

Análisis de prevalencia y variabilidad genética del virus del estriado de banano (BSV) en Ecuador

PROBLEMA

En Ecuador, el banano (*Musa spp.*) es el segundo rubro de exportación no petrolera más importante, generando más de USD 2,428 millones en 2025. Sin embargo, la industria enfrenta una amenaza fitosanitaria crítica: el *Banana streak virus* (BSV). Este pararetrovirus del género *Badnavirus* puede reducir el rendimiento productivo hasta en un 90% y se transmite verticalmente al 100% de la progenie. A pesar de su impacto, la información epidemiológica en el país es escasa, y el diagnóstico se ve limitado por el genoma propio del virus y la oxidación de los tejidos del banano, junto con la falta de protocolos estandarizados. Estos aspectos impiden una vigilancia fitosanitaria efectiva y aumenta el riesgo de propagación.

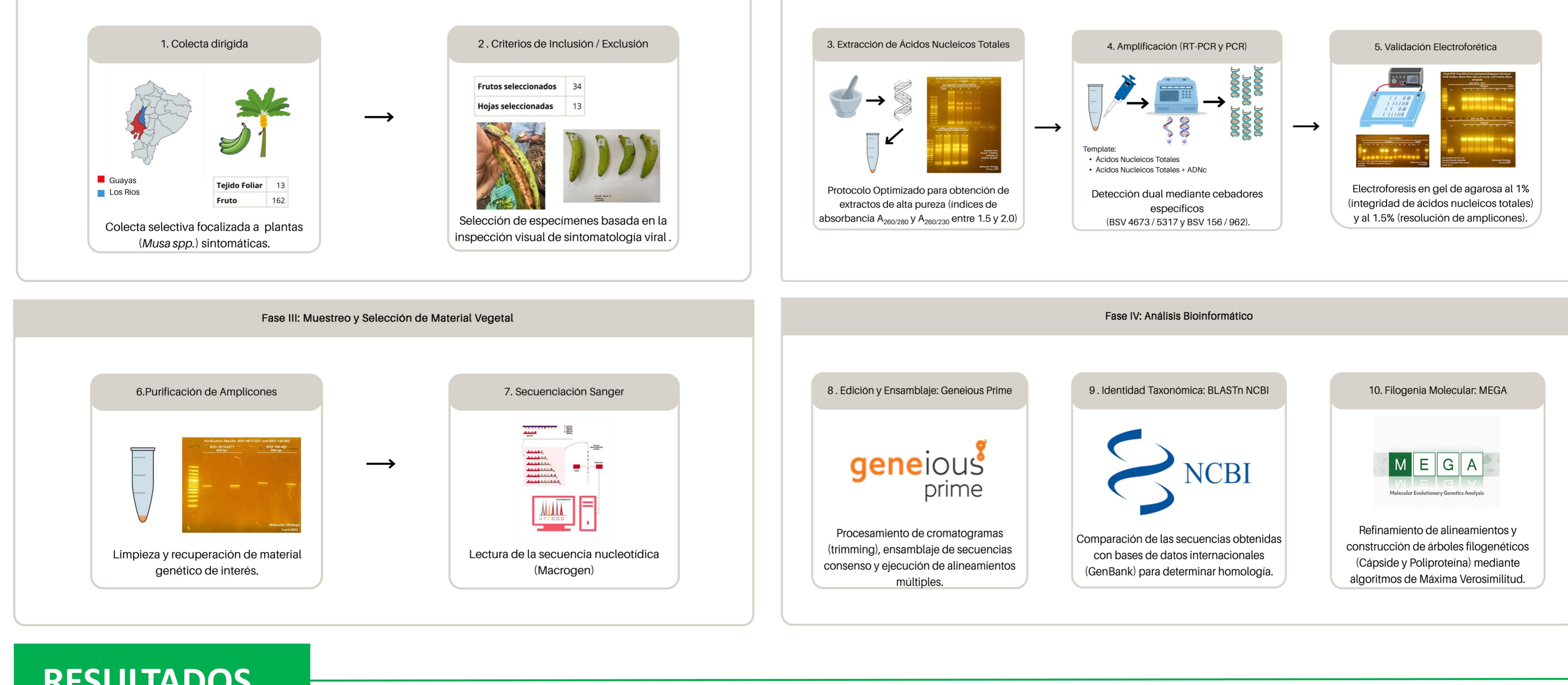


Figura 1. Sintomatología del *Banana streak virus* (BSV) en tejidos de *Musa spp.* (A) Corte de pseudotallo, punteado necrótico interno. (B) Pseudotallo con estriado clorótico. (C) Fruto con signos de deformación y necrosis. (D) Nervadura central de hoja presentando lesiones necróticas discontinuas.

OBJETIVO GENERAL

Analizar la prevalencia y variabilidad genética del Virus del Estriado del Banano (BSV) en plantaciones comerciales del Ecuador y mercados pertenecientes a la ciudad de Guayaquil, mediante técnicas moleculares y bioinformáticas, para su uso en la implementación en medidas de manejo.

PROPUESTA



RESULTADOS

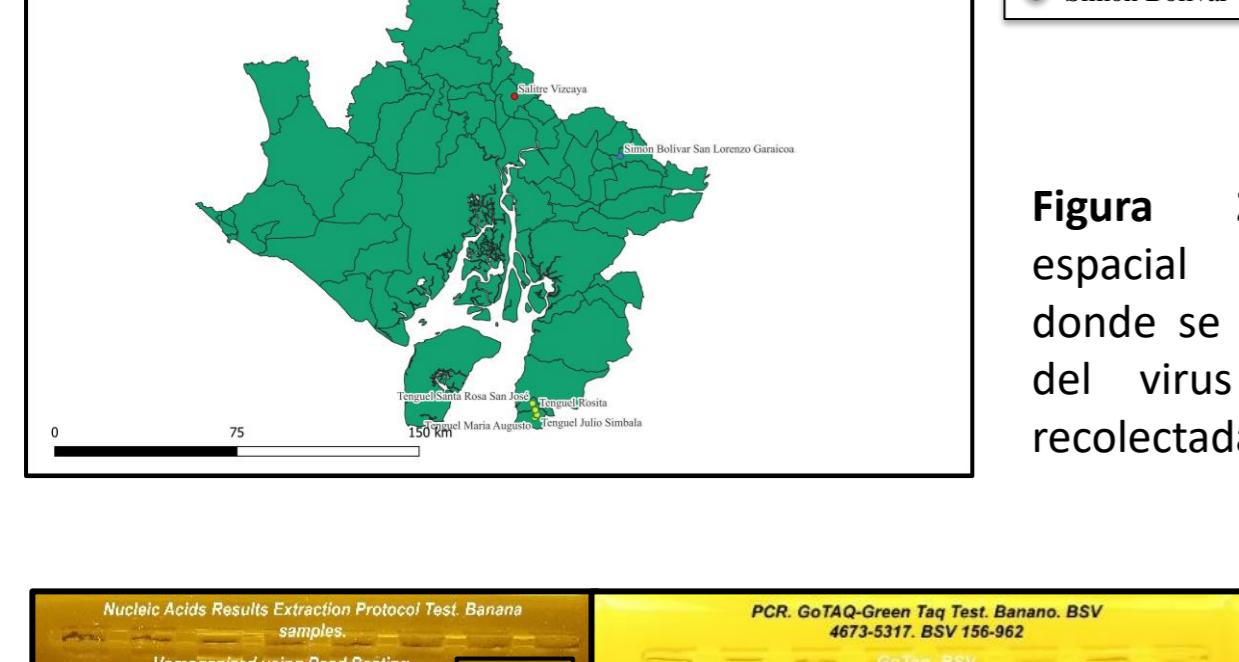


Figura 2. Representación espacial de las localidades donde se detectó la presencia del virus en las muestras recolectadas

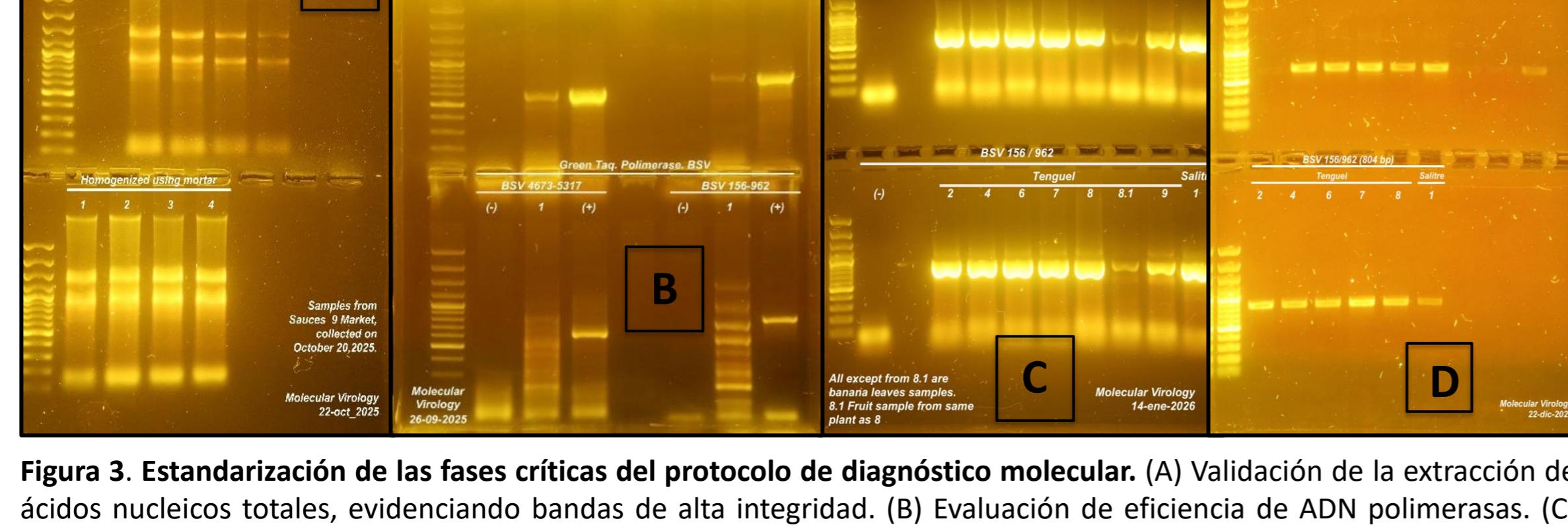


Figura 3. Estandarización de las fases críticas del protocolo de diagnóstico molecular. (A) Validación de la extracción de ácidos nucleicos totales, evidenciando bandas de alta integridad. (B) Evaluación de eficiencia de ADN polimerasas. (C) Validación de protocolo de diagnóstico molecular optimizado elaborado (D) Verificación de la calidad de amplicones purificados, mostrando bandas únicas y libres de inespecificidades, aptas para secuenciación Sanger.

CONCLUSIONES

En resumen, este estudio estandarizó un protocolo de diagnóstico molecular optimizado y determinó la ocurrencia y variabilidad genética del *Banana streak virus* (BSV) en cultivos de *Musa spp.* del litoral ecuatoriano. En conjunto, estos hallazgos proporcionan herramientas técnicas robustas para la detección temprana en tejidos recalcitrantes y facilitan la implementación de estrategias de certificación de semilla para mitigar la dispersión del patógeno.

También, se confirmó la circulación activa del virus en zonas productoras de la provincia del Guayas, validando su naturaleza sistémica al ser detectado tanto en tejido foliar como en el epicarpo de frutos, incluso en aquellos visualmente asintomáticos. La presencia del virus se vinculó con factores de manejo agronómico en los sitios evaluados, como la densidad de siembra y el control de malezas hospederas de vectores.

Por último, se analizó la variabilidad genética y las relaciones filogenéticas de los aislados obtenidos mediante la secuenciación de amplicones. Con base en los datos generados, se concluye que la variante circulante corresponde a la especie *Banana streak OL virus* (BSV-OL), exhibiendo una baja diversidad genética con una identidad superior al 98.5% y una estructura poblacional homogénea de origen clonal, sin evidencias de eventos de recombinación recientes.

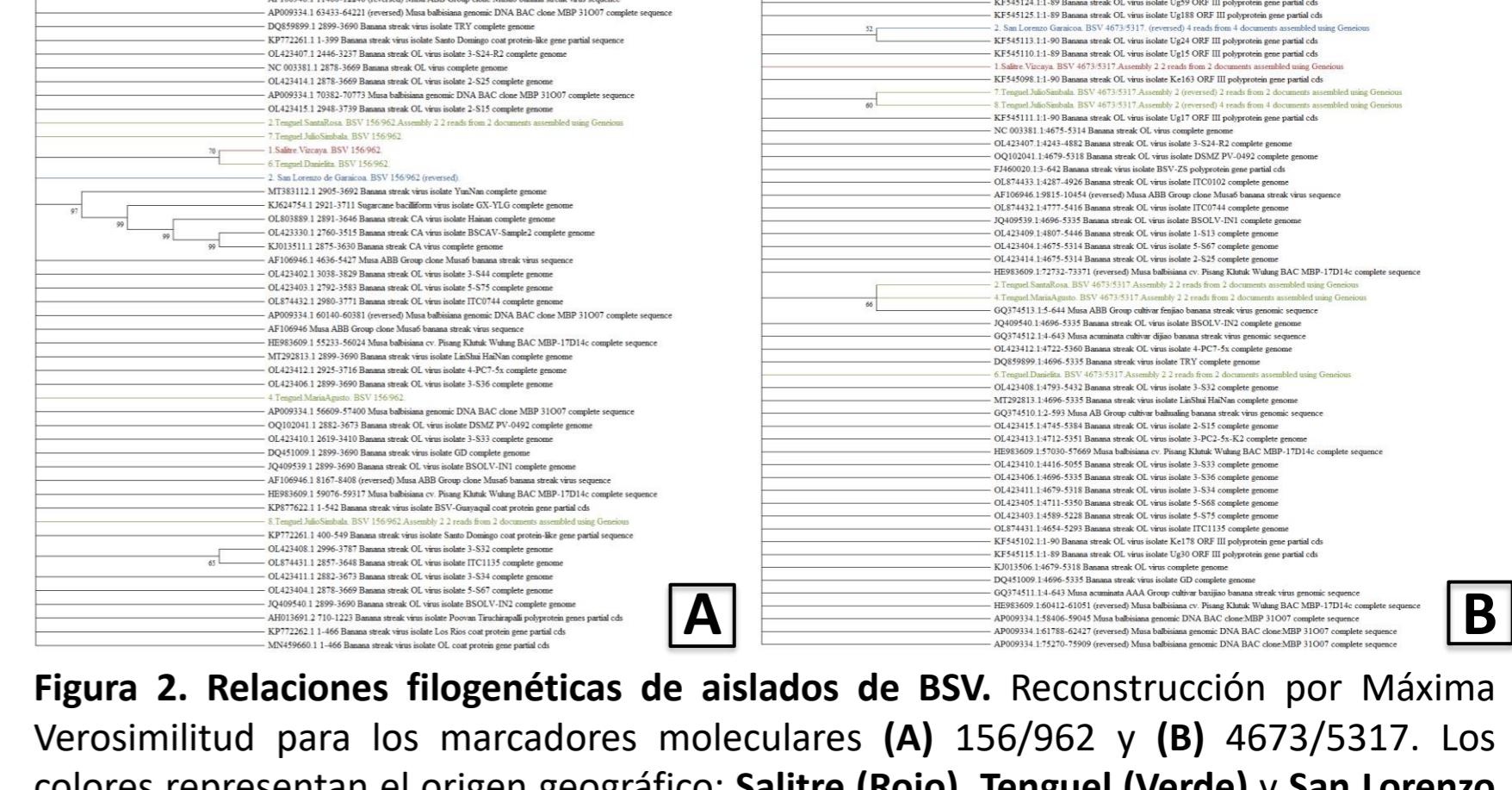


Figura 2. Relaciones filogenéticas de aislados de BSV. Reconstrucción por Máxima Verosimilitud para los marcadores moleculares (A) 156/962 y (B) 4673/5317. Los colores representan el origen geográfico: Salitre (Rojo), Tenguel (Verde) y San Lorenzo (Azul). Todos los aislados se agrupan dentro de un clado monofilético con alta identidad nucleotídica correspondiente a la especie *Banana streak OL virus* (BSV-OL). La ausencia de segregación por zona geográfica sugiere una población viral genéticamente en la provincia. Los valores de bootstrap en las ramificaciones internas reflejan la baja diversidad genética de la población viral (identidad >98.5%), confirmando la estabilidad del genoma viral en la región