



# COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN  
CIENCIAS AGRÍCOLAS  
CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD  
FRUTICULTURA

**VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Colletotrichum* spp AISLADO  
DE FRUTOS TROPICALES MEDIANTE EL USO DE  
MARCADORES MOLECULARES RAPD**

**MIGUEL ANGEL CRUZ HERNÁNDEZ**

**T E S I S**

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL  
PARA OBTENER EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS**

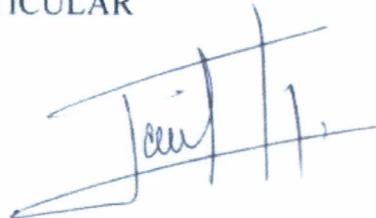
MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO  
2013

La presente tesis titulada: **Variabilidad genética de *Colletotrichum* spp. aislado de frutos tropicales mediante el uso de marcadores moleculares RAPD** realizada por el alumno: **Miguel Ángel Cruz Hernández**, bajo la dirección del consejo particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS

RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD-FRUTICULTURA

CONSEJO PARTICULAR



CONSEJERO

DR. DANIEL NIETO ÁNGEL



ASESOR

DR. SERGIO HUMBERTO CHÁVEZ  
FRANCO

ASESOR

DR. ANDRÉS CRUZ HERNÁNDEZ

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Enero 2013

# **VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Colletotrichum* spp. AISLADO DE FRUTOS TROPICALES MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD**

Miguel Angel Cruz Hernández, M.C.

Colegio de Posgraduados, 2013

## **RESUMEN**

*Colletotrichum gloeosporioides* presenta alta variabilidad morfológica, patogénica y genética, lo cual ha sido difícil de evaluar usando los métodos tradicionales. En los últimos años, las técnicas moleculares han facilitado la separación y caracterización genética. El presente trabajo se divide en dos fases, en la primera se realizaron los aislados, la identificación morfológica y se realizaron pruebas de efectividad biológica *in vivo* e *in vitro* de imazalil para el control de la antracnosis en postcosecha en papaya, banano, aguacate y mango; en la segunda fase se evaluó la diversidad genética de 47 cepas monospóricas de *Colletotrichum* spp. provenientes de frutos tropicales de diferentes zonas productoras de México. Se utilizó la técnica molecular de Amplificación Aleatoria de ADN Polimórfico (RAPD) para caracterizar la variabilidad genética del hongo, para esto se extrajo el DNA de cada una de las cepas. De acuerdo a la literatura se usaron oligos decámeros de secuencias aleatorias, los cuales se hicieron reaccionar con cada una de las cepas para determinar la variabilidad. El resultado de la primera fase nos indican que los aislamiento son de *Colletotrichum gloeosporioides* *C. musae*, *C. acutatum* y *C. boninense*, las pruebas de efectividad biológica indican que el mejor tratamiento fue a 600 ppm de i.a. aplicado en banano con una efectividad del 64%, el resultado presenta mejor control el 9% en comparación al testigo comercial. En la segunda fase del experimento se obtuvo que existe variabilidad genética, donde se muestra que los patrones de los marcadores depende de la especie de *Colletotrichum* y del hospedero, el índice de variabilidad genética es de 0.3537 el cual es un valor alto comparado con maíz. Esta variabilidad genética tan amplia puede ser debida a la gran patogenicidad y al amplio rango de hospedantes del patógeno observado en la naturaleza.

**GENETIC VARIABILITY OF *Colletotrichum* spp. TROPICAL FRUIT ISOLATED  
USING MOLECULAR MARKERS RAPD**

Miguel Angel Cruz Hernández, M.C.

Colegio de Posgraduados, 2013

**SUMMARY**

*Colletotrichum gloeosporioides* high variability presents morphological, pathogenic and genetic, which has been difficult to assess using traditional methods. In recent years, molecular techniques have facilitated the separation and genetic characterization. This paper is divided into two phases, the first isolates were performed, morphological identification and effectiveness were tested for Biological relevance in vivo and in vitro of imazalil to control postharvest anthracnose in papaya, banana, avocado and mango , the second phase was evaluated genetic diversity of 47 isolates monosporic *Colletotrichum* spp. tropical fruits from different producing areas of Mexico. We used the molecular technique of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) to characterize the genetic variability of the fungus, so that DNA was extracted from each of the strains. According to the literature were used decamers oligos of random sequences, which were reacted with each of the strains to determine the variability. The result of the first phase indicate that the insulation are *Colletotrichum gloeosporioides* *C. musae*, *C. acutatum* and *C. boninense*, Biological relevance effectiveness tests indicate that the best treatment was 600 ppm ai Banana applied while shooting 64%, the result shows better control 9% compared to the commercial samples. In the second phase of the experiment there was obtained genetic variability, which shows that patterns of markers depends on the species of host *Colletotrichum* and the genetic variability index of 0.3537 which is a high value compared with corn. This so wide genetic variability may be due to the high pathogenicity and host range of the pathogen observed in nature.

