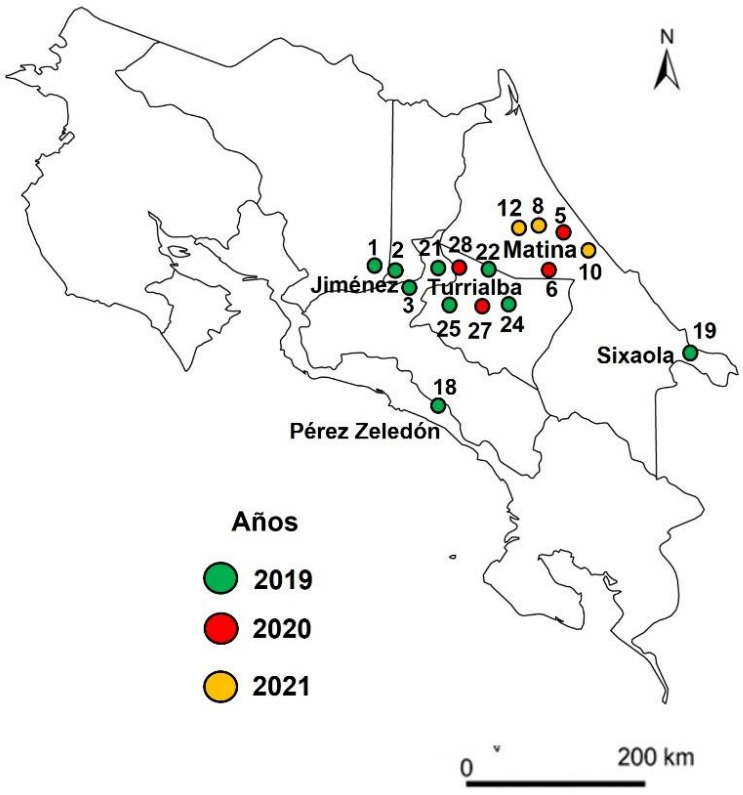


Figura 1. Procedencia geográfica y año de recolección de los aislamientos de *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 incluidos en el análisis filogenético.

El análisis de los genomas reveló una distancia genética de 49 a 379 SNPs por par de aislamientos (promedio de 217 SNPs), lo que indica una baja variabilidad genética dentro de la población de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 (Foc R1) analizada. El árbol filogenético agrupó todos los aislamientos en un único clado, sin diferenciación evidente por año ni región, lo que indica un linaje clonal dominante dentro del país. En contraste, el genoma de referencia utilizado (aislamiento II5, Raza 4 Tropical) se ubicó en un clado completamente separado, confirmando la clara divergencia filogenética entre las razas 1 y 4 del patógeno (Figura 2).

