



Identificación de fitopatógenos en genotipos de plantas de frijol común tolerantes a sequía en El Caribe seco colombiano

Identification of Phytopathogens in Drought-Tolerant Common Bean Plant Genotypes in the Colombian dry Caribbean

Juan Guillermo Cubillos Hinojosa ^{*<https://orcid.org/0000-0002-3391-420X>}

Rafael Alberto Abello-Cubillos <https://orcid.org/0009-0004-8476-4338> | rabello04@unisalle.edu.co

Tatiana Sánchez-Doria <https://orcid.org/0000-0001-5797-770X> | tsanchezd@agrosavia.co

Carina Cordero-Cordero <https://orcid.org/0000-0003-3688-5835> | ccordero@agrosavia.co

Geider Eduardo Arias-Sarabia <https://orcid.org/0009-0007-9853-8624> | geduardoarias@unicesar.edu.co

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria AGROSAVIA, Centro de Investigación Motilonia, Km 5 vía a Becerril, Cesar, Colombia.

*Autor de correspondencia: jgcubillosh@agrosavia.co

Recibido: 29 de abril de 2025

Aceptado: 7 de mayo de 2025

Publicado: 04 de agosto de 2025

Resumen

Objetivo. Identificar microorganismos fitopatógenos y saprófitos asociados a síntomas de infección en plantas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) durante la etapa de postfloración. **Métodos.** El estudio se realizó en parcelas del Centro de Investigación Motilonia (Km 5 vía a Becerril, Cesar, Colombia), ubicado en un ecosistema de clima seco tropical (precipitación anual \approx 700 mm, temperatura media 28 °C, suelos franco-arenosos, pH 6.5). Se seleccionaron 11 plantas con síntomas visibles (una planta adicional se descartó por marchitez avanzada). De cada planta se tomaron fragmentos de las hojas, tallo y raíz (33 muestras en total), las cuales fueron cultivadas en

Abstract

Objective. To identify phytopathogenic and saprophytic microorganisms associated with infection symptoms in bean plants (*Phaseolus vulgaris* L.) during the post-flowering stage. **Methods.** The study was conducted in plots at the Motilonia Research Center (Km 5 via Becerril, Cesar, Colombia), located in a tropical dry climate ecosystem (annual rainfall \approx 700 mm, mean temperature 28 °C, sandy loam soils, pH 6.5). Eleven plants with visible symptoms were selected (one additional plant was discarded due to advanced wilting). Leaf, stem, and root fragments (33 samples in total) were taken from each plant and cultured in nutrient media and PDA supplemented with

medios nutritivos y PDA suplementado con cloranfenicol. La identificación microbiana fue presuntiva, basada en observaciones macro y microscópicas y en pruebas bioquímicas básicas (oxidasa, movilidad, fluorescencia) (Agrios, 2005; Crous *et al.*, 2009). **Resultados y discusión.** Se obtuvieron 52 aislamientos: 22 bacterianos y 30 fúngicos. Las bacterias predominantes fueron *Pseudomonas* spp. (n = 12; 55 %), posiblemente *P. syringae*, y *Xanthomonas axonopodis* (n = 10; 45 %), ambas asociadas con síntomas de manchas foliares, necrosis y pudrición. Entre los hongos fitopatógenos destacaron *Alternaria* spp. (20 %), *Fusarium* spp. (17 %), *Curvularia* spp. (13 %) y *Bipolaris* spp. (10 %); también se identificaron hongos saprófitos u oportunistas como *Aspergillus* spp. (8 %) y *Rhizopus* spp. (5 %) (Lesli y Summerell, 2006; Garrido-Sanz *et al.*, 2017). **Conclusiones.** Existen microorganismos presuntivos fitopatógenos que afectan la postfloración de los genotipos de frijol, dentro de los cuales están dos géneros bacterianos y seis fúngicos, lo que indica un complejo panorama patogénico en los genotipos de frijol tolerantes a sequía en El Caribe seco colombiano.

Palabras clave

Bacterias, hongos, patógenos, aislamiento, postfloración.

chloramphenicol. Microbial identification was presumptive, based on macroscopic and microscopic observations and basic biochemical tests (oxidase, motility, fluorescence) (Agrios, 2005; Crous *et al.*, 2009). **Results and discussion.** A total of 52 isolates were obtained: 22 bacterial and 30 fungal. The predominant bacteria were *Pseudomonas* spp. (n = 12; 55 %), possibly *P. syringae*, and *Xanthomonas axonopodis* (n = 10; 45 %), both associated with symptoms of leaf spots, necrosis, and rot. Among the phytopathogenic fungi, *Alternaria* spp. (20 %), *Fusarium* spp. (17 %), *Curvularia* spp. (13 %), and *Bipolaris* spp. (10 %) stood out; saprophytic or opportunistic fungi such as *Aspergillus* spp. (8 %) and *Rhizopus* spp. (5 %) were also identified (Lesli and Summerell, 2006; Garrido-Sanz *et al.*, 2017). **Conclusion.** There are presumptive phytopathogenic microorganisms that affect the post-flowering of bean genotypes, within which there are two bacterial genera and six fungal genera, which indicates a complex pathogenic panorama in drought-tolerant bean genotypes in the Colombian Dry Caribbean.

Keywords

Bacteria, fungi, isolate, post-flowering stage.

Literatura citada

- Agrios, G. N. (2005). *Plant Pathology* (5.^a ed.). Elsevier Academic Press. San Diego, California, USA. 952 p.
- Crous, P. W., Verkley, G. J. M., Groenewald, J. Z. y Samson, R. A. (2009). Fungal Planet 001-082. *Persoonia*, 22: 111-120. <https://doi.org/10.3767/003158509X468617>
- Garrido-Sanz, D.; Meier-Kolthoff, J. P.; Göker, M.; Martín, M.; Rivilla, R. y Redondo-Nieto, M. (2017). Genomic diversity in the *Pseudomonas fluorescens* complex. *PLOS ONE*, 12(1): e0170250. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170250>
- Leslie, J. F. y Summerell, B. A. (2006). *The Fusarium Laboratory Manual*. Blackwell Publishing. Ames, Iowa. 385 p.