

PRIMER REPORTE DEL OOMYCETE *Globisporangium splendens* CAUSANDO PUDRICIÓN DE RAÍCES EN CHIRIMOYA (*Annona cherimola* Mill.) EN PERÚFirst report of the oomycete *Globisporangium splendens* causing root rot on custard apple (*Annona cherimola* Mill.) in PerúJuan José Oviedo-Quirós^{1,2} , Alejandro Risco-Mendoza² , Carlos Alberto Cadenas-Giraldo² , Jose Miguel Soto-Heredia² , Luz Leonor Mattos-Calderón² ¹ Servicio Fitosanitario del Estado – Ministerio de Agricultura y Ganadería, apartado postal 1521-120 - San José, Costa Rica.² Departamento Académico de Fitopatología, Facultad de Agronomía – Universidad Nacional Agraria La Molina, apartado postal 12-056 – La Molina, Lima, Perú.*Email: alejandrорisco@lamolina.edu.pe

Recibido: 04/09/2023; Aceptado: 10/11/2023; Publicado: 15/11/2023

ABSTRACT

Custard apple (*Annona cherimola* Mill.), originally from the Andean region of Peru and Ecuador, faces a serious threat from root rot, a disease that significantly reduces its yield. In 2015, root damage caused by *Dactylonectria macrodidyma* was reported in Chile, while *Pythium splendens* was identified as the root rot culprit in the *Annona* genus in Australia and Florida. This study aimed to identify the causal agent of custard apple root rot in Peru using PCR. In 2014, twelve ‘Cumbe’ custard apple plants from commercial fields in Ancash and Lima, Peru, displaying symptoms like yellowing leaves and dieback, were examined. The molecular identification was performed through specific rDNA regions (ITS and Cox II) amplification using primers ITS6/ITS4 and FM66/FM58 and revealed the presence of *Globisporangium splendens* (previously *Pythium splendens*), which had not previously been recorded as causing this disease in cherimoyas in Peru. Pathogenicity tests confirmed that ‘Cumbe’ custard apple seedlings exhibited consistent symptoms two to three weeks after inoculation, with *G. splendens* re-isolated from the infected roots. Notably, there were no prior records in Peru of fungal agents causing root rot or quantifying damage in custard apple, marking this as the first report of *G. splendens* causing the disease in Peru. This research sheds light on a previously unreported threat to custard apple cultivation in the region.

Keywords: *Annona cherimola* | *Pythium* | Identification | ITS | Cox II | disease**Forma de citar el artículo (Formato APA):**Oviedo-Quirós, J., Risco-Mendoza, A., Cadenas-Giraldo, C., Soto-Heredia, J.M., Mattos-Calderón. (2023). Primer reporte del oomycete *Globisporangium splendens* causando pudrición de raíces en chirimoya (*Annona cherimola* Mill.) en Perú. *Anales Científicos*, 84(2), 126-137. <http://dx.doi.org/10.21704/ac.v84i2.1878>Autor de correspondencia (*): Alejandro Risco Mendoza Email: alejandrорisco@lamolina.edu.pe

© Los autores, Publicado por la Universidad Nacional Agraria La Molina.

This is an open access article under the CC BY.

RESUMEN

La chirimoya (*Annona cherimola* Mill.) es originaria de la región andina del Perú y Ecuador, donde crece a altitudes de 1500 a 2200 m.s.n.m. El cultivo de esta fruta afronta un grave desafío, la pudrición de raíz, una enfermedad que puede tener un impacto devastador en su rendimiento. En el año 2015 se registraron casos en Chile en los que la chirimoya sufrió daños en sus raíces debido a la presencia de *Dactylonectria macrodidyma*. Situaciones similares se han reportado en Australia y Florida, donde el género *Annona* se vio afectado por la pudrición de las raíces causada por *Pythium splendens*. Ante esta problemática, se planteó como objetivo identificar al agente causal de la pudrición radicular de la chirimoya utilizando técnicas de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa). En el año 2014 se recolectaron doce plantas de chirimoya del cultivar ‘Cumbe’ en Ancash, Perú, las cuales mostraron síntomas de pudrición de raíces y deterioro general. La identificación se realizó mediante amplificación de regiones específicas de ADNr (ITS y Cox II) utilizando los cebadores ITS6/ITS4 y FM66/FM58 y reveló la presencia de *Globisporangium splendens* (anteriormente *Pythium splendens*), que no se había registrado previamente como causante de esta enfermedad en chirimoyas en Perú. Además, se llevaron a cabo pruebas de patogenicidad en plántulas de chirimoya ‘Cumbe’, los cuales mostraron síntomas consistentes con la enfermedad en condiciones de campo. *G. splendens* se volvió a aislar de las raíces inoculadas, confirmando su papel como agente causal. Este estudio representa el primer informe de *G. splendens* como agente causante de la pudrición de raíz en chirimoya en Perú y resalta la importancia de identificar y comprender las enfermedades que afectan a este cultivo.

Palabras clave: *Annona cherimola* | *Pythium* | Identificación | ITS | Cox II | enfermedad.