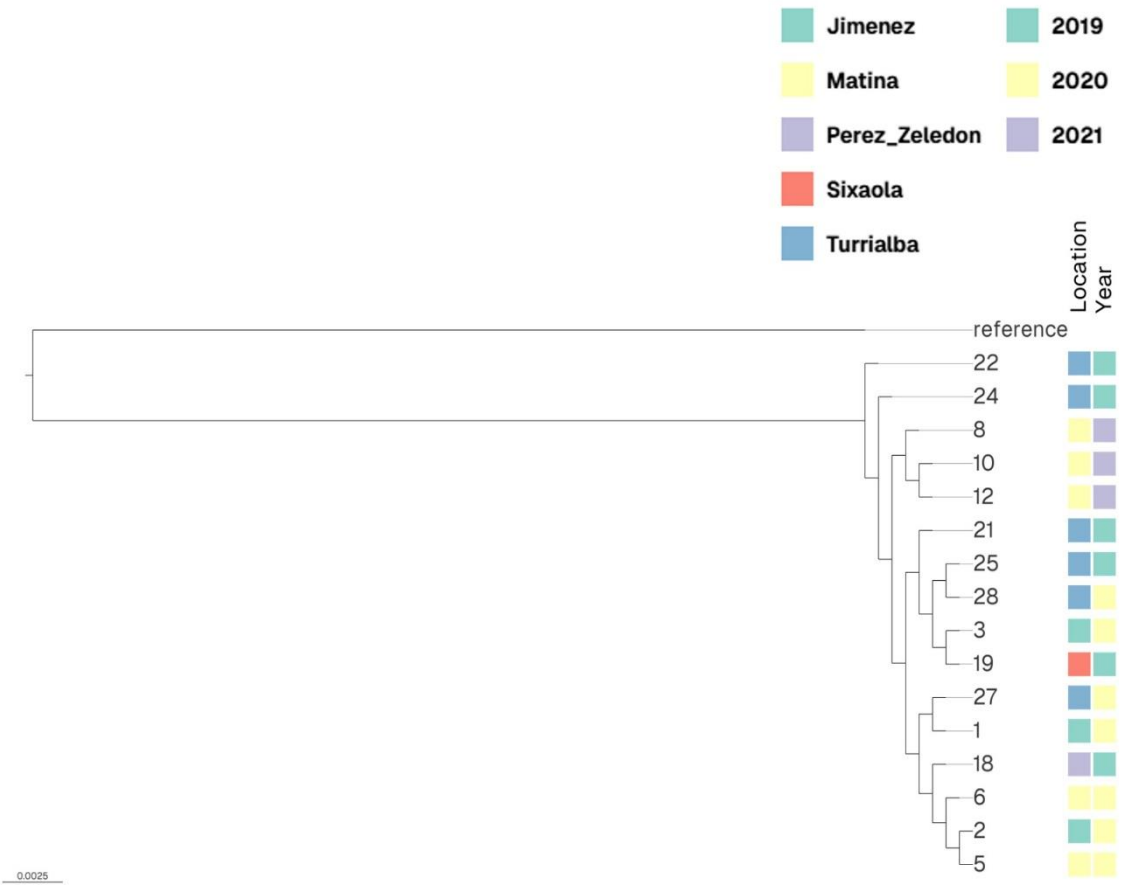


Figura 2. Árbol filogenético de los aislamientos de *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1, basado en SNPs utilizado el aislamiento II5, Raza 4 Tropical como genoma de referencia.

DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos confirman una baja variabilidad genética entre los aislamientos de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 (Foc R1) recolectados en Costa Rica, lo que evidencia la presencia de un linaje clonal estable y ampliamente distribuido. La reducida cantidad de SNPs entre genomas coincide con lo reportado en Ecuador, donde la homogeneidad fue atribuida a un único evento de introducción seguido de su dispersión vegetativa mediante material de siembra y movimiento del suelo (Magdama *et al*., 2020).

A escala global, Foc R1 presenta una estructura poblacional compleja, con múltiples linajes genéticos independientes y una alta diversidad representada en numerosos VCGs descritos en Asia, África y América (Fourie *et al*., 2009; Ploetz, 2015). Se han documentado variantes genéticamente divergentes asociadas a distintos hospederos y regiones agroecológicas, como en India (Thangavelu *et al*., 2024), así

como la coexistencia de varios linajes en un mismo país de Sudamérica (Magdama *et al*., 2020). En contraste, los aislamientos costarricenses analizados muestran niveles de divergencia considerablemente menores, lo que sugiere que la diversidad local representa solo una fracción del repertorio genético conocido de Foc R1. Este patrón de baja variabilidad resalta la necesidad de ampliar el muestreo y comparar futuros aislamientos con colecciones internacionales para determinar si el linaje detectado corresponde a una introducción histórica aislada o a una variante que ha permanecido estable y dominante en el país. Asimismo, la identificación de un linaje clonal dominante ofrece una oportunidad para el desarrollo de herramientas moleculares específicas —como marcadores diagnósticos dirigidos o paneles de SNPs— que faciliten la trazabilidad de focos y fortalezcan los programas de vigilancia fitosanitaria.

La baja diversidad genética observada en este estudio podría estar relacionada con el modo de reproducción predominantemente asexual del complejo *Fusarium oxysporum*, en el que la variación genética surge principalmente por mutaciones puntuales y, en menor medida, por la transferencia horizontal de cromosomas accesorios (Maryani *et al*., 2019). En este trabajo, el análisis se centró en el genoma central conservado ("*core genome"*), mediante el mapeo contra el genoma de referencia de Foc R4T, con el objetivo de caracterizar la diversidad genómica compartida de Foc R1 en Costa Rica. Bajo este enfoque, es posible que variaciones estructurales o diferencias localizadas en cromosomas accesorios, conocidos por su asociación con patogenicidad, queden infrarrepresentadas. En consecuencia, aunque los aislamientos analizados muestran una alta homogeneidad a nivel del genoma central, futuros estudios podrán profundizar en el análisis de cromosomas accesorios y genes de virulencia para explorar con mayor detalle posibles diferencias funcionales entre los aislamientos.