## **DEDICATORIA**

A **Margarita Hernández Hernández** mi **madre**, por el gran amor y la devoción que tienes a tus hijos, por el apoyo ilimitado e incondicional que siempre me has dado, por tener siempre la fortaleza de salir adelante sin importar los obstáculos, por haberme formado como un hombre de bien, y por ser la mujer que me dio la vida y me enseñó a vivirla... no hay palabras en este mundo para agradecerte, mamá.

A **Efren Cruz Ciprian** mi **padre**, por el valor y el coraje que has tenido para levantarte ante cualquier adversidad, por las enseñanzas que me has dado, por darme ánimos y por siempre recordarme que el mañana no existe, muchas gracias, papá.

A **Efren Cruz Hernández** mi **hermano Panchito**, por tu empeño, tu constancia, tu entusiasmo y tus ganas de ser mejor, por tu amistad y a opoyo incondicional, por todo lo que me has enseñado de la vida.

A **Erika**, quien durante toda el desarrollo de la investigacion tuvo la valentía de estar siempre apoyándome y soportando mis días de estrés.

A la familia **Cruz Ciprian** y **Hernández Hdez.** que confiaron en mi persona, en especial a **Gloria Hernández, Silvano Cruz y Ruth C. H.** por su apoyo incondicional.

## AGRADECIMIENTOS

Agradezco a **Dios** Todo Poderoso por haberme acompañado y guiado en esta etapa, por ser mi fortaleza en momentos de debilidad y por darme la oportunidad y la capacidad de conocer un poquito de su inmensa sabiduría, experiencia y sobre todo felicidad.

Al pueblo de México, a través del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (**CONACYT**), por haberme apoyado en la realización de mis estudios de Maestría dándome la oportunidad de alcanzar una más de mis metas.

Al **Colegio de Postgraduados**, institución que me ha brindado las herramientas para desarrollarme con excelencia profesional.

A la **Universidad Autónoma de Querétaro**, Por brindarme la áreas necesarias y facilidades durante el desarrollo dela investigación, pero, sobre todo a la **Lic. de Microbiología**.

Al **Dr. Daniel Nieto Angel**, quién como catedratico y amigo, representó un gran apoyo durante mi formación académica, así como en la realización de la presente investigación

Agradezco al **Dr. Andrés Cruz Hernández** por su gran aportación, apoyo, amistad y convivencia incondicional en la realización de esta tesis.

Al **Dr. Sergio Humberto Chávez Franco** por el apoyo brindado a esta investigación

Al **M.C. Luis Alfonso Aguilar Pérez** por sus valiosas sugerencias para mejor este trabajo.

A todas aquellas personas que de alguna u otra forma hicieron aportaciones valiosas tanto en mi formación como en mi trabajo de investigación en especial a **Xóchitl, Leti, Vero y Rocío**.

Agradezco a mis “amigos”, por su apoyo en todos los momentos difíciles y por haber compartido grandes momentos de aprendizaje, discusión, paciencia y distracción, así como la gran amistad que encontré en ellos.

## CONTENIDO

INTRODUCCIÓN .....	1
1    OBJETIVOS.....	3
1.1    Objetivo General .....	3
1.2    Objetivos particulares.....	3
2    REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
2.1 <i>Colletotrichum</i> spp. ....	4
2.2    Técnica molecular .....	10
3    Plaguicidas.....	11
3.1    Literatura citada.....	12
1    CAPÍTULO I. EFECTIVIDAD BIOLÓGICA DE IMAZALIL PARA EL CONTROL <i>in vitro</i> E <i>in vivo</i> DE <i>Colletotrichum</i> spp. EN FRUTOS DE AGUACATE, BANANO, MANGO Y PAPAYA EN POSTCOSECHA.....	17
1.1    Resumen .....	17
1.2    Abstract .....	17
1.3    Introducción.....	18
1.4    Materiales y métodos.....	19
1.5    Resultados .....	21
1.6    Discusión.....	22
1.7    Conclusiones .....	24
1.8    Literatura citada.....	25
2    CAPÍTULO II. VARIABILIDAD GENÉTICA DE <i>Colletotrichum</i> spp. AISLADO DE FRUTOS TROPICALES MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD .....	30
2.1    Resumen .....	30
2.2    Abstract .....	31
2.3    Introducción.....	32
2.4    Materiales y métodos.....	33
2.5    Resultados .....	37
2.6    Discusión .....	43
2.7    Conclusiones .....	46
2.8    Literatura citada.....	48
3.    ANEXOS .....	53
3.1    Pruebas morfológicas.....	53
3.2    Pruebas de efectividad biológica de imazalil en el control de <i>Colletotrichum</i> spp. <i>in vitro</i> .....	53
3.3    Pruebas de efectividad biológica de imazalil en el control de <i>Colletotrichum</i> spp. <i>in vivo</i> .....	55
3.4    Programación en SAS ® de ANOVA y comparación de medias (Tukey, 0.05) y resultados .....	65
3.5    Extracción de ADN .....	89
3.6    RAPD's .....	92
3.7    Análisis de variabilidad .....	112
3.8    Resultados de amplificación ITS.....	126