1. INTRODUCCIÓN

La chirimoya (*Annona cherimola* Mill.) pertenece a la familia Annonaceae (Castro, 2007). Es un árbol frutal que tiene su origen en los valles interandinos del Perú y Ecuador, comprendidos entre 1500 y 2200 m.s.n.m., posteriormente el hombre y los animales han distribuido sus semillas hacia otras regiones como la parte norte de Sur América, a Centro América y al sur de México, lugares donde puede encontrarse en sus estados silvestres (Franciosi, 1995).

La chirimoya pertenece a la familia de las Annonaceae, dentro de la cual figura también algunas especies de importancia económica como la *Annona squamosa* (anón), *Annona muricata* (guanábana), *Annona reticulata* (chirimoya), etc. La planta de chirimoya es un árbol cuyo tamaño puede variar de tres hasta ocho metros de altura y a veces

más, sobre todo cuando no es injertada. Las ramas salen del tronco siguiendo un patrón irregular, aunque posteriormente la copa adopta una forma redondeada por el peso de la fruta (Franciosi, 1995).

El fruto es un sincarpo formado por la fusión de varios carpelos simples dispuestos en espiral alrededor de un receptáculo alargado y puntiagudo. Cada fruto contiene entre 100 y 200 carpelos cada uno con un óvulo simple. La fecundación se realiza en cada óvulo en forma individual; cuando la fruta es deficientemente polinizada, adopta formas irregulares, asertivas (Franciosi, 1995).

El Perú presenta un microclima ideal para la producción del cultivo de chirimoya alcanzando una producción nacional de 22,10 toneladas para el año 2013 (MINAG-OEEE, 2014).

Una de las enfermedades que afecta a la chirimoya a nivel mundial es la pudrición de raíces causada por *Phytophthora palmivora* (Castro, 2007; AREX, s.f.), mientras que se reporta también a *Armillaria mellea* como el agente causal de la pudrición radicular presentando síntomas secundarios de amarillamiento foliar y defoliación (AREX, s.f.). Sin embargo, en Chile se ha observado a *Dactylonectria macrodidyma* ocasionando pudriciones de raíces en chirimoya (Auger et al., 2015), en Australia y Florida *Pythium splendens* causó estas pudriciones en especies de plantas perteneciente al género *Annona* (Teakle, 1960; Ploetz, 2003).

Pythium splendens es considerado un patógeno de suelo muy importante por afectar principalmente las raíces jóvenes, etapa fenológica de importancia para la penetración e infección del patógeno a la planta. Se ha reportado hasta la fecha un amplio espectro de plantas hospedantes como la pimienta negra, el maíz, el melón, el jengibre y la palma aceitera, entre otras especies vegetales (Matsuda et al., 1998; Alsa'idi et al., 2008; Le et al., 2016).

En el Perú a la fecha no hay reporte del agente causal de la pudrición de raíces de la chirimoya, por ello la importancia de la correcta identificación del patógeno que afecta a esta planta para poder diseñar estrategias de manejo integrado de la enfermedad. Por tal motivo, el objetivo del presente trabajo fue identificar filogenéticamente al agente causal de la pudrición de raíces en el cultivo de chirimoya (*Annona cherimola*) en el Perú.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

Colecta y aislamiento

Entre los meses de noviembre y diciembre de 2014 se llevó a cabo el monitoreo en cuatro campos de producción de Chirimoya de la variedad Cumbe, situados en los distritos de Carhuaz, provincia de Carhuaz,

y Mancos, provincia de Yungay, de la región Ancash, así como en las comunidades de Milagros Salpín y Santo Toribio de Cumbe de la provincia de Huarochirí de la región Lima. En cada uno de estos campos, se seleccionaron tres árboles que mostraban síntomas secundarios de amarillamiento y marchitamiento foliar, lo que sumó un total de 12 árboles muestreados. Se tomaron dos muestras de raíz y dos muestras de suelo de cada árbol, resultando en un conjunto de 24 muestras de raíz y 24 muestras de suelo en total. Las muestras fueron llevadas al laboratorio de Fitopatología de la Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM) para su respectivo análisis.

Para el aislamiento de oomycetes se empleó los medios selectivos CMA-PAR (Corn Meal Agar + Pimaricina + Ampicilina y Rifampicina) y CMA-PARH (Corn Meal Agar + Pimaricina + Ampicilina + Rifampicina + Hymexazol). Se cortaron porciones de las muestras de raíces con pudrición, se lavaron con agua destilada estéril y se colocaron en placas Petri con los medios selectivos mencionados, ubicando cinco puntos de siembra por cada placa de Petri. Asimismo, se hicieron aislamientos de las muestras de suelo haciendo diluciones seriadas hasta 10^{-5} las cuales fueron sembradas por extensión en placas Petri con los medios selectivos. Las muestras de raíces y de suelo sembradas fueron incubadas a 25°C hasta el desarrollo de las colonias. Cuando se visualizaron las colonias de las muestras, se realizaron repiques sucesivos a otras placas de Petri con los medios CMA-PAR y CMA-PARH hasta obtener los cultivos axénicos.

