



**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR**

**FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES**

**ESCUELA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**Análisis de Polimorfismos de Nucleótido Único (SNPs) y filogenia del gen *phcA*  
de las cepas de *Ralstonia solanacearum* de Ecuador**

**Disertación previa a la obtención del título de Licenciado/a en Microbiología**

**DANIELA JOHANNA VILLOTA CÁRDENAS**

**Quito, 2025**

## CERTIFICACIÓN

Certifico que la Disertación de Licenciatura en Ciencias Biológicas del señor/señorita \_\_\_\_\_ ha sido concluida de conformidad con las normas establecidas; por lo tanto, puede ser presentada para la calificación correspondiente.

---

Fernando Santacruz  
Director de la Disertación  
Quito, fecha

## DEDICATORIA

A mis abuelitos,

Por ser la luz que siempre iluminó mi camino, por su amor infinito y su apoyo incondicional que me dieron la fuerza para levantarme en los momentos difíciles y avanzar con resiliencia en cada paso. Gracias por enseñarme, con su ejemplo, a nunca rendirme, a creer en mí mismo y a abrazar mis sueños con confianza y valentía.

## AGRADECIMIENTOS

En primer lugar, expreso mi más profundo agradecimiento a mis abuelitos y a mis padres, quienes han sido el pilar fundamental en este camino académico. Sin su apoyo incondicional, este logro no habría sido posible.

Extiendo mi sincero agradecimiento a la Fundación Hanns Seidel por brindarme la invaluable oportunidad de ser parte de su comunidad, rodeada de destacados profesionales que sembraron en mí una semilla de aprendizaje y superación. No encuentro palabras suficientes para expresar mi gratitud por el apoyo que me brindaron para culminar mis estudios.

Al MSc. Fernando René Santacruz Flores le expreso mi profundo agradecimiento por confiar en mí y otorgarme la oportunidad de desarrollar esta investigación. Su guía constante, su paciencia y su amplia experiencia fueron determinantes para el adecuado desarrollo de este trabajo.

A Ángel, por ser un apoyo incondicional en mi vida, por estar presente en los buenos y malos momentos. Tu sabiduría me permitió comprender la realidad de las dificultades y no desmoronarme.

Finalmente, extiendo mi agradecimiento a la MSc. Teresa Guerrero por su valioso acompañamiento y por compartir sus conocimientos, los cuales fueron clave para la culminación de esta tesis.

## TABLA DE CONTENIDO

CERTIFICACIÓN.....	II
DEDICATORIA.....	III
AGRADECIMIENTOS .....	IV
LISTA DE TABLAS.....	VII
1. RESUMEN.....	8
2. ABSTRACT.....	10
3. INTRODUCCIÓN.....	12
4. OBJETIVOS.....	16
OBJETIVO GENERAL: .....	16
OBJETIVOS ESPECÍFICOS: .....	16
5. MATERIALES Y MÉTODOS.....	17
5.1 TIPO DE ESTUDIO .....	17
5.2 SELECCIÓN DE CEPAS Y OBTENCIÓN DE SECUENCIAS GENÓMICAS .....	17
5.2 IDENTIFICACIÓN DEL GEN <i>PHCA</i> EN GENOMAS COMPLETOS DE <i>RALSTONIA SOLANACEARUM</i> .....	18
5.3 ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS Y ANÁLISIS DE VARIANTES TIPO SNP	18
5.4 ANÁLISIS FILOGENÉTICO BASADO EN MÁXIMA VEROSIMILITUD .....	19
5.5 VALIDACIÓN Y CONTROL DE CALIDAD DE LOS DATOS .....	19
6. RESULTADOS Y DISCUSIONES .....	20
6.1 IDENTIFICACIÓN DE SNPs EN LA REGIÓN CODIFICANTE DEL GEN <i>phcA</i> EN CEPAS LOCALES E INTERNACIONALES .....	20
6.2 FILOGENIA DE AISLADOS DE <i>Ralstonia solanacearum</i> .....	23
7. CONCLUSIONES.....	26
8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	28

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Árbol filogenético construido por el método de máxima verosimilitud (ML) a partir de las secuencias del gen <i>phcA</i> de cepas de <i>Ralstonia solanacearum</i> .....	33
---	----

## LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Secuencias completas de <i>R. solanacearum</i> .....	34
Tabla 2. Identificación de SNPs no sinónimos en el gen <i>phcA</i> de cepas de <i>Ralstonia solanacearum</i> .....	37
Tabla 3. Identificación de SNPs sinónimos en el gen <i>phcA</i> de cepas de <i>Ralstonia solanacearum</i> .....	40

## 1. RESUMEN

El gen *phcA* actúa como regulador maestro en *R. solanacearum*, controlando la producción de EPS esenciales para la infección en el hospedador y desempeñando un papel central en la manifestación de la enfermedad del moko. Esta bacteria presenta una alta complejidad biológica, ya que puede vivir como saprófita alimentándose de materia orgánica, persistiendo en el ambiente hasta reiniciar el ciclo infeccioso. En este contexto, *phcA* constituye un elemento clave en los mecanismos de patogenicidad y virulencia.

El presente estudio tuvo como objetivo analizar la filogenia del gen *phcA* en cepas de *R. solanacearum* de Ecuador y de otras regiones del mundo mediante la identificación de SNPs, con el fin de detectar variaciones genéticas entre individuos de una misma especie. Para ello, se empleó una metodología basada en el análisis de genomas completos de cepas aisladas en Ecuador, Brasil, Colombia, Perú, China, Corea del Sur, Filipinas, Estados Unidos y el Caribe, así como una cepa de referencia internacional (IBSBF1503), obtenida del repositorio NCBI. Adicionalmente, se incluyó una cepa de *Ralstonia syzygii* (NZ\_CP174148.1) como grupo externo (*outgroup*). Las secuencias fueron alineadas utilizando la herramienta MEGA para la detección y clasificación de SNPs se realizó con Geneious Prime®.

Los resultados revelaron la presencia de múltiples SNPs no sinónimos en la región codificante de *phcA*, asociados a cambios en aminoácidos con posible implicación funcional, especialmente en cepas provenientes de Asia (Corea del Sur y China) y América (Colombia y el Caribe). A diferencia de las cepas de Ecuador, Perú y algunas de Colombia no presentaron variaciones, lo que sugiere una conservación genética del gen en estas regiones. En el análisis filogenético por máxima verosimilitud (ML) mostró clados bien definidos que agrupan a las cepas sudamericanas (Ecuador, Colombia y Perú) junto con la cepa de referencia de Brasil, las cuales compartieron un nodo interno, evidenciando una estrecha relación evolutiva. En cambio, las demás cepas se ubicaron en clados más distantes, indicando divergencias filogenéticas. Este estudio aporta evidencia sobre

patrones evolutivos diferenciales del gen *phcA* en función de la región geográfica y destaca su relevancia en la dinámica de virulencia.

**Palabras clave:** *Ralstonia solanacearum*, *phcA*, polimorfismos de nucleótido único, evolución, sinónima, no sinónima.

## 2. ABSTRACT

The *phcA* gene acts as a master regulator in *R. solanacearum*, controlling the production of EPS essential for infection in the host and playing a central role in the manifestation of moko disease. This bacterium presents a high biological complexity, as it can live as a saprophyte feeding on organic matter, persisting in the environment until restarting the infectious cycle. In this context, *phcA* constitutes a key element in the mechanisms of pathogenicity and virulence.

The present study aimed to analyze the phylogeny of the *phcA* gene in *R. solanacearum* strains from Ecuador and other regions of the world through the identification of SNPs, in order to detect genetic variations among individuals of the same species. For this, a methodology based on the analysis of complete genomes of strains isolated in Ecuador, Brazil, Colombia, Peru, China, South Korea, the Philippines, the United States, and the Caribbean was used, as well as an international reference strain (IBSBF1503), obtained from the NCBI repository. Additionally, a strain of *Ralstonia syzygii* (NZ\_CP174148.1) was included as an external group (outgroup). The sequences were aligned using the MEGA tool and the detection and classification of SNPs were carried out with Geneious Prime®.

The results revealed the presence of multiple nonsynonymous SNPs in the coding region of *phcA*, associated with amino acid changes with possible functional implications, especially in strains from Asia (South Korea and China) and America (Colombia and the Caribbean). Unlike the strains from Ecuador, Peru, and some from Colombia, no variations were found, suggesting a genetic conservation of the gene in these regions. The phylogenetic analysis by maximum likelihood (ML) showed well-defined clades that group the South American strains (Ecuador, Colombia, and Peru) together with the reference strain from Brazil, which shared an internal node, evidencing a close evolutionary relationship. In contrast, the other strains were located in more distant clades, indicating phylogenetic divergences. This study provides evidence of differential evolutionary patterns

of the *phcA* gene depending on the geographical region and highlights its relevance in the dynamics of virulence.