La confirmación preliminar de identidad mediante los marcadores Foc-1/Foc-2 permitió asegurar que los aislamientos seleccionados correspondieran efectivamente a Foc R1, que estableció una base confiable para el análisis genómico. Este enfoque garantizó la inclusión de muestras auténticas y comparables, mientras que la diversidad genética se evaluó posteriormente a partir de SNPs distribuidos a lo largo del genoma completo, lo que proporciona una resolución robusta y representativa de los linajes presentes en el país. A futuro, la incorporación de un mayor número de aislamientos y enfoques complementarios permitirá explorar en mayor detalle la variabilidad existente dentro de la raza a nivel nacional.

La detección del mismo linaje en zonas distantes, como Turrialba, Matina y Pérez Zeledón, sugiere que la diseminación de Foc R1 en Costa Rica se ha producido a través de fuentes comunes de inóculo o de prácticas agrícolas que facilitan el transporte del

hongo entre fincas. Hallazgos similares fueron reportados en India, donde la dispersión estuvo asociada al movimiento de plantas de vivero y de material vegetal infectado (Thangavelu *et al*., 2024). Estos resultados refuerzan la estabilidad del linaje dominante y su capacidad para colonizar múltiples regiones productoras.

Comprender la estructura poblacional de Foc R1 es clave para fortalecer los programas de vigilancia molecular del país. Foc R1 comparte con Foc R4T características epidemiológicas críticas como su persistencia prolongada en el suelo, dificultad de erradicación y de dispersión mediante material vegetal infectado (Ploetz, 2015; Thangavelu *et al.,* 2024). La línea base generada en este estudio facilitará la detección diferencial de nuevas razas, la identificación temprana de eventos inusuales y la implementación de medidas preventivas de bioseguridad en finca ante la amenaza del ingreso de R4T a la región.

Desde una perspectiva epidemiológica, la estabilidad genética de Foc R1 ofrece un escenario predecible en cuanto a su comportamiento, pero también subraya su capacidad para permanecer en el suelo por largos períodos (Batlle y Pérez, 2009). En consecuencia, las estrategias de manejo deben centrarse en prácticas preventivas, como la eliminación de residuos infectados, la desinfección de herramientas y el uso de material vegetal certificado, para evitar la dispersión del linaje dominante o la introducción de nuevas variantes al país.

CONCLUSIONES

Nuestro análisis genómico de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1 (Foc R1) en Costa Rica reveló una baja variabilidad genética entre aislamientos de diferentes regiones y años, lo que indica la presencia de un linaje clonal estable, posiblemente originado por un evento único de introducción. Esta homogeneidad sugiere una dispersión local asociada al movimiento de material vegetal y de suelo contaminado, y subraya la necesidad de fortalecer las medidas de vigilancia fitosanitaria y de trazabilidad. La línea base generada constituye un insumo clave para la detección diferencial de nuevas razas del patógeno y para la planificación de estrategias de manejo preventivo en el país.

REFERENCIAS

Batlle A and Pérez L. 2009. La marchitez por Fusarium en banano y plátano: manejo integrado y aspectos epidemiológicos. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA).

Fourie G, Steenkamp ET, Gordon TR and Viljoen A. 2009. Evolutionary relationships among the *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* vegetative compatibility groups. Fungal Biology, 113(8), 753–760. https://doi.org/10.1016/j.funbio.2009.06.005

Magdama F, Serrano L, Sosa D, Coronel E, Jiménez E and Cevallos JM. 2020. Genomic characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Race 1 in Ecuador reveals low genetic diversity and a clonal population structure. Plant Disease, 104(7), 2040–2049. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-19-2174-RE

Manzo-Sánchez G, Ploetz RC, Rivas GG and Pérez-Vicente L. 2017. Diagnosis and management of Fusarium wilt of banana: A guide for growers and extension workers. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).

Maryani N, Lombard L, Poerba YS, Subandiyah S, Crous PW and Kema GHJ. 2019. Phylogeny and genetic diversity of the banana Fusarium wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in Indonesia. Plant Pathology, 68(5), 1103–1116. https://doi.org/10.1111/ppa.13025

Ploetz RC. 2015. Fusarium wilt of banana. Phytopathology, 105(12), 1512–1521. https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-15-0101-RVW

Thangavelu R, Gopi M, Mustaffa MM, Loganathan M, Kavino M and Uma S. 2024. Population structure and pathogenic variation of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in India. Plant Disease, 108(2), 345–356. https://doi.org/10.1094/PDIS-12-22-2904-RE

Vásquez J. 2021. Diversity and distribution of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 in Colombia. European Journal of Plant Pathology, 159(3), 561–573. https://doi.org/10.1007/s10658-020-02191-5.