Prueba de patogenicidad

Se emplearon 14 plantones francos de chirimoya 'Cumbe' de 75 días de edad, cada una de ellas dispuestas en bolsas de polietileno con sustrato compuesto por arena, tierra y compost en proporción 1:1:1. A los plantones se les aplicó tiabendazol,

a razón de 250 cc / 200 L después del trasplante definitivo. Dos meses posteriores a la aplicación del fungicida, se realizó la inoculación de cada aislamiento obtenido, utilizando 25 ml / planta de una suspensión de zoosporas a una concentración de 1×10^4 zoosporas / ml. Dos meses desde la primera inoculación, se realizó una segunda inoculación utilizando micelio propagado en trigo, a razón de 5 g de trigo colonizado con el micelio por kilogramo de sustrato, usando entre 15 y 20 g de inóculo por planta.

Quince días después de la segunda inoculación (DDSI), de las plantas que manifestaron síntomas secundarios se extrajeron raicillas, las cuales fueron llevadas al laboratorio y fueron sembradas en medio de cultivo CMA-PAR, y a los 45 DDSI fueron extraídas raíces de todas las plantas inoculadas para realizar el respectivo reaislamiento del patógeno inoculado y de esta manera cumplir con los postulados de Koch.

Características culturales y morfológicas

Los aislamientos de oomycetes patógenos fueron inducidos para la formación de diversas estructuras y observadas con un microscopio compuesto con una amplificación de 40X, posteriormente comparadas usando un descriptor del género *Pythium* (Van der Plaats-Niterink, 1981).

Se realizaron estas observaciones tanto a los aislados de raíz y de suelo como a los aislados de la prueba de patogenicidad. Finalmente, la caracterización morfológica fue comprobada y confirmada con la identificación molecular.

Análisis molecular

Extracción de ADN

La extracción de DNA se realizó a partir de cultivos axénicos de los aislamientos cultivados en medio Agar-V8 modificado

(jugo V8 50% + extracto de avena 50%). Esta extracción se realizó con el método Doyle and Doyle (1990) utilizando Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide y CTAB al 2%.

Reacción en cadena de la polimerasa – PCR

Fueron amplificados los marcadores genéticos ITS y Cox II (Tabla 1). La amplificación de las regiones a través de PCR siguió los procedimientos de Spies et al. (2011), para lo cual, se empleó *primers* (ITS4, ITS6, Cox-FM58 y Cox-FM66) sintetizadas por Sigma-Aldrich (Tabla 1). La reacción de PCR (15 μ l volumen total) consistió de: 7,86 μ l de H₂O HPLC estéril; 3,0 μ l de *Buffer* para la Taq-polimerasa (Promega); 0,60 μ l de dNTP's (Promega); 0,18 μ l de *primer 1*; 0,18 μ l de *primer 2*; 0,18 μ l de Taq-polimerasa (Promega) y 3,0 μ l de ADN. Se usó un termociclador Bio-RAD (modelo C1000 Touch) con los siguientes parámetros, ITS: 94°C pro 3 min, 35 ciclos de (94°C por 1 min, 55°C por 1 min y 72°C por 1 min), 72°C por 10 min y 4°C al infinito y Cox II: 94°C por 5 min, 30 ciclos de (94°C por 60 s, 52°C por 60 s y 72°C por 2 min), 72°C por 7 min y 4°C al infinito.

Secuenciamiento

La limpieza de cada muestra de los productos de PCR (3,5 μ l) fue realizada adicionando 1,4 μ l de ExoSAP-IT (marca Affymetrix) y sometido 15 min a 37°C y 15 min a 80°C. Estos productos limpios fueron usados para el secuenciamiento por el método Sanger.

Estudio filogenético

Las secuencias de ADN concenos se obtuvieron usando el programa BioEdit 7.2.5 (*Sequence Alignment Editor*) (<https://bioedit.software.informer.com/7.2/>). Para el análisis filogenético se descargaron 20 secuencias correspondientes a la región ITS y 18 de la región COX II, a partir del *National Center*

Tabla 1Primer usados para la amplificación y secuenciación de las regiones de ITS y *Cox II*

Región	Nombre Primer	Secuencia primer (5' - 3')	Referencia	Longitud fragmento
ITS	ITS4	TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC	(White, Bruns, Lee, & Taylor, 1990)	730 – 882 bp
<i>Cox II</i>	FM58	CCA CAA ATT TCA CTA CAT TGA	(Martin & Tooley, 2003)	563bp
	FM66	TAG GAT TTC AAG ATC CTG C	(Martin & Tooley, 2003)	

for *Biotechnology Information* (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (Tabla 2 y 3). El múltiple alineamiento de secuencias de ADN se efectuó con el programa MEGAX (KUMAR et al., 2018) con el algoritmo MUSCLE para DNA. La construcción del árbol filogenético fue realizado a través del análisis de la cadena de Markov Monte Carlo (MCMC) implementado en el

programa MrBayes v.3.2.7. Fueron usados los siguientes parámetros: ngen= 1000000, samplefreq=100, Nucmodel = 4by4, Nst = 6, Código = Universal, Ploidy = Diploid, Tasas = Invgamma, Ngammacat = 4, Ilnormcat = 4, Nmixturecat = 4, Nbetacat = 5, Omegavar = Igual, Covarion = No, Codificación = Todo. Los árboles generados fueron visualizados a través del programa FigTree v1.4.3. Las

Tabla 2

Secuencias GenBank de la región ITS para la construcción del árbol filogenético.