3.9 Comparación de las secuencias en el Nacional Center for Biotechnology Information (NCBI) .....	129
--	-----

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Patógeno causante de la antracnosis en papaya, banano, mango y aguacate, y concentración letal 50 y 70 en mg.L <sup>-1</sup> .....	22
Cuadro 2. Efectividad de imazalil para el control de antracnosis en frutos de papaya, banano, mango y aguacate. ....	23
Cuadro 3. Compuestos y concentraciones necesarias para efectuar una reacción de amplificación de-ITS y RAPD's. ....	36
Cuadro 4. Características de los oligonucleótidos (Sigma Aldrich®) usados para determinar la variabilidad genética de 47 cepas de <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> . ....	36
Cuadro 5. Identificación de los aislados y patógeno responsable de la antracnosis identificado morfológicamente y confirmado por ITS.....	39
Cuadro 6. ANOVA de prueba de agresividad. ....	40
Cuadro 7. ANOVA de prueba de patogenisidad.....	41
Cuadro 8. Pruebas de agresividad y patógenicidad. ....	41

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Ciclo de *Colletotrichum gloeosporioides* (Agrios 2005). ..... 7

Figura 2. 1) Conidios germinados y formación de apresorios; 2) Colonias de *Colletotrichum spp.* de los aislados evaluados; A) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de papaya cv. Maradol procedente de Michoacán PapMic6; B) *Colletotrichum musae* aislado de Banano de Veracruz BanVer6; C) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de mango cv. Manila de Guerrero MnmGro4; D) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de Aguacate Hass de Michoacán AghMic4. ..... 21

Figura 3. 1) Conidios germinados y formación de apresorios; 2) Colonias de *Colletotrichum spp.* de los aislados evaluados; A) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de papaya cv. Maradol procedente de Michoacán PapMic6; B) *Colletotrichum musae* aislado de Banano de Veracruz BanVer6; C) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de mango cv. Manila de Guerrero MnmGro4; D) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de Aguacate Hass de Michoacán AghMic4. ..... 38

Figura 4. Amplificación con los iniciadores ITS2 e ITS5 para las muestras Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2); maracuyá de Veracruz (MarVer1A) y Marcador de peso molecular 100 bp DNA landder de Invitrogen (M). ..... 38

Figura 5. RAPD huellas digitales obtenido con los iniciadores seleccionados arbitrariamente A) OPM-01; B y C) OPM-02; D y E) OPM-03 y F) OPM-05. ..... 44

Figura 6. Dendograma con análisis de agrupamiento UPGMA de 47 aislados de  
*Colletotrichum* spp..... 47

## INTRODUCCIÓN

El hongo del género *Colletotrichum*, es un patógeno de distribución cosmopolita y con predominancia en los trópicos y subtrópicos (Xiao *et al.*; 2004). Es el causante de la antracnosis (Yakoby *et al.*; 2001), se agrupa entre los patógenos más importantes en postcosecha (Abang, 2003), debido a la capacidad que tiene de provocar infecciones latentes, la enfermedad se manifiesta con la presencia de manchas circulares café oscuras y hundidas en el pericarpio (Prusky *et al.*, 2001).

En el pasado, los fungicidas más utilizados fueron los benzimidazoles como benomil y tiabendazol (TBZ), pero se ha desarrollado resistencia a estos fungicidas (Griffey, 1973; Slabaugh y Grove, 1982; de Lapeyre de ellaire y Dubois, 1997). El fungicida imazalil controla a *Colletotrichum gloeosporioides* (Nery-Silva *et al.*, 2001), *Colletotrichum acutatum* (García y Muñoz, 2002), por lo que representa una opción en postcosecha para el control de antracnosis en frutos. Cuando el control de *Colletotrichum* spp se rompe, los inhibidores de la biosíntesis de ergosterol (IBE) como imazalil y bitertanol son usados por lo general alternados con TBZ. (Eckert, 1990; Cox, 1996).

Es importante la extracción de DNA para su uso en análisis de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), amplificaciones de ADN al azar (RAPD). Existen metodologías para la extracción de ADN, Dellaporta *et al.* (1983); Bahl y Pfenninger (1996); Porebski *et al.* (1997) y Doyle y Doyle (1990), que han permitido trabajos en la caracterización molecular (Adato *et al.*, 1995, López-Valenzuela *et al.*, 1997; Ravishankar *et al.*, 2000), para facilitar la identificación y caracterización de individuos, estimación de variabilidad genética, así como la identificación de genes de interés agronómico o ecológico.

Con estos antecedentes y debido a los pocos trabajos que existen con relación a la variación genética de *Colletotrichum* spp. en México, se realizó el presente trabajo con el objetivo identificar morfológicamente ailados de *Colletotrichum* spp. provenientes de síntomas de antracnoso de frutos tropicales de diferentes zonas de México, también evaluar la efectividad biológica bajo condiciones *in vitro* e *in vivo* de imazalil para el control de *Colletotrichum* spp. en aguacate cv Has, mango cv. Manila, banano y papaya cv. Maradol y determinar la variabilidad

genética de 47 aislados de *Colletotrichum* spp. de 2 flores y 10 fruto diferentes de áreas productoras de México, mediante el uso de polimorfismos del DNA amplificados al azar (RAPD's).

## **OBJETIVOS**

### **1.1 Objetivo General**

- Identificar los hongos asociados con la antracnosis de frutos tropicales en México.
- Realizar pruebas de efectividad biológica del imazalil para el control *in vitro* e *in vivo* de *Colletotrichum* spp. en frutos de papaya, mango, aguacate y banano en postcosecha.
- Determinar la variabilidad genética de los hongos causantes de antracnosis en frutos tropicales en México.

### **1.2 Objetivos particulares**

- Identificar morfológica y molecularmente hongos causantes de antracnosis de frutos tropicales de diferentes regiones de México.
- Realizar pruebas de patogenicidad de los hongos causantes de antracnosis en frutos en postcosecha.
- Realizar pruebas de efectividad bilógica de imazalil *in vitro* para determinar DL<sub>50</sub>.
- Realizar pruebas de efectividad biológica de imazalil *in vivo* en papaya, mango, aguacate y banano en postcosecha
- Realizar marcadores moleculares para determinar la variabilidad genética de *Colletotrichum* spp.

## REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1 *Colletotrichum spp.*

*Colletotrichum* y su telemorfo *Glomerella* han estado implicados en enfermedades en plantas (principalmente antracnosis) alrededor del mundo pero especialmente como la causa de los problemas pre-cosecha y postcosecha en los trópicos. Su habilidad para causar infecciones latentes lo ubica entre los patógenos más importantes de la post-cosecha (Bailey y Jeger, 1992).

Este hongo ataca todos los estadios del cultivo desde flores hasta frutos maduros y ocasionalmente ataca también hojas.

#### 2.1.1 Generalidades

*Colletotrichum* tiene la habilidad para causar infecciones latentes, se ha ubicado a *Colletotrichum* entre los patógenos más importantes. Los frutos pueden ser atacados por la enfermedad el momento que empieza su maduración, durante su cosecha y almacenamiento (Bailey y Jeger, 1992). El género *Colletotrichum* fue establecido por Corda en 1831 (Contreras, 2006). Sus síntomas en las primeras etapas en los frutos, muestran pequeñas manchas húmedas, hundidas y de forma circular. Conforme los frutos se ablandan, las manchas se extienden hasta alcanzar un diámetro de 2 ó 3 cm, en su parte central se ennegrece y endurece ligeramente. (Agrios, 2005). Las manchas, que a menudo son numerosas y las cuales, producen primero el ablandamiento aguanoso del fruto y por último su pudrición, que en ocasiones es acelerada por otros microorganismos invasores. Enormes cantidades de conidios se forman en los acéculos que se encuentran por debajo de la epidermis del fruto incluso en las manchas más pequeñas, aunque bajo ciertas condiciones aparecen también masas de esporas de color salmón o rosa sobre la superficie de las manchas. Las altas temperaturas y la gran humedad relativa o el tiempo húmedo al momento de la maduración de los frutos, favorecen la infección y propagación del hongo, y con ello el desarrollo a epifitias destructivas (Agrios, 2005). Los síntomas de ésta enfermedad son frecuentemente una lesión denominada antracnosis, pudiendo lesionar la mayor parte de la planta (Waller *et al.*, 1993).

## 2.1.2 Taxonomía

En la actualidad el taxón se encuentra constituido por 39 especies (Sutton, 1992) entre saprófitos y parásitos. Las especies patogénicas han causado serias pérdidas en un amplio número de cultivos perennes en regiones tropicales y subtropicales debido a la presencia de lesiones causadas por la antracnosis.

Clasificación Según Agrios, 2005

**Dominio:** Eukaryota

**Reino:** Fungi

**Phylum:** Ascomycota

**Clase:** Filamentous Ascomycetes (III)

Deuteromycetes Hongos Mitospóricos

**Género:** *Colletotrichum* (Estado Anamorfo)

*Glomerella* (Estado Teleomorfo)

Clasificación Según NCBI, 2012. (National Center for Biotechnology Information).  
Caracterización Molecular por ITS.

**Dominio:** Eukaryota

**Reino:** Fungi

**Phylum:** Ascomycota

**Subphylum:** Pezizomycotina

**Clase:** Sordariomycetes

**Subclase:** Sordariomycetes incertae sedis

**Orden:** Phyllachorales

**Familia:** Phyllachoraceae

**Subfamilia:** Phyllachoraceae  
mitospóricos

**Género:** *Glomerella*  
(anamorfo: *Colletotrichum*)

### **2.1.3 Morfología**

El género *Colletotrichum*, morfológicamente presenta conidias hialinas (7-20 x 2.5-5  $\mu\text{m}$ ), unicelulares y fusiformes, estos cuerpos tienen una forma de disco, cerosos, subepidermales. El hongo presenta setas en el borde del acérvulo o entre conidióforos, aunque a veces están ausentes (Bailey y Jeger, 1992). *Colletotrichum* spp. presenta setas que son originadas en el pseudoparénquima, los conidióforos son septados y ramificados sobre la base de color café claro y son originadas por la parte superior del pseudoparénquima. Las conidias también son aseptadas y de forma cilíndrica las mismas que durante la germinación se tornan de color café pálido, se septan y forman el apresorio, por lo general las esporas son tan numerosas que llegan a formar masas brillantes de color rosado o salmón (Blanchard *et al.*, 1992 y Holliday, 1995). *Colletotrichum* spp., tiene diferente comportamiento pudiendo ser saprófito y luego llegar a ser completamente patógeno, tiene un amplio rango de hospederos.

### **2.1.4 Desarrollo de la enfermedad**

La infección por *Colletotrichum* spp. involucra una secuencia de eventos (Dodd *et al.*, 1989). El inoculo en la mayoría de los casos llega a su hospedero por medio del agua o por dispersión de los conidios, se adhieren a la cutícula de la planta y germinan en un periodo de un día, produciéndose el tubo germinal cuyo tamaño oscila entre 10-20  $\mu\text{m}$ , antes de formar el apresorio terminal, que directamente penetra la cutícula, las dos fuentes de inoculo son los conidios y las ascosporas producidos en acérvulos y peritecios, respectivamente. Las dos fuentes de infección que utiliza *Colletotrichum* spp., es la colonización intracelular, o la colonización intramural subcuticular (Figura 1). Después de haberse depositado en la superficie de la planta, donde los conidios y ascosporas experimentan una síntesis de proteínas realizándose así una diferenciación compleja, dando lugar a la germinación proceso fundamental para la infección (Bailey y Jeger, 1992).

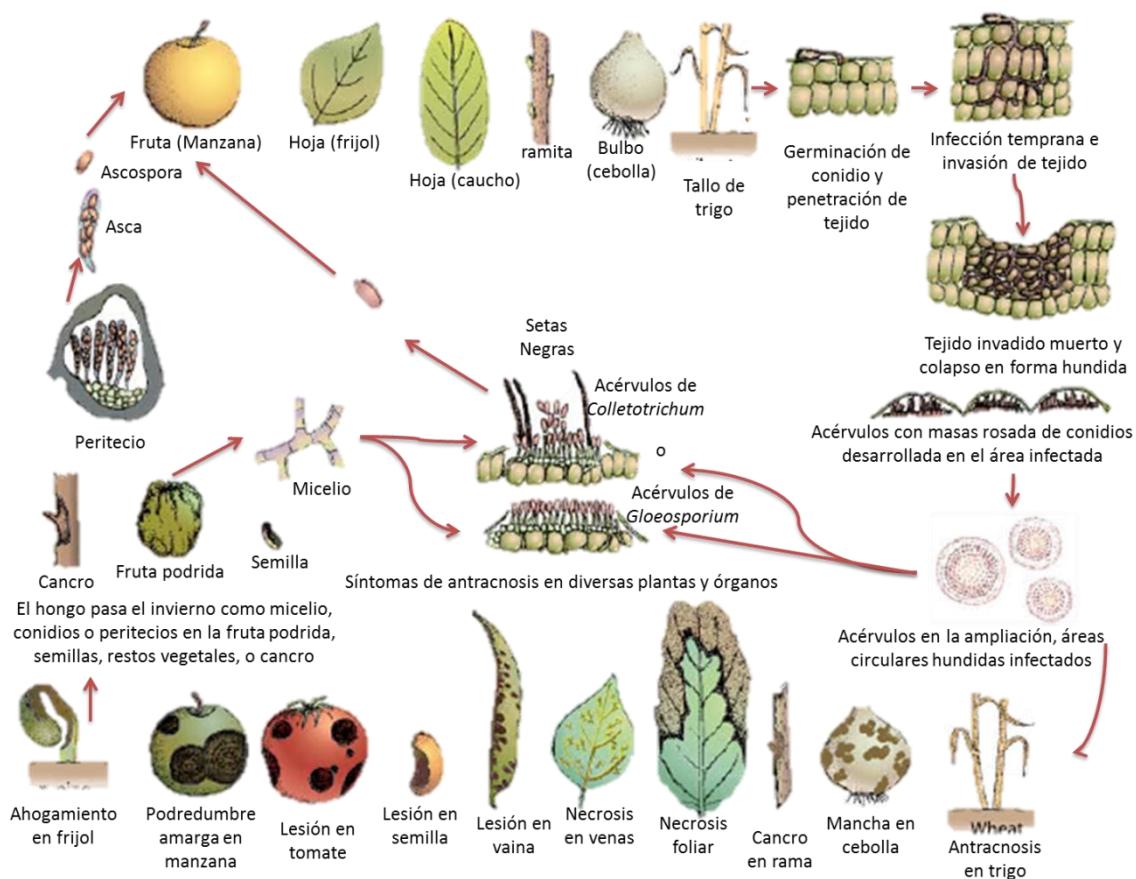


Figura 1. Ciclo de *Colletotrichum gloeosporioides* (Agrios 2005).

La formación del apresorio es un requisito fundamental para la penetración directa a la superficie del hospedero ya que juega un rol importante para que el patógeno pueda sobrevivir. Los procesos de germinación de conidios, formación del apresorio, y la formación de hifas infectivas son procesos independientes que actúan como estimuladores o inhibidores en las plantas hospederas. Los apresorios pueden ser globosos, o no tener lóbulos y su tamaño puede ser variado, los apresorios están formados por capas compuestas de carbohidratos y melanina la misma que se encarga de darle un color oscuro y aparentemente protege al apresorio de la irradiación pero con certeza está involucrada en los procesos de penetración (Bailey y Jeger, 1992). El proceso de formación del apresorio está acompañado por la secreción de una sustancia mucilaginosa a su alrededor, que junto con la matriz de esporas se comprometen en la protección del apresorio en especial durante la adhesión a la superficie del hospedero (Bailey y Jeger, 1992).

## **2.1.5 Estrategias de penetración de *Colletotrichum***

El proceso de colonización de *Colletotrichum* se da después de que la espora se adhiere al tejido del hospedante, ésta forma un tubo germinativo que da origen a una estructura de infección llamada apresorio, de la cual emerge una estructura denominada “clavija de penetración”, que permite el paso directo a la cutícula, (Diéguez *et al.*, 2005; Timmer *et al.*, 2005; Zulficar *et al.*, 1996; Bailey y Jeger, 1992) existen reportes de penetración indirecta a través de los estomas o heridas sin formar apresorios, como el caso de *C. acutatum* en cítricos, el cual penetra los pétalos de flores sin la formación de apresorio (Zulficar *et al.*, 1996; Bailey & Jeger, 1992).

### **2.1.5.1 Penetración intracelular hemibiotrófica**

Se establece una infección inicial a través de una breve fase biotrófica, asociada con una gran hifa primaria intracelular, convirtiéndose después en una fase necrotrófica destructiva asociada con una hifa secundaria angosta, la cual se ramifica a través del tejido del hospedante. En especies que adoptan esta estrategia la fase biotrófica inicial puede variar en cuanto a duración desde menos de 24 horas hasta 3 días. La fase inicial biotrófica es seguida por una fase necrotrófica, la cual comienza con la aparición de hifas secundarias mas angostas. Esta hifa se ramifica a través del tejido del hospedante inter e intracelularmente, muriendo rápidamente las células del hospedante debido a la degradación de la pared celular por parte de las enzimas producidas por el hongo (Diéguez *et al.*, 2005; Timmer *et al.*, 2005; Wharton y Diéguez, 2004; Zulficar *et al.*, 1996).

### **2.1.5.2 Penetración necrotrófica intramural, subcuticular**

Una vez penetrada la cutícula, el patógeno no entra inmediatamente dentro del lumen celular, sino que se desarrolla debajo de la cutícula, entre la pared periclinal y anticlinal de las células epidermales. No es claro si las células del hospedante permanecen vivas, pero los síntomas solo aparecen hasta 24 horas después de la penetración. Despues del breve período asintomático, el hongo comienza a expandirse rápidamente a través del tejido del hospedante intra e intercelularmente, matando las células vegetales y degradando las paredes celulares. El patógeno es favorecido por la lluvia, alta humedad ambiental y temperatura óptima para su desarrollo de 20°C, con un menor desarrollo a 27°C y un escaso desarrollo a los 5°C, 10°C y 30°C. La

humedad en forma de salpicaduras de lluvia y agua corriente ayuda a la y diseminación de conidias de *Colletotrichum*, sobre la misma planta o de una planta a otra (Diéguez *et al.*, 2005; Timmer *et al.*, 2005; Wharton y Diéguez, 2004; Zulficar *et al.*, 1996; Agostini *et al.*, 1992).

En muchas interacciones hospedante-patógeno, la interacción específica a nivel celular es desconocida y puede ser una combinación de las estrategias mencionadas anteriormente en almendra (Diéguez et al, 2005; Wharton y Diéguez, 2004). Estas estrategias pueden depender de los tejidos del hospedante, en algunos casos, por ejemplo, en almendra y muchos cítricos, los tejidos de pétalos de flores son infectados y colonizados sin la formación de apresorio y no existe la fase biotrófica. (Diéguez et al, 2005; Wharton y Diéguez, 2004; Föster y Adaskaveg, 1999; Zulficar et al, 1996; Maerz y Paul, 1930). Según Lenne y Parbery (1976), durante un estudio comparativo de germinación y modelos de infección en especies de *Colletotrichum*, se encontró que el apresorio aislado sobre la superficie de hojas se produjo en ausencia de tubos germinativos y conidias, pruebas preliminares sugirieron que no solo los apresorios fueron mas durables que las esporas y los tubos germinativos sino que su formación fue fomentada por la presencia de bacterias.

### 2.1.6 Métodos de identificación de *Colletotrichum*

Los métodos tradicionales para la discriminación entre especies de *Colletotrichum* se han basado principalmente en la morfología, analizando características tales como tamaño y forma de las conidias, color de la colonia, presencia o ausencia de setas y la existencia del telemorfo *G. cingulata*. Sin embargo, debido a las influencias medioambientales en la estabilidad de las características morfológicas y la existencia de formas intermedias, estos criterios no son siempre los adecuados para la diferenciación confiable de las especies de *Colletotrichum*.

La técnica de identificación mediante benomyl ha sido empleada para estimar el potencial de los benzimidazoles en el control químico. Este método se puede utilizar para una caracterización adicional de poblaciones de *Colletotrichum* spp., asociadas con antracnosis (Freeman *et al.*, 1998), esta prueba permite diferenciar entre *C. acutatum* y *C. gloeosporioides*, aunque ésta puede

confirmarse con técnicas moleculares ya que *Colletotrichum* spp, puede presentar resistencia a productos químicos (Contreras, 2006).

## 2.2 Técnica molecular

El uso de técnicas moleculares ha posibilitado la distinción entre especies de este género, datos derivados de análisis de ácidos nucleicos proporcionan el arma más confiable para construir la clasificación de *Colletotrichum*. El ADN es una molécula que contiene el código genético, siendo sus propiedades el reflejo directo de la identidad genotípica y fenotípica de cada organismo, esta molécula es utilizada en la identificación de las especies debido a que está menos influenciada por los efectos ambientales. Un fragmento de ADN, que representa variación genética (polimorfismo) debido a diferencias entre individuos en la longitud o secuencia de la doble cadena en un locus particular se denomina marcador molecular los mismos que son muy estables y útiles en la identificación de especies y poblaciones (Lewin, 2004). Estas técnicas han posibilitado la distinción entre el género de *Colletotrichum* mediante dos partes del genoma mitocondrial (ADNm) y ribosomal(ADNr), ambos presentes como múltiples copias en la célula (Rodriguez, 2007).

### 2.2.1 Marcadores moleculares mediante amplificación de ADN al azar (RAPD)

Los marcadores moleculares son biomoléculas que se pueden relacionar con un rasgo genético. Dichas biomoléculas son proteínas (antígenos e isoenzimas) que pueden ser marcadores moleculares Para detectar la diversidad genética de *Colletotrichum* spp. mediante este metodo se han utilizado oligos arbitrarios (Bridge *et al.*, 1998). Estos oligos han servido para identificar *C. acutatum* y *C. gloeosporoides* de cítricos y también *C. acutatum* que provienen de un alto rango de hospederos que fueron agrupados y delineados del aislamiento de *C. gloeosporoides* usando oligos específicos de *C. acutatum*. De manera similar se han usado oligos específicos de *C. gloeoporoides* y *C. fragariae*, los aislamientos de estas dos especies se distinguieron de los *C.acutatum*.

## 2.3 Plaguicidas

Según la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO): “*Un plaguicida es cualquier sustancia o mezcla de sustancias destinadas a prevenir, destruir o controlar cualquier plaga, incluyendo los vectores de enfermedades humanas o de los animales, las especies de plantas o animales indeseables que causan perjuicio o que interfieren de cualquier otra forma en la producción, elaboración, almacenamiento, transporte o comercialización de alimentos, productos agrícolas, madera y productos de madera o alimentos para animales, o que pueden administrarse a los animales para combatir insectos, arácnidos u otras plagas en o sobre sus cuerpos. El término incluye las sustancias destinadas a utilizarse como reguladoras del crecimiento de las plantas, defoliantes, desecantes, agentes para reducir la densidad de fruta o agentes para evitar la caída prematura de la fruta, y las sustancias aplicadas a los cultivos antes o después de la cosecha para proteger el producto contra la deterioración durante el almacenamiento y transporte.*” (FAO, 2003).

Se pueden clasificar los plaguicidas, en función de la plaga sobre la que ejercen su acción, como fungicidas, insecticidas, acaricidas, antibióticos, rodenticidas, herbicidas, entre otros o, según el grupo químico que los caracteriza.

## 2.4 Literatura citada

- Abang M., M. 2003.** Genetic diversity of *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. Causing anthracnose disease of yam (*Dioscorea* spp.) in Nigeria. *Bibliotheca Mycologica* 197:5
- Adato, A., D. Sharon, U. Lavi, J. Hillel and S. Gazit. 1995.** Application of DNA fingerprints for identification and genetic analyses of mango (*Mangifera indica* L.) genotypes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 120(2):259-264.
- Agostini J., P., L. W. Timmer and D. J. Michell. 1992.** Morphological and pathological characteristics of strains of *Colletotrichum gloeosporioides* from citrus. *Phytopathology* 82(11): 1377-1382.
- Agrios, G. N. 2005.** Plant Pathology, 5th edition. Academic Press. New York, USA. 922 p.
- Bahl, A. and M. Pfenninger. 1996.** A rapid method of DNA isolation using laundry detergent. *Nucleic Acids Research* 24(7):1.587-1.588.
- Bailey, J. A. and M. J. Jeger. 1992.** *Colletotrichum. Biology, Pathology and Control.* Redwood Press. London. England. 388 p.
- Blanchard, G., C. Campbell and L. Lucas. 1992.** Introduction to plant diseases: identification and management . Kluwer Academic Publishers, Second Edition. Masachussetts, Estados Unidos.
- Bridge, P. D., Y. Couteaudier and J. M. Clarkson. 1998.** Molecular variability of fungal pathogens. CABI international. Wallingford. United Kingdom. 319 p.
- Contreras, C. 2006.** Caracterización y pruebas de patogenicidad cruzada entre aislamientos de *Colletotrichum* spp., obtenidos de frutos de Lulo (*Solanum quitoense*), Tomate de árbol (*Solanum Betacea*), granadilla (*Passiflora ligularis*), Mango (*Mangifera indica*) y tallos de Mora (*Rubus glaucus*) con síntomas de antracnosis. Bogotá Colombia.

**Cox, J. R. 1996.** Post-harvest treatment of bananas in the windward islands. In: Proceedings of the Brighton Crop Protection Conference, Farnham, UK: BCPC, 373-378.

**Dellaporta, S. J., J. Wood and J. B. Hicks. 1983.** A plant DNA minipreparation: version II. Plant Mol. Rep. 1:19-21.

**Diéguez, U. J., H. Föster, E. A. Soto and J. E. Adaskaveg. 2005.** Subcuticularintracellular hemibiotrophic and intercellular necrotrophic development of *Colletotrichum acutatum* on almond. Phytopathology. Ecology and Epidemiology 95(7): 751-758.

**Dodd, J., A. Estrada, P. Jeffries, R. Bugante, and M. Jegger. 1989.** The use of epidemiological studies of *Colletotrichum Gloesporoides* to assess the effectiveness of pre and post haverst applicayion of fungicides in control of Mango anthracnose. Filipinas.

**Doyle, J. J. and J. L. Doyle. 1990.** Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12:13-15.

**Eckert, J. W. 1990.** Recent developments in the chemical control of postharvest diseases. Acta Horticulturae 269:477-494.

**Föster, H. and J. E. Adaskaveg. 1999.** Identification of subpopulations of *Colletotrichum acutatum* and epidemiology of almond antracnose in California. Phytopathology. Epidemiology 89(11): 1056-1065.

**Freeman, S., T. Katan, and E. Shabi. 1998.** Characterization of *Colletotrichum* species responsible for Anthracnose diseases of various fruits. En: Plant Disease 82(6): 596- 604.

**García -de Los Santos, B. and F. Muñoz R. 2002.** Effect of different fungicides in the control of *Colletotrichum acutatum*, causal agent of anthracnose crown rot in strawberry plants. Crop Protection 21: 11-15.

**Griffee P., J. 1973.** Resistance to benomyl and related fungicides in *Colletotrichum musae*. Transactions of the British. Mycological Society 60, 433-439.

**Holliday, P. 1995.** Fungus diseases of tropical crops. Dover Publications, Inc. Nueva York, Estados Unidos.

**Lapeyre de Bellaire, L. and C. Dubois. 1997.** Distribution of thiabendazole-resistant *Colletotrichum musae* isolates from Guadeloupe banana plantations. Plant Disease 81: 1378±82.

**Lenne, J. M., D. G. Parbery. 1976.** Phyllosphere antagonists and appressorium formation in *Colletotrichum gloeosporioides*. Notes and brief articles. Trans. BR. