

Resumen

La producción de banano del Ecuador está en riesgo debido a la presencia cercana del hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 tropical (Foc R4T), causante de la Fusariosis del banano, enfermedad que devasta a gran variedad de cultivares de banano y plátano. El objetivo de la presente investigación fue caracterizar taxonómicamente la microbiota de plantas de banano Gros Michel sintomáticas y asintomáticas para Fusariosis, con el fin de identificar grupos de microorganismos potencialmente supresivos contra Foc R4T. Se obtuvieron lecturas de secuenciación de alto rendimiento por amplicones de tres entornos (pseudotallo, rizoma y suelo de la rizosfera), se consideró la subunidad 16S para bacterias y el espaciador transcrito interno 2 (ITS2) para hongos. En plantas asintomáticas, los géneros *Pectobacterium*, *Klebsiella*, y *Candidatus Udaeobacter* dominaron la microbiota bacteriana del pseudotallo, rizoma, y rizosfera, respectivamente. El análisis metataxonómico reveló que los miembros de las clases *Gammaproteobacteria* y *Bacilli* se presentaron en mayor abundancia relativa y abundancia diferencial en muestras de tejido vegetal asintomático. En relación a la comunidad fúngica, *Ascochyta* y *Antrodia* fueron los principales géneros presentes en todos los entornos independientemente de la sintomatología. *Fusarium oxysporum* y *Rhodotorula mucilaginosa* presentaron abundancia diferencial en muestras sintomáticas y miembros de la familia *Ceratobasidiaceae* en muestras asintomáticas. Este es el primer estudio en Ecuador que presenta una visión integral de la microbiota de bananos Gros Michel afectados por Foc raza 1 y sus cambios con base en sintomatología en campo.

Palabras clave:

- **ANÁLISIS EXPLORATORIO DEL MICROBIOMA**
- **ILLUMINA MISEQ**
- ***FUSARIUM OXYSPORUM* F. SP. *CUBENSE***

Abstract

Banana production in Ecuador is at risk due to the nearby presence of the fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* tropical race 4 (Foc TR4), which causes banana Fusariosis, a disease that devastates a great variety of banana and plantain cultivars. The objective of the present investigation was to taxonomically characterize the microbiota of banana Gros Michel plants symptomatic and asymptomatic for Fusariosis, to identify groups of microorganisms potentially suppressive against Foc TR4. Amplicon high-throughput sequencing reads were obtained from three environments (pseudostem, rhizome, and rhizosphere soil), the 16S subunit was considered for bacteria and the internal transcribed spacer 2 (ITS2) for fungi. In asymptomatic plants, the genera *Pectobacterium*, *Klebsiella*, and *Candidatus Udaeobacter* dominated the bacterial microbiota of the pseudostem, rhizome, and rhizosphere, respectively. Metataxonomic analysis revealed that members of the *Gammaproteobacteria* and *Bacilli* classes occurred in higher relative abundance and differential abundance in asymptomatic plant tissue samples. Concerning the fungal community, *Ascochyta* and *Antrodia* were the main genera present in all environments regardless of symptomatology. *Fusarium oxysporum* and *Rhodotorula mucilaginosa* showed differential abundance in symptomatic samples and members of the *Ceratobasidiaceae* family in asymptomatic samples. This is the first field study in Ecuador that presents a comprehensive view of the microbiota of Gros Michel bananas affected by Foc race 1 and its changes based on symptomatology.

Key words:

- **EXPLORATORY ANALYSIS OF THE MICROBIOME**
- **ILLUMINA MISEQ**
- ***FUSARIUM OXYSPORUM* F. SP. *CUBENSE***