**Keywords:** *Ralstonia solanacearum*, *phcA*, single nucleotide polymorphisms, evolution, synonymous, non-synonymous.

### 3. INTRODUCCIÓN

*Ralstonia solanacearum* es una bacteria Gram-negativa altamente patógena que infecta a más de 200 especies vegetales, incluidas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas. Entre estas se encuentran cultivos de alto valor económico, como plátano, banano, papa y tomate (Álvarez et al., 2010). Esta bacteria puede persistir en diversos hábitats naturales, como aguas superficiales y diferentes tipos del suelo, donde actúa como saprófita hasta colonizar un nuevo hospedero susceptible (Paudel et al., 2020). Esta capacidad de adaptación ecológica compromete la eficacia de las estrategias de control y facilita su diseminación en zonas agrícolas.

La infección en las plantas se produce a través de heridas radiculares o en zonas de crecimiento activo. Una vez en el interior, la bacteria coloniza el sistema vascular, especialmente los vasos del xilema, lo que induce síntomas de marchitez (De Pedro Jové et al., 2021). Esta sintomatología está asociada con la producción de polisacáridos extracelulares (EPS), los cuales obstruyen el flujo de agua en los tejidos conductores (Genin et al., 2005).

Según los estudios de Genin y Boucher (2004) la expresión de los factores de virulencia en *R. solanacearum* está controlada por una compleja red reguladora que responde a las condiciones ambientales, la presencia de células hospedadoras y la densidad bacteriana. Dentro de estos mecanismos, PhcA codifica un regulador transcripcional de tipo LysR, cuya actividad depende del sistema de detección por *quorum sensing* (QS). Este sistema, a su vez, se controla por la molécula autoinductora específica, el éster metílico del ácido 3-hidroxipalmitico (3-OH PAME), un compuesto que se produce durante la acumulación de la población bacteriana (Peeters et al., 2013).

La dinámica del sistema regulador PhcA se caracteriza por su inactividad durante las etapas iniciales de la infección, fase en la que la motilidad flagelar y la secreción tipo III (TTSS) son determinantes para la colonización. Conforme la población bacteriana alcanza altas densidades celulares, se activa PhcA, lo que induce la síntesis de EPS y

simultáneamente reprime la expresión de genes asociados a la virulencia aguda. Este cambio transcripcional favorece la obstrucción vascular y el posterior colapso de los tejidos vegetales (Yoshimochi et al., 2008).

En el contexto del desarrollo agrícola, Ecuador se posiciona como uno de los principales exportadores de musáceas a nivel global, lo que convierte a este sector en una actividad estratégica para la economía nacional. De acuerdo con el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (2010), la producción bananera contribuye con el 3,84 % al Producto Interno Bruto (PIB) total del país, representa el 50 % del PIB agrícola y genera el 20 % de las exportaciones privadas. Además, este cultivo constituye una fuente relevante de empleo para la población, lo que refuerza su papel en la seguridad económica y social de Ecuador.

Sin embargo, la sostenibilidad de las plantaciones bananeras se han visto afectadas por la enfermedad del moko, lo que ha impactado significativamente en la productividad y en la calidad del cultivo. Esta patología, ocasionada por la bacteria fitopatógena *R. solanacearum* raza 2, genera importantes pérdidas económicas y afecta de manera directa la estabilidad del sistema agrícola nacional.

La investigación científica en Ecuador ha experimentado una evolución progresiva en el estudio de *R. solanacearum*. Desde el primer reporte de Delgado et al. (2014), que documentó la detección de este patógeno mediante diagnóstico molecular por PCR utilizando los marcadores OLI-1/Y-2, Ps-1/Ps-2 y 759/760, hasta la actualidad, con la disponibilidad de siete genomas de cepas ecuatorianas disponibles en el repositorio National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Los genomas constituyen un recurso fundamental para comprender los procesos evolutivos y la alta diversidad genética de las especies. La cepa GMI1000 fue la primera en ser secuenciada completamente; posteriormente, se publicaron numerosos genomas de cepas aisladas de diferentes hospedadores y regiones geográficas, lo que ha incrementado la información disponible en la base de datos del NCBI y facilita el estudio

poblacional del patógeno (Paudel et al., 2020). Lo más importante aún, destaca la enorme posibilidad de variación presente en este complejo de especies (Liu et al., 2022).

Considerando lo anterior, las secuencias de cepas ecuatorianas representan un recurso clave para analizar el comportamiento poblacional, las adaptaciones locales y las posibles implicaciones en los ámbitos agrícolas. Además, esta información proporciona una perspectiva más precisa y contextualizada del panorama epidemiológico de la bacteria en el país.

En Ecuador no se dispone de estudios filogenéticos que analicen el gen *phcA* en cepas locales de *R. solanacearum*. Se desconoce si estas cepas presentan variantes únicas del gen *phcA*, si tales diferencias tienen implicaciones funcionales en los niveles de virulencia o si se relacionan con factores como la distribución geográfica o el tipo de cultivo hospedero. La ausencia de esta información limita el diseño de estrategias de manejo basadas en características genéticas del patógeno.

Es importante destacar que, previamente, no se han desarrollado estudios que evalúen esta región reguladora en cepas nacionales de *R. solanacearum*. En la literatura científica se han enfocado en la funcionalidad del gen; por ejemplo, se ha demostrado que la pérdida de la función de *PhcA* favorece la adaptación de la bacteria en ambientes ácidos (Liu et al., 2022).

Por ello, el presente estudio analizará la variabilidad genética del gen *PhcA* en genomas de cepas ecuatorianas e internacionales (Brasil, Colombia, Perú, Caribe, Filipinas, Estados Unidos, China y Corea del Sur) registradas en el NCBI y correspondientes a distintos filotipos. Mediante la búsqueda de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) se identificará la variación en la secuencia de ADN entre individuos de una misma especie. La recopilación de estos SNPs permitirá la construcción de árboles filogenéticos, los cuales constituyen herramientas analíticas fundamentales para examinar las relaciones evolutivas entre cepas de *R. solanacearum* (Steiner et al., 2014). Este análisis situará la diversidad genética local en un contexto global y permitirá evaluar si las

variantes ecuatorianas difieren funcional o estructuralmente de aquellas reportadas en otros países productores de musáceas.

Finalmente, la investigación contribuirá a la originalidad académica mediante el primer análisis comparativo del gen *phcA* en cepas ecuatorianas de *R. solanacearum*, integrando un enfoque de filogenia y genética de poblaciones que fortalecerá las capacidades locales y sentará las bases para futuras líneas de investigación.

## 4. OBJETIVOS

### OBJETIVO GENERAL:

Comparar la filogenia del gen *phcA* en cepas ecuatorianas de *Ralstonia solanacearum* mediante la identificación de polimorfismos de nucleótido único (SNPs), con el fin de determinar variaciones en la secuencia de ADN entre individuos de una misma especie.

### OBJETIVOS ESPECÍFICOS:

- a) Identificar los SNPs presentes en el gen *phcA* de cepas ecuatorianas e internacionales.
- b) Analizar las relaciones filogenéticas de las cepas ecuatorianas e internacionales de *R. solanacearum* a partir de las secuencias del gen *phcA*.

## 5. MATERIALES Y MÉTODOS

### 5.1 TIPO DE ESTUDIO

El estudio se llevó a cabo mediante un enfoque *in silico*, y se centró en el análisis comparativo del gen *phcA* en cepas de *R. solanacearum* originarias de Ecuador. Se utilizaron herramientas bioinformáticas avanzadas para procesar secuencias genómicas disponibles en la base de datos del NCBI. El diseño de la investigación fue de tipo descriptivo, exploratorio y comparativo, de carácter no experimental.

### 5.2 SELECCIÓN DE CEPAS Y OBTENCIÓN DE SECUENCIAS GENÓMICAS

La búsqueda de genomas se realizó en el repositorio del NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Inicialmente, se seleccionó la opción "All Databases" y se utilizó la cadena de búsqueda: "*Ralstonia solanacearum* [Organism] AND Ecuador [All Fields]", modificando únicamente el nombre del país según la región de interés.

Posteriormente, se accedió a la sección BioProject, donde se seleccionaron exclusivamente las entradas cuyo nivel de ensamblaje correspondía a "Chromosome" o "Complete genome", con el objetivo de garantizar la calidad y comparabilidad de las secuencias. Las secuencias seleccionadas se descargaron en formato FASTA.

En total, se seleccionaron 28 cepas aisladas de diversas especies vegetales, principalmente de *Musa spp.* (plátano y banano), dada su importancia agrícola y económica. La muestra incluyó seis cepas de Ecuador; veinte cepas representativas de China, Colombia, Perú, Estados Unidos, Filipinas y el Caribe; y una cepa de referencia internacional (IBSBF1503), obtenida del repositorio del NCBI y aislada en Brasil. Adicionalmente, se incorporó una cepa de *Ralstonia syzygii* (NZ\_CP174148.1). Los datos detallados sobre el hospedero y el país de aislamiento de cada cepa se presentan en la Tabla 1.