ID-NCBI	Especie	Longitud de secuencia (nt)	País
HQ643795	<i>Globisporangium splendens</i>	837	USA
HQ643796	<i>Globisporangium splendens</i>	833	
HQ643797	<i>Globisporangium splendens</i>	834	Sudáfrica
JOQ154*	<i>Globisporangium splendens</i>	805	Perú:Ancash
JOQ160*	<i>Globisporangium splendens</i>	805	Perú:Ancash
HQ643869	<i>Globisporangium ultimum</i>	856	Canadá
HQ643875	<i>Globisporangium ultimum</i>	853	Canadá
HQ643878	<i>Globisporangium ultimum</i>	856	Países bajos
HQ643441	<i>Pythium aphanidermatum</i>	809	
HQ643442	<i>Pythium aphanidermatum</i>	808	
KP331545	<i>Pythium aphanidermatum</i>	954	
KT336808	<i>Pythium aphanidermatum</i>	832	
HM008883	<i>Pythium deliense</i>	794	India
HQ643520	<i>Pythium deliense</i>	813	Perú: San Ramón
HQ832774	<i>Pythium deliense</i>	772	Túnez
GQ267830	<i>Pythium guangxiense</i>	772	
HQ643715	<i>Pythium oligandrum</i>	804	Reino Unido
HQ643716	<i>Pythium oligandrum</i>	805	Canadá
KF761212	<i>Pythium oligandrum</i>	812	USA
HQ643973	<i>Pythium zingiberis</i>	819	Japón: Miyagi

*Secuencias JOQ154 (GenBank accession: MT645509) JOQ160 (GenBank accession: MT645508)

secuencias JOQ154 con código de acceso GenBank MT645509 y JOQ160 con código de acceso GenBank MT645508 de la región ITS; JOQ154 y JOQ160 de la región COX II fueron analizadas juntamente con las secuencias que se muestran en la Tabla 2 y 3, se realizó búsqueda con alineamiento global a nivel de nucleótidos (Blatn) en el sitio disponible BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), con lo cual se obtuvieron los porcentajes de identidad de las especies del género *Pythium*.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Pruebas de patogenicidad

Los aislamientos JO154 y JO160 se identificaron como *Globisporangium splendens* y al ser inoculadas en plantas de chirimoya ‘Cumbe’ presentaron síntomas secundarios de amarillamiento, decaimiento y defoliación a partir de los 15 días DDSI (Figura 1A); en cuanto los síntomas primarios se observaron pudrición de raíces

y desprendimiento de la corteza radicular, dejando al descubierto el cilindro vascular de las raicillas (Figura 1B y 1C). Las plantas inoculadas solamente con agua no manifestaron ningún síntoma mencionado anteriormente (Figura 4A-Tc).

Características culturales y morfológicas

Los aislamientos obtenidos a partir de las raíces y suelo de la chirimoya Cv. Cumbe, en medio de cultivo CMA-PAR mostraron un crecimiento micelial hialino superficial, formando una colonia algodonosa de escaso desarrollo (Figura 2 A).

Las características morfológicas microscópicas observadas fueron: Hifas (Hi) hialinas y no septadas, no producen zoosporangios, Oogonios (Og) terminales, globosos y de pared lisa, Oospora (Os) plerótica y Anteridio (An) terminal (Figura 2B y 2C). Estas características coinciden con las observadas por Van der Plaats-Niterrink. (1981) en *P. splendens*.

Tabla 3

Secuencias GenBank de la región COX II para la construcción del árbol filogenético.

ID-NCBI	Especie	Longitud de secuencia (nt)	País
AB468903.1	<i>Globisporangium splendens</i>	564	
AB780557.1	<i>Globisporangium splendens</i>	563	Japón
AF196618.1	<i>Globisporangium splendens</i>	684	USA:Florida
AF196619.1	<i>Globisporangium splendens</i>	684	Sudáfrica
JO154*	<i>Globisporangium splendens</i>	589	Perú: Ancash
JO160*	<i>Globisporangium splendens</i>	569	Perú: Ancash
AF196636.1	<i>Globisporangium ultimum</i>	684	USA:Arizona
AF196638.1	<i>Globisporangium ultimum</i>	684	USA:Iowa
MN103368.1	<i>Globisporangium ultimum</i>	587	(Noroeste pacífico)
MN103375.1	<i>Globisporangium ultimum</i>	586	
MN103357.1	<i>Pythium abappressorium</i>	585	Noroeste pacífico
LC028395.1	<i>Pythium barbulae</i>	613	Japón:Osaka
LC028396.1	<i>Pythium barbulae</i>	613	Japón:Osaka
LC028397.1	<i>Pythium barbulae</i>	613	Japón:Osaka
AB512908.1	<i>Pythium heterothallicum</i>	563	
AB512911.1	<i>Pythium heterothallicum</i>	563	
AB512912.1	<i>Pythium heterothallicum</i>	563	
AB512913.1	<i>Pythium heterothallicum</i>	563	



Figura 1. Síntomas presentados en la prueba de patogenicidad en el cultivo de chirimoya para el aislamiento de *Globisporangium splendens*, A) parte aérea, B) raíces y C) pudrición radicular (Te = planta testigo).

Análisis molecular

A partir de los productos de PCR usando los *primers* IST4-ITS6, se obtuvieron amplicones de 805 pb y para la región COX II usando los *primers* FM58-FM66 se obtuvieron amplicones de 589 pb. Los aislamientos JO154 y JO160 de la región ITS mostraron una identidad de 100% entre ellas y, realizado el análisis Blastn, los porcentajes de identidad fueron entre 98-100% con *Globisporangium splendens*. Las secuencias correspondientes a esta especie según la región ITS que fueron elegidas para el análisis filogenético, mostraron los

siguientes resultados. **HO643795** mostró 1437 Mas score, 1437 Total score, 100 Query cover y 98,64% de identidad; **HO643796** con 1459 Mas score, 1459 Total score, 100 Query cover y 99,25% de identidad, finalmente **HO643797** con 1430 Mas score, 1430 Total score, 100 Query cover y 98,51% de identidad. En cuanto comparadas con las secuencias correspondientes a la región COX II para la misma especie, mostraron los siguientes valores: **AB468903.1** con 1014 máximo score, 1014 total score, 95% Query cover y 99,11% de identidad; **AB780557.1** con 1013 máximo score, 1013 total score,

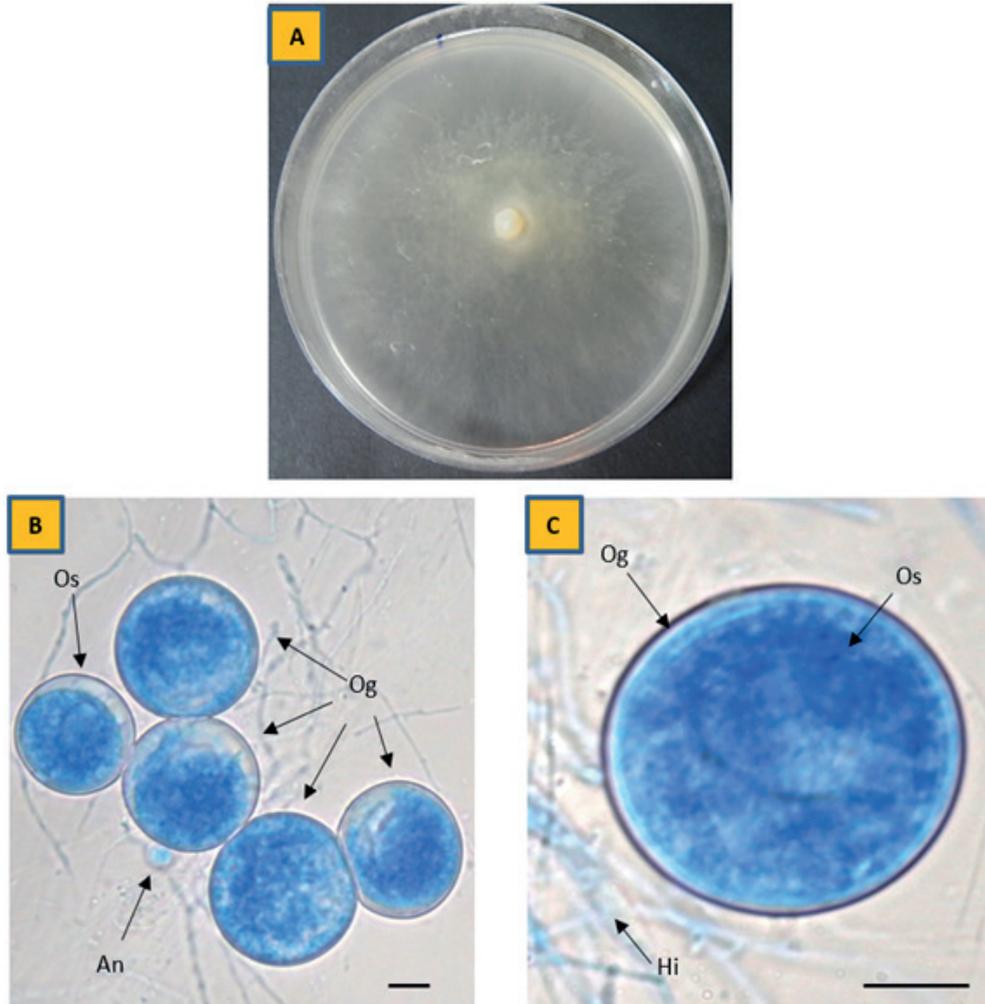


Figura 2. Aislamiento de *G. splendens*, obtenido en medio selectivo PAR (A); estructuras morfológicas (B y C), Hifa (Hi), Oogonio (Og), Oospora (Os), Anteridio (An). Bar = 10 μ .

95% Query cover y 99,11% de identidad; **AF196618.1** con 1024 máximo score, 1024 total escore, 96% Query cover y 99,12% de identidad y finalmente, **AF196619.1** con 1018 máximo score, 1018 total escore, 96% Query cover y 98,95% de identidad.

Con estos valores se demuestran según el análisis molecular y el agrupamiento filogenético que, los aislamientos JO154 y JO160 pertenecen a la especie

Globisporangium splendens, anteriormente denominado como *Pythium splendens*.

El árbol filogenético fue diseñado a partir de la inclusión de secuencias de especies tipos de algunas especies de este oomycete incluyendo a *P. splendens* (*Globisporangium splendens*). En la Figura 2 y 3 se muestran los árboles generados a partir de la región ITS y COX II respectivamente.

Estudios filogenéticos

Fueron secuenciadas 805 nt para la región ITS, agrupándose con los aislamientos HQ643797 (Sudáfrica), HQ643796, HQ643795 (USA) que corresponden a *G. splendens* con 98,8; 99,4 y 98,9% de identidad respectivamente. Wang et al. (2003) realizó la identificación de 34 especies del género *Pythium* utilizando la región ITS, siendo estas regiones importantes para la identificación de especies.

Para la región COX II fueron secuenciadas 589 nt y 569 nt para los aislamientos JO154 y JO160 respectivamente, agrupándose con los aislamientos AB780557.1 (Japón), AF196618.1 (USA: Florida), AF196619.1 (Sudáfrica) que corresponden a *G. splendens*. Robideau et al. (2011) realizó la identificación filogenética utilizando la región COX para las identificaciones de especies del género *Pythium*. Estos dos marcadores moleculares tanto ITS como COX son buenos en la realización de análisis

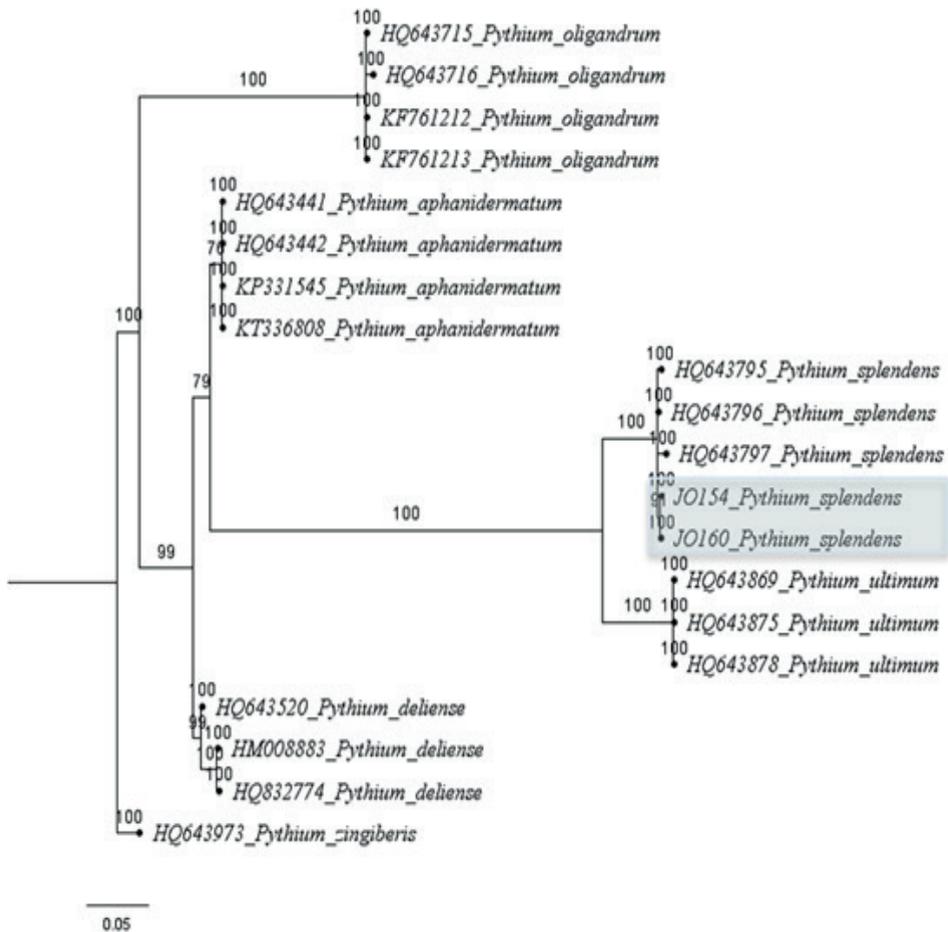


Figura 2. Árbol filogenético construido con secuencias correspondientes al ADNr del Espacio Transcrito Interno (ITS) de especies de *Pythium* usando inferencia Bayesiana. JO154 y JO160 (*Globisporangium splendens*) son los aislados en estudio.

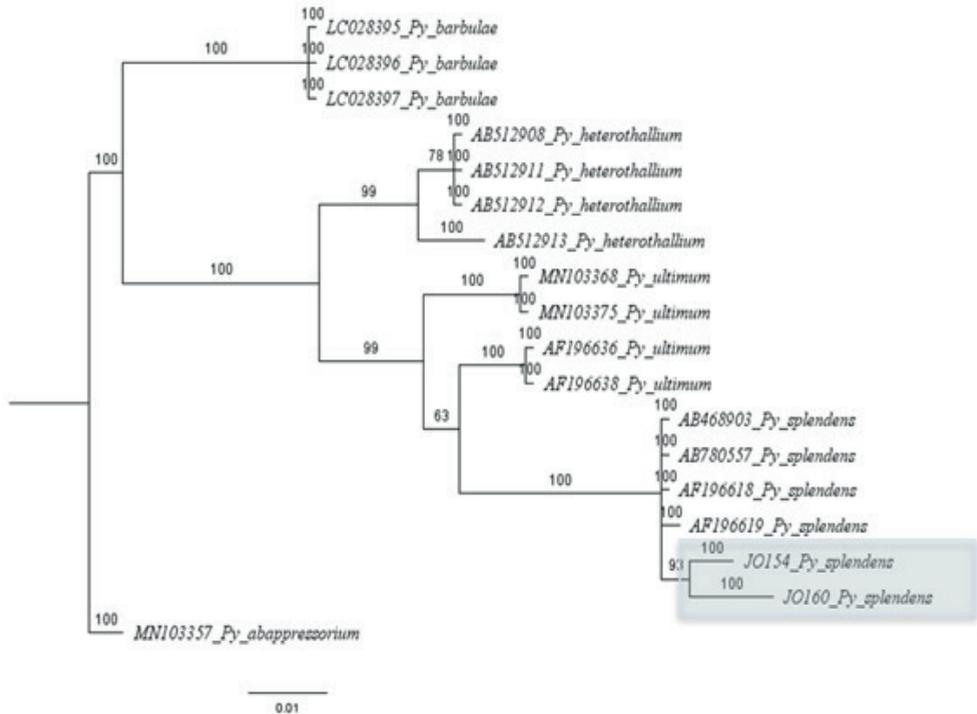


Figura 3. Árbol filogenético construido con secuencias correspondientes al ADN mitocondrial del Citocromo oxidasa 2 (COX II) de especies del género *Pythium* usando inferencia Bayesiana. JO154 y JO160 (*Globisporangium splendens*) son los aislados en estudio.

filogenéticos.

Con los resultados obtenidos con la identificación molecular, con la caracterización morfológica y con las pruebas de patogenicidad, se demostró que *G. splendens* es el agente causal de la pudrición de raíces y de la muerte descendente de la Chirimoya ‘Cumbe’ en el Perú. Hasta la actualidad no se ha reportado que especies del género *Pythium* causen pudrición radicular en este cultivo. Sin embargo, Ploetz (2003) reportó a *P. splendens* (nombre anterior de *G. splendens*) causante de pudrición radicular en el cultivo de chirimoya en Australia y Florida, reafirmando de este modo que el oomycete puede causar enfermedad en plantas de chirimoya.

G. splendens representa un patógeno vegetal de considerable importancia, su acción perjudicial se manifiesta en la pudrición de tallos y raíces, así como en el deterioro de las plántulas, tanto en su etapa previa como posterior a la emergencia. Un amplio espectro de plantas se ve afectado por este patógeno abarcando especies como la pimienta negra, el maíz, el melón, el jengibre y la palma aceitera, entre otras especies vegetales (Matsuda, et al., 1998; Al-sa’di et al., 2008 y Le P. et al., 2016).

Recientemente se secuenció el genoma completo de *G. splendens* mediante la plataforma Illumina HiSeq 2500 y PacBio. Este genoma proviene de la pimienta negra

de la India y tiene una longitud de 53,3 Mb, con 17,350 genes codificadores de proteínas (Reghu et al., 2020).

4. CONCLUSIONES

Se identificó biomolecularmente a el oomycete *Globisporangium splendens* como el agente causal de las pudriciones de raíces de la chirimoya 'Cumbe' en el Perú, siendo este el primer reporte de este organismo causando enfermedad en esta especie vegetal en el Perú.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores de esta investigación declaran que no tienen ningún conflicto de intereses personales ni económicos con individuos u organizaciones que puedan influir de manera inapropiada en el contenido de este manuscrito.

CONTRIBUCIONES DE LOS AUTORES

Diseño y ejecución: JJOQ, LLMC.

Procesamiento de datos: JJOQ, ARM.

Redacción y revisión del artículo: JJOQ, ARM, CACG, JMSH, LLMC.

REFERENCIAS

- Al-Sa'di, A., Deadman, L., Al-Said, F., Khan, I., Al-Azri, M., Drenth, A., & Aitken, E. (2008). First report of *Pythium splendens* associated with severe wilt of muskmelon (*Cucumis melo*) in Oman. *Plant Dis.*, 92(2), 313. <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-2-0313C>.

- Auger, J., Pérez, I., & Esterio, M. (2015). Occurrence of Root Rot Disease of Chirimoya (*Annona cherimola* Mill.) Caused by *Dactylonectria macrodidyma* in Chile. *Plan Disease*, 99(9). <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-15-0257-PDN>.
- AREX (Asociación regional de exportadores de Lambayeque). (s.f.). *Chirimoya* (en línea). Sierra Exportadora. Lambayeque, Pe. 36 p. Consultado 28 ago. 2014. Disponible en http://www.sierraexportadora.gob.pe/perfil_comercial/PERFIL%20COMERCIAL%20CHIRIMOYA.pdf
- Castro, J. (2007). Cultivo de la Anona (*Annona cherimola*, Mill.). Ministerio de Agricultura y Ganadería. San José, C.R. 56 p. Consultado 29 oct. 2014. Disponible en <http://www.mag.go.cr/bibliotecavirtual/a00109.PDF>
- Cooke, D., & Duncan, J. (1997). Phylogenetic analysis of *Phytophthora* species based on ITS1 and ITS2 sequences of the ribosomal RNA gene repeat. *Mycological Research* 101(6), 667-677. <https://doi.org/10.1017/S0953756296003218>
- Doyle, J. & Doyle, L. (1990). Isolation of Plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12(1), 13-15.
- Franciosi, R. (1995). Manual de cultivo de frutales. Proyecto especial CHAVIMOCHIC. Trujillo, PE. 237 p.
- Le, P., Smith, K., Aitken, E. (2016). An assessment of *Pythium* spp. associated with soft rot disease of ginger (*Zingiber officinale*) in Queensland, Australia. *Australasian Plant Pathology*, 45(4), 377-387. <http://dx.doi.org/10.1007/s13313-016-0424-5>

- Martin, F. (2000). Phylogenetic relationships among some *Pythium* species inferred from sequence analysis of the mitochondrially encoded cytochrome oxidase II gene. *Mycologia*, 92, 711-727. <https://doi.org/10.1080/00275514.2000.12061211>.
- Matsuda, A., Moya, F.J., González, L., & Watanabe, T. (1998). Root rots of black pepper caused by *Pythium splendens* in the Dominican Republic. *Japanese Journal of Phytopathology*, 64, 303-306. <https://doi.org/10.3186/jjphytopath.64.303>.
- Ministerio de Agricultura. (2014). MINAG-OEEE – Oficina de Estudios Económicos y Estadísticos.
- Ploetz, R. (2003). Diseases of tropical fruit crops. Center for Agriculture and Biosciences International (CABI). USA. 543 p.
- Robideau, P., De Cock, A., Coffey, D., Voglmayr, H., Brouwer, H., Bala, K., Chitty, D., Désaulniers, N., Eggertson, A., Gachon, M., Hu, H., Küpper, C., Rintoul, L., Sarhan, E., Verstappen, C., Zhang, Y., Bonants, J., Ristaino, B., & Lévesque, A. (2011). DNA barcoding of oomycetes with cytochrome c oxidase subunit I and internal transcribed spacer. *Mol Ecol Resour*, 11(6), 1002-11. [10.1111/j.1755-0998.2011.03041.x](https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03041.x).
- Spies, C., Mazzola, M., Botha, W., Van Der Rijst, M., Mostert, L. & McLeod, A. (2011). Oogonial biometry and phylogenetic analyses of the *Pythium Vexans* species group from woody agricultural hosts in South Africa reveal distinct groups within this taxón. *Fungal Biol*. 115(2): 157-168. [10.1016/j.funbio.2010.11.005](https://doi.org/10.1016/j.funbio.2010.11.005)
- Reghu, R., Chellappan, B., Beena, S., Sasi, A., Vasudevan, S., & Nair, A. (2020). Draft Genome Sequence of the Oomycete *Globisporangium splendens* Strain rgcb-1. *Microbiol Resour Announc*. 16;9(16), e01006-19. doi: 10.1128/MRA.01006-19. PMID: 32299889; PMCID: PMC7163027.
- Teakle, D. (1960). Species of *Pythium* in Queensland. *Qd J. agric. Sci.* 17: 15-3.
- Van der Plaats-Niterink. (1981). Monograph of the genus *Pythium*. *Centraalbureau voor Schimmelcultures*. 242 p.
- Wang, P., Wang, Y., & White, J. (2003). Species-specific PCR primers for *Pythium* developed from ribosomal ITS1 region. *Letters Applied Microbiology*, 37(2), 127–132. [10.1046/j.1472-765x.2003.01353.x](https://doi.org/10.1046/j.1472-765x.2003.01353.x)
- White, T., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, 38, 315–322. <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>