## 5.2 IDENTIFICACIÓN DEL GEN *PHCA* EN GENOMAS COMPLETOS DE *R. solanacearum*.

Para identificar el gen *phcA* en los genomas completos seleccionados, se utilizó como referencia la secuencia con número de acceso AF184046.1 del NCBI, correspondiente a un regulador transcripcional putativo con dominio de unión al ADN (*phcA*) de *R. solanacearum*. Esta secuencia presenta una longitud de 1044 pares de bases, localizadas entre las posiciones 133 y 1176 del registro GenBank. Se utilizó la herramienta Nucleotide BLAST (BLASTn), la cual permitió localizar regiones homólogas al gen de referencia en cada uno de los genomas previamente seleccionados. Las secuencias correspondientes fueron extraídas en formato FASTA para su posterior alineamiento.

## 5.3 ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS Y ANÁLISIS DE VARIANTES TIPO SNPs

Las secuencias obtenidas fueron alineadas utilizando el software Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA), mediante la función “Align by ClustalW”. El alineamiento se exportó en formato FASTA con el objetivo de conservar el marco de lectura abierto (ORF) y facilitar la detección precisa de variaciones nucleotídicas entre los aislados.

Posteriormente, el archivo alineado fue importado en el software Geneious Prime® (Kearse et al., 2012), donde se empleó la herramienta “Find Variations/SNPs” para identificar SNPs. Esta función generó una tabla con la posición de cada variante, el nucleótido mutado y su localización dentro del alineamiento. A partir de esta tabla, se seleccionaron los SNPs mutados y se analizaron en detalle los codones afectados, permitiendo visualizar los cambios a nivel de la secuencia codificante.

Adicionalmente, se utilizó Google Colab (Google Research, 2023) como entorno computacional para el procesamiento de los datos. Se desarrollaron scripts en Python que permitieron extraer y organizar la información en una tabla estructurada, la cual incluyó las siguientes variables: posición del SNP, codón de referencia y mutado, aminoácido

correspondiente, tipo de mutación (sinónima o no sinónima), y la cepa en la que se detectó la variante.

Cada variante fue evaluada en función de su impacto sobre la secuencia de aminoácidos. Se clasificaron como sinónimos los SNPs que no produjeron cambios en el aminoácido codificado, y como no sinónimos aquellos que generaron un cambio en el residuo aminoacídico, lo que podría implicar alteraciones funcionales en la proteína resultante.

#### **5.4 ANÁLISIS FILOGENÉTICO BASADO EN MÁXIMA VEROSIMILITUD**

La construcción del árbol filogenético se llevó a cabo mediante el método de máxima verosimilitud (Maximum Likelihood, ML) en el software MEGA X, empleando el modelo de sustitución Tamura-Nei. Para evaluar la robustez de los agrupamientos, se realizó un análisis de bootstrap con 1000 réplicas, considerando valores de soporte iguales o superiores al 70 % como estadísticamente confiables. Los agrupamientos obtenidos fueron interpretados con base en el origen geográfico de las cepas, su filotipo y las características genéticas compartidas.

#### **5.5 VALIDACIÓN Y CONTROL DE CALIDAD DE LOS DATOS**

La calidad y confiabilidad de los datos se garantizó mediante la utilización de secuencias provenientes del repositorio RefSeq Assembly (RefSeq), las cuales han sido curadas para asegurar su precisión. Se excluyeron secuencias parciales o con bajo nivel de ensamblaje, y todos los análisis se realizaron exclusivamente sobre regiones genómicas bien conservadas.

## 6. RESULTADOS Y DISCUSIONES

### 6.1 IDENTIFICACIÓN DE SNPs EN LA REGIÓN CODIFICANTE DEL GEN *phcA* EN CEPAS LOCALES E INTERNACIONALES

Los datos obtenidos en este estudio confirman la ausencia de polimorfismos en la región codificante de *phcA* en 15 cepas aisladas de plantas del género *Musa* (musáceas) procedentes de Ecuador, Brasil, Colombia y Perú, incluida la cepa de referencia IBSBF1503 (*Cucumis sativus*, Brasil). Esta alta conservación se debe principalmente que el gen *phcA* es fundamental para el sistema de patogenicidad y virulencia de *R. solanacearum* durante la infección en las plantas. Kai (2023) confirma que el gen controla la expresión de aproximadamente el 30 % del transcriptoma bacteriano. Además, Su et al. (2020) identificaron a *phcA* como uno de los once genes exclusivos dentro de un conjunto de 465 genes esenciales presentes en distintas variantes del complejo de especies *Ralstonia solanacearum* (RSSC). Los genes esenciales son indispensables para el funcionamiento adecuado de los procesos celulares en los organismos. Debido a esta función son fundamentales para la viabilidad celular (Luo et al., 2015).

Por el contrario, la alta conservación del gen *phcA* en las cepas ecuatorianas podría reflejar una función estabilizada en su nicho ecológico local, posiblemente asociada a una adaptación específica a hospederos como *Musa* spp. cultivados en el país. Esta observación coincide con estudios previos sobre fitopatógenos, en los que se ha reportado que ciertos genes reguladores esenciales presentan una menor diversidad genética en regiones ecológicamente homogéneas (Molinari y Quintana, 2025).

En el análisis de SNPs se identificaron un total de 99 posiciones con variantes sinónimas y 13 con variantes no sinónimas. Las mutaciones no sinónimas producen un cambio en el aminoácido codificado, mientras que las sinónimas implican una sustitución de nucleótido sin alterar la secuencia proteica resultante. En la Tabla 2 se observa que en la posición 185 del gen, cuyo codón de referencia es GGC (glicina, G), se identificaron dos variantes: CGC, presente en ocho cepas, que origina un cambio de glicina (G) a arginina

(R); y CAC, detectada en dos cepas, que genera un cambio de glicina (G) a histidina (H). Por otra parte, en la posición 306, el codón TCC (serina, S) fue reemplazado de manera recurrente por GCC (alanina, A) en las 13 cepas analizadas. En cuanto a las variantes sinónimas, la más frecuente fue la sustitución del codón TTG por CTG, ambos codificantes para leucina (L), como se detalla en la Tabla 3.

De acuerdo con la literatura científica, los codones que se conservan en regiones funcionales suelen desempeñar un papel clave en la estabilidad estructural y funcional de las proteínas. Por ello, cuando se presentan mutaciones en estas posiciones, como ocurre en *phcA*, puede producir efectos que alteran la virulencia bacteriana. En un estudio realizado por Poussier et al. (2003), demostraron que las mutaciones en este gen desencadenan un cambio en el fenotipo bacteriano, conocido como conversión fenotípica, caracterizada por la transición del estado mucoide a un estado no mucoide. Aproximadamente el 50 % de los mutantes que presentaron este fenotipo mostraron alteraciones en *phcA*, lo cual redujo su capacidad para sintetizar EPS. Esta reducción compromete la capacidad de la bacteria para inducir la marchitez en las plantas hospedadoras, una de las manifestaciones más severas de la enfermedad.

Aunque la pérdida de función del gen *phcA* reduce la virulencia en *R. solanacearum*, diversos estudios han señalado que esta mutación puede estar asociada a la aparición de otros fenotipos, como necrosis en tallos o retraso en el desarrollo de la planta hospedera. Además, ciertas cepas no patogénicas muestran ventajas adaptativas, como una mayor motilidad y la capacidad de persistir en nichos ambientales ricos en materia orgánica, incluyendo suelos y residuos vegetales, lo cual sugiere un posible comportamiento saprofito. Tal como lo demuestran los resultados de Peyraud et al. (2016) una cepa avirulenta con mutación en el gen *phcA* fue capaz de metabolizar 17 sustratos adicionales en comparación con la cepa silvestre. Este hallazgo sugiere que la pérdida de virulencia puede conferir una mayor versatilidad metabólica, posiblemente debido a una redistribución de recursos energéticos al no invertirse en mecanismos asociados a la patogenicidad. En

esta línea, Liu et al. (2022) evidenciaron que la inactivación del gen *phcA* otorgó a *R. solanacearum* la capacidad de sobrevivir bajo condiciones de estrés ácido, permitiéndole crecer en medios con un pH inferior a 5 en contraste con cepas silvestres funcionales que no mostraban esta tolerancia.

Perach et al. (2021) indican que la redundancia del código genético permite que varios codones diferentes codifiquen para un mismo aminoácido. No obstante, el uso de estos codones sinónimos no es aleatorio, sino que responde a un sesgo específico en cada organismo, lo que puede influir en procesos como la eficiencia de traducción o el plegamiento correcto de las proteínas. En este sentido, las sinónimas, aunque no modifiquen la secuencia de aminoácidos, pueden generar efectos funcionales sutiles a nivel celular. Este tipo de variantes puede reducir la aptitud del organismo, incluso en un margen del 1 %.

Por otro lado, las mutaciones no sinónimas suelen asociarse con un mayor impacto sobre la aptitud del organismo, ya que alteran directamente la secuencia de aminoácidos. Sin embargo, se han reportado que en la mayoría de los casos, las variantes sinónimas son más frecuentes que las no sinónimas. Este patrón también se refleja en los resultados obtenidos en el presente estudio, donde se identificó un mayor número de variantes sinónimas en comparación con las no sinónimas dentro de la región codificante del gen *phcA*. Cabe destacar que tanto las mutaciones sinónimas como las no sinónimas pueden influir en la expresión del ARNm y, en consecuencia, en la funcionalidad del microorganismo. Esto respalda la noción de que ambos tipos de SNPs, aunque con mecanismos distintos, pueden generar efectos biológicos relevantes (Shen et al., 2022).

Otro aspecto relevante es la naturaleza de los aminoácidos afectados por las mutaciones. Aquellos clasificados como conservados, por compartir propiedades fisicoquímicas similares como la hidrofobicidad, el tamaño o la carga, suelen generar un impacto menor en la función de la proteína (Herrgard et al., 2003). En cambio, las sustituciones que involucran aminoácidos no conservados pueden alterar

significativamente la estructura tridimensional o la actividad de la proteína (Zhang, 2000). Por esta razón, sería recomendable llevar a cabo un análisis más profundo para identificar cuáles de los aminoácidos presentes en la secuencia del gen *phcA* y cómo las mutaciones detectadas podrían influir en su actividad reguladora.

## 6.2 FILOGENIA DE AISLADOS DE *Ralstonia solanacearum*

Los resultados filogenéticos obtenidos mediante el método de máxima verosimilitud (ML) respaldan el patrón evolutivo observado en los análisis anteriores, como se muestra en la Figura 1, al evidenciar las relaciones entre las cepas de *R. solanacearum* a partir de las secuencias del gen *phcA*. La cepa NZ\_CP174148.1, correspondiente a *Ralstonia syzygii* y originaria de Indonesia, fue empleada como taxón externo (*outgroup*), debido a su relación evolutiva distante con respecto a los demás aislamientos analizados. Esta especie no forma parte del complejo de especies *Ralstonia solanacearum* (RSSC). Según el análisis fenotípico, *R. syzygii* pertenece al filotipo IV y se caracteriza por su distribución geográfica en el Sudeste Asiático, donde ha sido clasificada en función de biovares y otros rasgos distintivos (Paudel et al., 2020).

En el clado correspondiente a las cepas sudamericanas, se agrupan principalmente aislados provenientes de Ecuador, Brasil, Perú y Colombia, obtenidos en su mayoría de hospedadores pertenecientes a las familias Musaceae (plátano y banano) y Cucurbitaceae (pepino), los cuales representan aproximadamente el 99 % del total analizado. Estas cepas comparten un nodo común, por lo que se consideran taxones hermanos, lo que refleja una estrecha relación genética entre ellas. Esta cercanía filogenética podría estar asociada tanto a la similitud de los hospedadores como a la proximidad geográfica. Cabe señalar que las plantas del género *Musa* cultivadas en América del Sur son en su mayoría, clones, lo que implica que poseen una composición genética altamente homogénea (Reina et al., 2024).

En el subclado interno que agrupa a las cepas colombianas UA-1579 y UA-1609, se observa que estas conforman un par de taxones hermanos, lo cual indica una relación evolutiva particularmente cercana. Esta proximidad puede explicarse por la presencia de un único polimorfismo en la secuencia del gen *phcA*. En contraste, las cepas UA-1611 y UA-1612, también provenientes de Colombia, se ubican en un nodo diferente del árbol filogenético, más alejado del grupo anterior. No obstante, ambas comparten un nodo interno entre sí, lo que sugiere que están más estrechamente relacionadas entre ellas que con las otras cepas colombianas. Además, se identificó que este par de cepas presenta una relación filogenética cercana con la cepa BA7, aislada en el Caribe, al formar un grupo de taxones hermanos, lo cual podría indicar un origen común o eventos evolutivos compartidos.

Ramírez et al. (2019) señalan que *R. solanacearum* es una bacteria altamente compleja y diversa. Esta diversidad se manifiesta en distintos niveles, incluyendo la amplitud de hospedadores, la distribución geográfica, la variabilidad en la patogenicidad y las diferencias genéticas. Estos factores son fundamentales para comprender los procesos evolutivos dentro del complejo RSSC. En este contexto, es importante destacar que, en nuestra investigación, las cepas colombianas no se agruparon dentro del mismo nodo interno, lo cual podría explicarse por las adaptaciones específicas que han desarrollado en función del hospedador, del sustrato al que pertenecen y de la zona agroecológica de origen. Un aspecto relevante a considerar es que las reintroducciones del patógeno en diferentes regiones podrían haber contribuido a la diferenciación ecológica observada entre las cepas colombianas.

Cabe destacar que los clados con mayor valor de soporte bootstrap (100 %) corresponden a las cepas EP1 y FJAT15249.F50 (China, Solanaceae), junto con T51 (Corea del Sur, Solanaceae). Este agrupamiento altamente robusto podría atribuirse al elevado número de variantes de un solo nucleótido identificadas, especialmente en la cepa EP1, que presentó un total de 87 posiciones polimórficas. Le siguen FJAT15249.F50 y T51,

con 86 y 83 posiciones respectivamente. Las mutaciones detectadas comprenden tanto variantes sinónimas como no sinónimas. En Asia se ha demostrado que *R. solanacearum* es un patógeno endémico que ha evolucionado progresivamente debido al contacto constante con múltiples hospedadores y a la diversidad de condiciones ambientales. En particular, en China, el control de la marchitez bacteriana se ha visto dificultado por la elevada diversidad genética de las cepas circulantes, las cuales pertenecen al filotipo I (Geng et al., 2022).

Por otro lado, se ha establecido que *R. solanacearum* se divide en cuatro filotipos principales, los cuales corresponden a su origen geográfico. El filotipo I (*Ralstonia pseudosolanacearum*) agrupa cepas asiáticas; el filotipo II (*R. solanacearum*), cepas originarias de América; el filotipo III corresponde a cepas africanas; y el filotipo IV, (*R. syzygii*) presente en el sudeste asiático. Cabe señalar que las cepas ecuatorianas utilizadas en este estudio han sido recientemente incorporadas a la base de datos del NCBI, por lo que aún no cuentan con una asignación filotípica definida; sin embargo, han sido clasificadas como raza 2.

Dentro del filotipo II, se reconocen dos subgrupos: IIA y IIB. La principal diferencia entre ambos radica en su diversidad genética, rango de hospedadores y nivel de patogenicidad. El subgrupo IIB es el más predominante en América del Sur, lo cual coincide con estudios previos sobre su amplia distribución y agresividad en esta región.

Finalmente, este estudio abre la posibilidad de desarrollar futuras investigaciones orientadas a la validación funcional de los SNPs identificados, mediante ensayos de expresión génica, mutagénesis dirigida y experimentos in planta. Estos podrían complementarse con enfoques transcriptómicos o epigenómicos que permitan esclarecer los mecanismos de regulación del sistema Phc, como lo sugieren investigaciones recientes en patología vegetal integrativa (Rotty, 2020).

## 7. CONCLUSIONES

1. El gen *phcA* presentó un 97 % de identidad entre las cepas analizadas, lo que indica una alta similitud en su secuencia codificante. Este hallazgo refuerza su rol como regulador maestro en la patogenicidad y virulencia de *R. solanacearum*, especialmente por su participación en la síntesis de EPS durante el proceso de infección.
2. Las variantes sinónimas también pueden afectar la aptitud del organismo, a pesar de no modificar la secuencia de aminoácidos. Además, son las más frecuentes dentro de una región codificante del ADN. En cambio, las variantes no sinónimas fueron menos numerosas, tienen el potencial de alterar funciones esenciales, como la expresión o actividad del gen *phcA*.
3. En el análisis filogenético se observó que el gen *phcA* permanece altamente conservado en las cepas Sudamericanas. Esta homogeneidad genética podría estar vinculada al cultivo clonal de musáceas, lo que conlleva una baja variabilidad entre individuos. En contraste, las cepas de Asia mostraron mayor diversidad genética, lo cual se atribuye a que *R. solanacearum* es endémica en esta región y ha coevolucionado con múltiples hospedadores y ambientes diversos.
4. La pérdida de funcionalidad del gen *phcA* debido a una mutación reduce la virulencia de *R. solanacearum*, al disminuir la producción de EPS necesarios para la infección del hospedador. No obstante, un *phcA* inactivo también confiere ventajas adaptativas, como mayor motilidad bacteriana y capacidad de supervivencia en condiciones de estrés ácido (pH < 5).
5. En conjunto, estos hallazgos resaltan la relevancia funcional de los SNPs en la dinámica evolutiva del patógeno, así como su papel en la adaptación a distintos nichos ecológicos.
6. La complejidad taxonómica de *R. solanacearum* ha dificultado el control eficaz de la enfermedad, debido a su elevada diversidad genética y clasificación jerárquica. Dentro del complejo de especies RSSC, las cepas se agrupan por filotipos, subfilotipos y

sequevar. Cada linaje porta variantes únicas de genes asociados con la virulencia y el metabolismo, lo que complica su tipificación y diagnóstico.

7. Aunque se han propuesto diversas estrategias para el manejo de la marchitez bacteriana, aún son escasos los estudios centrados en comprender su diversidad genética. Esta comprensión es crucial para interpretar cómo influyen en los factores geográficos y ambientales en la evolución, diseminación y patogenicidad del patógeno.
8. Sería necesario desarrollar estudios que permitan identificar si los aminoácidos afectados por los SNPs alteran la funcionalidad de las proteínas implicadas en la red reguladora del sistema PhcA, contribuyendo así a una mejor comprensión de los mecanismos de patogenicidad de *R. solanacearum*.

## 8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ailloud, F., Lowe, T., Cellier, G., Roche, D., Allen, C. y Prior, P. (2015). Comparative genomic analysis of *Ralstonia solanacearum* reveals candidate genes for host specificity. *BMC Genomics*, 16(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1474-8>
- Álvarez, B., Biosca, E. G. y López, M. M. (2010). On the life of *Ralstonia solanacearum*, a destructive bacterial plant pathogen. En A. Méndez-Vilas (Ed.), *Current research, technology and education topics in applied microbiology and microbial biotechnology* (pp. 267–279). Formatex.
- Bailey, T. L., Johnson, J., Grant, C. E. y Noble, W. S. (2015). The MEME suite. *Nucleic Acids Research*, 43(W1), W39-W49. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv416>
- Beutler, J., Holden, S., Georgoulis, S., Williams, D., Norman, D. y Lowe-Power, T. (2022). Phylogenetic and phenotypic analysis of five subgroups of *Ralstonia solanacearum* phylotype IIB sequevar 4 reveals that the “not pathogenic to banana (NPB)” ecotype is polyphyletic. *BioRxiv*, 2022.04.20.488689. <https://doi.org/10.1101/2022.04.20.488689>
- Castillo, J. A. y Agathos, S. N. (2019). A genome-wide scan for genes under balancing selection in the plant pathogen *Ralstonia solanacearum*. *BMC Evolutionary Biology*, 19(1), 123. <https://doi.org/10.1186/S12862-019-1456-6>
- Delgado, R., Morillo, E., Buitrón, J., Bustamante, A. y Sotomayor, I. (2014). First report of Moko disease caused by *Ralstonia solanacearum* race 2 in plantain (*Musa AAB*) in Ecuador. *New Disease Reports*, 30(1), 23. <https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2014.030.023>
- García, R., Kerns, J. y Thiessen, L. (2019). *Ralstonia solanacearum* species complex: A quick diagnostic guide. *Plant Health Progress*, 20(1), 7–13. <https://doi.org/10.1094/PHP-04-18-0015-DG>
- Geng, R., Cheng, L., Cao, C., Liu, Z., Liu, D., Xiao, Z., Wu, X., Huang, Z., Feng, Q., Luo, C., Chen, Z., Zhang, Z., Jiang, C., Ren, M. y Yang, A. (2022). Comprehensive Analysis Reveals

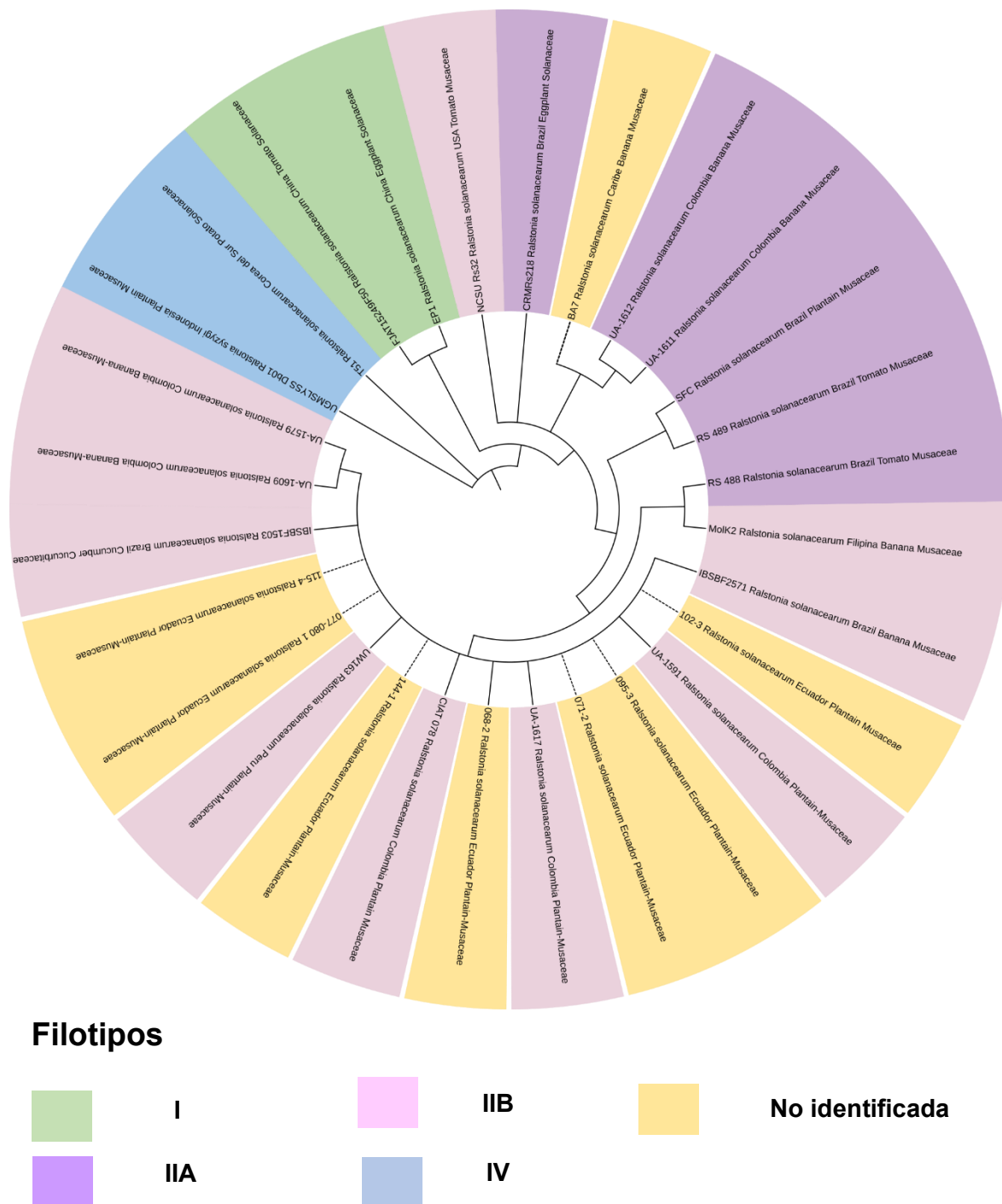
- the Genetic and Pathogenic Diversity of *Ralstonia solanacearum* Species Complex and Benefits Its Taxonomic Classification. *Frontiers In Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.854792>
- Genin, S., Brito, B., Denny, T. y Boucher, C. (2005). Control of the *Ralstonia solanacearum* Type III secretion system (Hrp) genes by the global virulence regulator PhcA. *FEBS Letters*, 579(10), 2077–2081. <https://doi.org/10.1016/j.febslet.2005.02.058>
- Gutarra, L., Herrera, J., Fernandez, E., Kreuze, J. y Lindqvist-Kreuze, H. (2017). Diversity, Pathogenicity, and Current Occurrence of Bacterial Wilt Bacterium *Ralstonia solanacearum* in Peru. *Frontiers In Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01221>
- Herrgard, S., Cammer, S. A., Hoffman, B. T., Knutson, S., Gallina, M., Speir, J. A., Fetrow, J. S. y Baxter, S. M. (2003). Prediction of deleterious functional effects of amino acid mutations using a library of structure-based function descriptors. *Proteins Structure Function And Bioinformatics*, 53(4), 806-816. <https://doi.org/10.1002/prot.10458>
- Horita, M. y Tsuchiya, K. (2001). Genetic Diversity of Japanese Strains of *Ralstonia solanacearum*. *Phytopathology*, 91(4), 399-407. <https://doi.org/10.1094/phyto.2001.91.4.399>
- Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP). (2010). *Banano, plátano y otras musáceas*. <https://www.iniap.gob.ec/banano-platano-y-otras-musaceas/>
- Kai, K. (2023). The phc Quorum-Sensing System in *Ralstonia solanacearum* Species Complex. *Annual Review Of Microbiology*, 77(1), 213-231. <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-032521-030537>
- Liu, Y., Tan, X., Pan, Y., Yu, J., Du, Y., Liu, X. y Ding, W. (2022). Mutation in *phcA* Enhanced the Adaptation of *Ralstonia solanacearum* to Long-Term Acid Stress. *Frontiers In Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.829719>

- Lowe, T. M., Khokhani, D. y Allen, C. (2018). How *Ralstonia solanacearum* Exploits and Thrives in the Flowing Plant Xylem Environment. In *Trends in Microbiology* (Vol. 26, Issue 11, pp. 929–942). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.06.002>
- Luo, H., Gao, F. y Lin, Y. (2015). Evolutionary conservation analysis between the essential and nonessential genes in bacterial genomes. *Scientific Reports*, 5(1). <https://doi.org/10.1038/srep13210>
- Mandal, M., Chanu, K. y Chaurasia, N. (2020). Cyanobacterial pigments and their fluorescence characteristics: applications in research and industry. In *Advances in Cyanobacterial Biology* (pp. 55–72). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819311-2.00005-X>
- Paudel, S., Dobhal, S., Alvarez, A. M. y Arif, M. (2020). Taxonomy and Phylogenetic Research on *Ralstonia solanacearum* Species Complex: A Complex Pathogen with Extraordinary Economic Consequences. *Pathogens*, 9(11), 886. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110886>
- Peeters, N., Guidot, A., Vailliau, F. y Valls, M. (2013). Pathogen profile *Ralstonia solanacearum*, a widespread bacterial plant pathogen in the post-genomic era. *Molecular Plant Pathology*, 14(7). <https://doi.org/10.1111/mpp.12038>
- Perach, M., Zafir, Z., Tuller, T. y Lewinson, O. (2021). Identification of conserved slow codons that are important for protein expression and function. *RNA Biology*, 18(12), 2296-2307. <https://doi.org/10.1080/15476286.2021.1901185>
- Perrier, A., Peyraud, R., Rengel, D., Barlet, X., Lucasson, E., Gouzy, J., Peeters, N., Genin, S. y Guidot, A. (2016). Enhanced in planta Fitness through Adaptive Mutations in EfpR, a Dual Regulator of Virulence and Metabolic Functions in the Plant Pathogen *Ralstonia solanacearum*. *PLOS Pathogens*, 12(12), e1006044. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PPAT.1006044>

- Peyraud, R., Cottret, L., Marmiesse, L., Gouzy, J. y Genin, S. (2016). A Resource Allocation Trade-Off between Virulence and Proliferation Drives Metabolic Versatility in the Plant Pathogen *Ralstonia solanacearum*. *PLoS Pathogens*, 12(10), e1005939. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005939>
- Poussier, S., Thoquet, P., Trigalet-Demery, D., Barthet, S., Meyer, D., Arlat, M. y Trigalet, A. (2003). Host plant-dependent phenotypic reversion of *Ralstonia solanacearum* from non-pathogenic to pathogenic forms via alterations in the *phcA* gene. *Molecular Microbiology*, 49(4), 991-1003. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2003.03605.x>
- Ramírez, M., Moncada, R. N., Villegas-Escobar, V., Jackson, R. W. y Ramírez, C. A. (2019). Phylogenetic and pathogenic variability of strains of *Ralstonia solanacearum* causing moko disease in Colombia. *Plant Pathology*, 69(2), 360-369. <https://doi.org/10.1111/ppa.13121>
- Reina, A. M. V., Avila, F. A. S., Aviles, D. F. V. y Herrera-Feijoo, R. J. (2024). Biological Indicators of Resilience in Mixed and Monoculture Musaceae Production Systems. *Revista de Gestão Social E Ambiental*, 18(2), e06912. <https://doi.org/10.24857/rgsa.v18n2-148>
- Santiago, T., Lopes, C., Caetano, G. y Mizubuti, E. (2019). *Genetic structure of Ralstonia solanacearum and Ralstonia pseudosolanacearum in Brazil.*
- Shen, X., Song, S., Li, C. y Zhang, J. (2022). Synonymous mutations in representative yeast genes are mostly strongly non-neutral. *Nature*, 606(7915), 725-731. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04823-w>
- Su, Y., Xu, Y., Li, Q., Yuan, G. y Zheng, D. (2020b). The essential genome of *Ralstonia solanacearum*. *Microbiological Research*, 238, 126500. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126500>
- Vailleau, F. y Genin, S. (2023). *Ralstonia solanacearum*: An Arsenal of Virulence Strategies and Prospects for Resistance. *Annual Review Of Phytopathology*, 61(1), 25-47. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-021622-104551>

- Vallejos-Vidal, E., Reyes-Cerpa, S., Rivas-Pardo, J. A., Maisey, K., Yáñez, J. M., Valenzuela, H., Cea, P. A., Castro-Fernandez, V., Tort, L., Sandino, A. M., Imarai, M. y Reyes-López, F. E. (2020). Single-Nucleotide Polymorphisms (SNP) Mining and Their Effect on the Tridimensional Protein Structure Prediction in a Set of Immunity-Related Expressed Sequence Tags (EST) in Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Frontiers In Genetics*, 10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01406>
- Yang, Q., Gao, J., He, W., Dou, T., Ding, L., Wu, J., Li, C., Peng, X., Zhang, S. y Yi, G. (2015). Comparative transcriptomics analysis reveals difference of key gene expression between banana and plantain in response to cold stress. *BMC Genomics*, 16(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1551-z>
- Yoshimochi, T., Hikichi, Y., Kiba, A. y Ohnishi, K. (2009). The global virulence regulator PhcA negatively controls the *Ralstonia solanacearum* hrp regulatory cascade by repressing expression of the PrhIR signaling proteins. *Journal of Bacteriology*, 191(10), 3424–3428. <https://doi.org/10.1128/JB.01113-08>
- Zhang, J. (2000). Rates of Conservative and Radical Nonsynonymous Nucleotide Substitutions in Mammalian Nuclear Genes. *Journal Of Molecular Evolution*, 50(1), 56-68. <https://doi.org/10.1007/s002399910007>

## 9. FIGURAS



**Figura 1. Árbol filogenético construido por el método de máxima verosimilitud (ML) a partir de las secuencias del gen *phcA* de cepas de *Ralstonia solanacearum*. El análisis se realizó en MEGA X con 1000 réplicas de bootstrap. Los colores indican los filotipos y regiones geográficas: verde para filotipo I (Asia), morado para filotipo IIA (América del Sur), rosado para filotipo IIB (América del Sur, América del Norte y Asia), azul para filotipo IV (Asia), y amarillo para cepas sin clasificación filotípica confirmada.**

## 10. TABLAS

**Tabla 1. Secuencias completas de *R. solanacearum***

Especie	Cepa	Hospedador	País	Bioproyecto	Ensamblaje
<i>Ralstonia solanacearum</i>	IBSBF1503	Pepino	Brazil	PRJNA297402	ASM158715v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1609	Banana	Colombia	PRJNA503606	ASM386076v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1617	Plátano	Colombia	PRJNA503606	ASM386074v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1579	Banana	Colombia	PRJNA503606	ASM386072v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1591	Plátano	Colombia	PRJNA503606	ASM386070v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1611	Banana	Colombia	PRJNA503606	ASM386068v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UA-1612	Banana	Colombia	PRJNA503606	ASM386066v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	CIAT_078	Plátano	Colombia	PRJNA608676	ASM1256246v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	IBSBF1503	Pepino	Brasil	PRJNA297402	ASM158715v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	BSBF 2571	Banana	Brasil	PRJNA431203	ASM359060v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	SFC	Platano	Brasil	PRJNA430893	ASM359062v2

---

<i>Ralstonia solanacearum</i>	RS 489	Tomate	Brasil	PRJNA388980	ASM254981v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	CRMRS218	Berenjena	Brasil	PRJNA388860	ASM361297v2
<i>Ralstonia solanacearum</i>	RS 48	Tomate	Brasil	PRJNA388430	ASM250156v1
<i>Ralstonia pseudosolanacearum</i>	EP1	berenjena	China	PRJNA288736	ASM189110v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	UW16	Platano	Peru	PRJNA297400	ASM158713v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	T51	Papa	Corea del Sur	PRJNA396777	ASM351514v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	NCSU_Rs32	Tomate	USA	PRJNA1243438	NCSU_Rs32
<i>Ralstonia solanacearum</i>	MolK2	Banana	Filipinas	PRJNA917596	ASM2921998v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	BA7	Banana	Caribe	PRJNA917596	ASM2922000v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	FJAT15249.F50	Tomate	China	PRJNA622642	ASM1330654v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	068-2	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM3969333v1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	071-2	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM4171470v1

---

---

<i>Ralstonia solanacearum</i>	077-080	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM3969254v 1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	095-3	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM4171472v 1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	102-3	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM4171471v 1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	144-1	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM4171469v 1
<i>Ralstonia solanacearum</i>	155-4	Plátano	Ecuador	PRJNA1109353	ASM4171468v 1
<i>Ralstonia syzygii</i>	NZ_CP174148 .1	Plátano	Indonesia	PRJNA580360	SPA_Rsc_202 3

---

Listado de cepas analizadas, incluyendo la especie, código de cepa, hospedador, país de aislamiento, número de bioproyecto y código de ensamblaje correspondiente al repositorio NCBI.

**Tabla 2. Identificación de SNPs no sinónimos en el gen *phcA* de cepas de *Ralstonia solanacearum*.**

Posición	Codón Ref.	Codón Mutado	AA Ref.	AA Mutado	Tipo SNP	Cepa
92	GCG	CTG	A	L	No sinónimo	EP1
92	GCG	CTG	A	L	No sinónimo	FJAT15249.F50
92	GCG	GTG	A	V	No sinónimo	NZ_CP174148.1
92	GCG	GTG	A	V	No sinónimo	T51
95	GCC	ACC	A	T	No sinónimo	NZ_CP174148.1
95	GCC	ACC	A	T	No sinónimo	T51
100	GTC	ATC	V	I	No sinónimo	EP1
100	GTC	ATC	V	I	No sinónimo	FJAT15249.F50
100	GTC	ATC	V	I	No sinónimo	NZ_CP174148.1
100	GTC	ATC	V	I	No sinónimo	T51
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	BA7
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	CRMRs218
185	GGC	CAC	G	H	No sinónimo	EP1
185	GGC	CAC	G	H	No sinónimo	FJAT15249.F50
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	NCSU_Rs32
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	NZ_CP174148.1
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	RS 489
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	SFC
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	T51
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	UA-1611
185	GGC	CGC	G	R	No sinónimo	UA-1612
206	AGC	ACC	S	T	No sinónimo	EP1

---

206	AGC	ACC	S	T	No sinónimo	FJAT15249.F50
206	AGC	ACC	S	T	No sinónimo	NZ_CP174148.1
206	AGC	ACC	S	T	No sinónimo	T51
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	BA7
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	CRMRs218
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	NZ_CP174148.1
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	T51
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	UA-1611
227	CAC	TAC	H	Y	No sinónimo	UA-1612
245	ACG	ATG	T	M	No sinónimo	MolK2
247	TTG	ATG	L	M	No sinónimo	EP1
247	TTG	ATG	L	M	No sinónimo	FJAT15249.F50
247	TTG	ATG	L	M	No sinónimo	NZ_CP174148.1
247	TTG	ATG	L	M	No sinónimo	T51
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	BA7
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	CRMRs218
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	EP1
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	FJAT15249.F50
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	NCSU_Rs32
264	AGC	GAC	S	D	No sinónimo	NZ_CP174148.1
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	RS
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	SFC
264	AGC	GAC	S	D	No sinónimo	T51
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	UA-1611
264	AGC	AAC	S	N	No sinónimo	UA-1612
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	BA7
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	CRMRs218

---

306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	EP1
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	FJAT15249.F50
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	MolK2
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	NCSU_Rs32
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	NZ_CP174148.1
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	RS 488
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	RS 489
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	SFC
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	T51
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	UA-1611
306	TCC	GCC	S	A	No sinónimo	UA-1612
314	AAT	ATC	N	I	No sinónimo	EP1
314	AAT	ATC	N	I	No sinónimo	FJAT15249.F50
314	AAT	ATC	N	I	No sinónimo	NZ_CP174148.1
314	AAT	ATC	N	I	No sinónimo	T51
329	GCG	AGC	A	S	No sinónimo	EP1
329	GCG	AGC	A	S	No sinónimo	FJAT15249.F50
329	GCG	ACC	A	T	No sinónimo	T51
347	GCC	GTC	A	V	No sinónimo	EP1
347	GCC	GTC	A	V	No sinónimo	FJAT15249.F50

Polimorfismos de tipo no sinónimo presentes en la región codificante del gen *phcA* de cepas de *R. solanacearum* y de *R. syzygii* (NZ\_CP174148.1). La columna "Posición" indica la localización del codón afectado respecto a la secuencia de referencia; "Codón Ref." corresponde al codón de referencia; "Codón Mutado" representa el cambio por un solo nucleótido; "AA Ref." indica el aminoácido de referencia; "AA Mutado" señala el aminoácido resultante tras la mutación; y "Cepa" especifica en qué cepa se identificó dicha variante.

**Tabla 3. Identificación de SNPs sinónimos en el gen *phcA* de cepas de *Ralstonia solanacearum*.**

Posición	Codón Ref.	Codón Mutado	AA Ref.	AA Mutado	Tipo SNP	Cepa
10	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	RS 488
10	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	SFC
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	BA7
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	CRMRS218
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	EP1
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	FJAT15249.F50
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	NCSU_Rs32
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	NZ_CP174148.1
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	RS 488
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	SFC
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	T51
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	UA-1611
13	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	UA-1612
15	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
15	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
17	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	EP1
17	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	FJAT15249.F50
17	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	NZ_CP174148.1
17	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	T51
21	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	EP1
21	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	FJAT15249.F50
21	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
21	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	T51
23	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	EP1
23	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	FJAT15249.F50
24	GTG	GTC	V	V	Sinónimo	EP1
24	GTG	GTC	V	V	Sinónimo	FJAT15249.F50
25	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
25	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	T51
26	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	EP1
26	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
26	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	NZ_CP174148.1
26	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	T51
29	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	NZ_CP174148.1
29	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	T51
31	ACA	ACG	T	T	Sinónimo	EP1
31	ACA	ACG	T	T	Sinónimo	FJAT15249.F50
31	ACA	ACG	T	T	Sinónimo	NZ_CP174148.1
31	ACA	ACG	T	T	Sinónimo	T51
33	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	EP1
33	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	FJAT15249.F50

37	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	EP1
37	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	FJAT15249.F50
40	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	EP1
40	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	FJAT15249.F50
40	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	NZ_CP174148.1
40	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	T51
43	CGC	CGG	R	R	Sinónimo	EP1
43	CGC	CGG	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
43	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	NZ_CP174148.1
43	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	T51
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	EP1
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	FJAT15249.F50
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	MolK2
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	NZ_CP174148.1
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	RS 489
49	CCT	CCC	P	P	Sinónimo	T51
50	TTG	CTC	L	L	Sinónimo	EP1
50	TTG	CTC	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
50	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
50	TTG	CTT	L	L	Sinónimo	T51
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	BA7
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	CRMRs218
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	EP1
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NCSU_Rs32
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NZ_CP174148.1
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	RS 488
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	SFC
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	T51
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1611
53	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1612
54	GTG	GTT	V	V	Sinónimo	NZ_CP174148.1
54	GTG	GTT	V	V	Sinónimo	T51
56	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	NZ_CP174148.1
56	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	T51
57	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	EP1
57	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	FJAT15249.F50
57	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	NZ_CP174148.1
57	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	T51
58	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	RS 489
60	CCA	CCG	P	P	Sinónimo	EP1
60	CCA	CCG	P	P	Sinónimo	FJAT15249.F50
60	CCA	CCG	P	P	Sinónimo	NZ_CP174148.1
60	CCA	CCG	P	P	Sinónimo	T51
62	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	EP1
62	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	FJAT15249.F50
63	AAG	AAA	K	K	Sinónimo	EP1
63	AAG	AAA	K	K	Sinónimo	FJAT15249.F50

---

64	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	RS 488
64	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	SFC
65	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	EP1
65	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
65	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	T51
66	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	EP1
66	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
66	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	NZ_CP174148.1
66	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	T51
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	BA7
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	CRMRs218
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	EP1
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	FJAT15249.F50
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	NCSU_Rs32
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	NZ_CP174148.1
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	RS 488
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	SFC
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	T51
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	UA-1611
70	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	UA-1612
71	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	NZ_CP174148.1
71	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	T51
83	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	EP1
83	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
87	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	T51
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	BA7
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	CRMRs218
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	NCSU_Rs32
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	RS 488
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	SFC
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	UA-1611
91	CCC	CCT	P	P	Sinónimo	UA-1612
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	BA7
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	CRMRs218
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	NCSU_Rs32
94	GCC	GCG	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	RS 488
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	SFC
94	GCC	GCG	A	A	Sinónimo	T51
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	UA-1611
94	GCC	GCA	A	A	Sinónimo	UA-1612
103	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	BA7
103	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	UA-1611
103	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	UA-1612
104	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	EP1
104	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	FJAT15249.F50
104	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	NZ_CP174148.1
104	GGT	GGC	G	G	Sinónimo	T51

---

---

106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	BA7
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	CRMRs218
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	RS 488
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	SFC
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	T51
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1611
106	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1612
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	BA7
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	CRMRs218
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	MolK2
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NCSU_Rs32
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	RS 489
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	RS 488
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	SFC
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	T51
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1611
110	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1612
113	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	EP1
113	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
117	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	BA7
117	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	UA-1611
117	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	UA-1612
119	AAG	AAA	K	K	Sinónimo	NZ_CP174148.1
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	BA7
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	CRMRs218
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	EP1
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	MolK2
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NCSU_Rs32
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NZ_CP174148.1
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	RS 489
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	RS 488
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	SFC
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	T51
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1611
120	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1612
121	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	NCSU_Rs32
121	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
121	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	T51
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	BA7
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	CRMRs218
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	EP1

---

---

124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	FJAT15249.F50
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	NCSU_Rs32
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	NZ_CP174148.1
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	RS 488
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	SFC
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	T51
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	UA-1611
124	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	UA-1612
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	EP1
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	MolK2
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NZ_CP174148.1
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	RS(2)
128	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	T51
133	TCC	TCT	S	S	Sinónimo	NZ_CP174148.1
134	TCG	TCA	S	S	Sinónimo	MolK2
138	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	EP1
138	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	FJAT15249.F50
145	AAC	AAT	N	N	Sinónimo	EP1
145	AAC	AAT	N	N	Sinónimo	FJAT15249.F50
146	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	T51
147	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
147	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
147	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
147	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	T51
149	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	MolK2
152	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	EP1
152	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	FJAT15249.F50
152	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	NZ_CP174148.1
152	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	T51
154	TTC	TTT	F	F	Sinónimo	MolK2
154	TTC	TTT	F	F	Sinónimo	NZ_CP174148.1
163	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	EP1
163	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
166	GTC	GTG	V	V	Sinónimo	EP1
166	GTC	GTG	V	V	Sinónimo	FJAT15249.F50
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	BA7
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	CRMRs218
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	EP1
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	FJAT15249.F50
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	MolK2
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	NCSU_Rs32
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	NZ_CP174148.1
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	RS 489
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	RS 488
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	SFC
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	T51
167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	UA-1611

---

---

167	ACG	ACC	T	T	Sinónimo	UA-1612
180	CCG	CCC	P	P	Sinónimo	NZ_CP174148.1
181	GTT	GTC	V	V	Sinónimo	EP1
181	GTT	GTC	V	V	Sinónimo	FJAT15249.F50
181	GTT	GTC	V	V	Sinónimo	NZ_CP174148.1
181	GTT	GTA	V	V	Sinónimo	T51
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	BA7
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	CRMRs218
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	EP1
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	FJAT15249.F50
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	NZ_CP174148.1
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	T51
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	UA-1611
184	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	UA-1612
185	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	RS 489
191	TAC	TAT	Y	Y	Sinónimo	UA-1579
191	TAC	TAT	Y	Y	Sinónimo	UA-1609
192	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	RS 489
193	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	EP1
193	GAG	GAA	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
196	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	EP1
196	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	FJAT15249.F50
196	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	NZ_CP174148.1
196	CAT	CAC	H	H	Sinónimo	T51
199	ATC	ATT	I	I	Sinónimo	NCSU_Rs32
200	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	RS 488
200	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	SFC
201	CAG	CAA	Q	Q	Sinónimo	BA7
201	CAG	CAA	Q	Q	Sinónimo	CRMRs218
201	CAG	CAA	Q	Q	Sinónimo	NCSU_Rs32
201	CAG	CAA	Q	Q	Sinónimo	UA-1611
201	CAG	CAA	Q	Q	Sinónimo	UA-1612
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	BA7
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	CRMRs218
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	EP1
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	FJAT15249.F50
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	NCSU_Rs32
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	NZ_CP174148.1
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	T51
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	UA-1611
203	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	UA-1612
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	BA7
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	CRMRs218
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	EP1
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NCSU_Rs32
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	NZ_CP174148.1
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	T51

---

---

207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1611
207	CGT	CGC	R	R	Sinónimo	UA-1612
209	GCA	GCG	A	A	Sinónimo	EP1
209	GCA	GCG	A	A	Sinónimo	FJAT15249.F50
209	GCA	GCG	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
209	GCA	GCG	A	A	Sinónimo	T51
214	CCG	CCA	P	P	Sinónimo	UA-1611
214	CCG	CCA	P	P	Sinónimo	UA-1612
216	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	NZ_CP174148.1
216	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	T51
217	TAC	TAT	Y	Y	Sinónimo	MolK2
222	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	EP1
222	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	BA7
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	CRMRs218
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	EP1
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	FJAT15249.F50
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	NCSU_Rs32
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	NZ_CP174148.1
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	T51
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	UA-1611
225	AAA	AAG	K	K	Sinónimo	UA-1612
231	ACC	ACT	T	T	Sinónimo	EP1
231	ACC	ACT	T	T	Sinónimo	FJAT15249.F50
233	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	EP1
233	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	FJAT15249.F50
234	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	EP1
234	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	FJAT15249.F50
234	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
234	GCG	GCA	A	A	Sinónimo	T51
236	CGC	CGG	R	R	Sinónimo	EP1
236	CGC	CGG	R	R	Sinónimo	FJAT15249.F50
240	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	EP1
240	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	FJAT15249.F50
240	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	NZ_CP174148.1
240	GAA	GAG	E	E	Sinónimo	T51
246	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	MolK2
246	GAC	GAT	D	D	Sinónimo	RS 489
252	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	EP1
252	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	FJAT15249.F50
252	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	NZ_CP174148.1
252	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	T51
257	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	NZ_CP174148.1
257	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	T51
258	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
258	CTG	TTG	L	L	Sinónimo	T51
262	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	CRMRs218
262	GCC	GCT	A	A	Sinónimo	NCSU_Rs32

---

---

270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	BA7
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	CRMRs218
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	MolK2
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NCSU_Rs32
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	RS 489
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	RS
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	SFC
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	T51
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1611
270	TTG	CTG	L	L	Sinónimo	UA-1612
272	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	EP1
272	TCG	TCC	S	S	Sinónimo	FJAT15249.F50
276	ACC	ACA	T	T	Sinónimo	NZ_CP174148.1
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	BA7
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	CRMRs218
278	CTC	CTG	L	L	Sinónimo	EP1
278	CTC	CTG	L	L	Sinónimo	FJAT15249.F50
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	NCSU_Rs32
278	CTC	CTG	L	L	Sinónimo	NZ_CP174148.1
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	RS 488
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	SFC
278	CTC	CTG	L	L	Sinónimo	T51
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	UA-1611
278	CTC	CTT	L	L	Sinónimo	UA-1612
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	BA7
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	CRMRs218
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	NCSU_Rs32
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	RS 488
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	SFC
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	UA-1611
286	CGC	CGT	R	R	Sinónimo	UA-1612
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	BA7
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	CRMRs218
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	EP1
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	FJAT15249.F50
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	NCSU_Rs32
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	NZ_CP174148.1
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	RS 488
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	SFC
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	T51
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	UA-1611
287	AGT	AGC	S	S	Sinónimo	UA-1612
288	CGC	CGA	R	R	Sinónimo	CRMRs218
291	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	MolK2
291	CAC	CAT	H	H	Sinónimo	RS 489

---

295	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	NZ_CP174148.1
295	GTG	GTA	V	V	Sinónimo	T51
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	CRMRs218
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	EP1
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	FJAT15249.F50
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	MolK2
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	NCSU_Rs32
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	NZ_CP174148.1
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	RS 489
308	TAT	TAC	Y	Y	Sinónimo	T51
309	ACC	ACT	T	T	Sinónimo	EP1
312	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	EP1
312	GCT	GCC	A	A	Sinónimo	FJAT15249.F50
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	BA7
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	CRMRs218
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	MolK2
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	NCSU_Rs32
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	RS 489
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	RS 488
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	SFC
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	UA-1611
314	AAT	AAC	N	N	Sinónimo	UA-1612
320	CCG	CCC	P	P	Sinónimo	EP1
320	CCG	CCC	P	P	Sinónimo	FJAT15249.F50
320	CCG	CCC	P	P	Sinónimo	NZ_CP174148.1
320	CCG	CCC	P	P	Sinónimo	T51
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	BA7
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	CRMRs218
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	EP1
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	FJAT15249.F50
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	MolK2
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	NCSU_Rs32
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	NZ_CP174148.1
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	RS 489
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	RS
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	SFC
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	T51
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	UA-1611
324	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	UA-1612
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	BA7
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	CRMRs218
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	NCSU_Rs32
329	GCG	GCC	A	A	Sinónimo	NZ_CP174148.1
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	RS 488
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	SFC
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	UA-1611
329	GCG	GCT	A	A	Sinónimo	UA-1612
333	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	EP1

333	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	FJAT15249.F50
333	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	NZ_CP174148.1
333	GGC	GGT	G	G	Sinónimo	T51
334	AAG	AAA	K	K	Sinónimo	CRMRs218
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	BA7
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	CRMRs218
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	NCSU_Rs32
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	RS 488
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	SFC
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	UA-1611
336	GAT	GAC	D	D	Sinónimo	UA-1612
337	GCT	GCA	A	A	Sinónimo	EP1
337	GCT	GCA	A	A	Sinónimo	FJAT15249.F50

Polimorfismos de tipo sinónimo presentes en la región codificante del gen *phcA* de cepas de *R. solanacearum* y de *R. syzygii* (NZ\_CP174148.1). La columna "Posición" indica la localización del codón afectado respecto a la secuencia de referencia; "Codón Ref." corresponde al codón de referencia; "Codón Mutado" representa el cambio por un solo nucleótido; "AA Ref." indica el aminoácido de referencia; "AA Mutado" señala el aminoácido resultante tras la mutación; y "Cepa" especifica en qué cepa se identificó dicha variante.



---

**Firma de la estudiante**

Daniela Johanna Villota Cárdenas  
Quito, 18 de julio de 2025

---

**Firma del director/a de disertación**

Nombre del director/a de disertación  
Quito, fecha

---

**Firma de la coordinadora de carrera**

Nombre de la coordinadora  
Quito, fecha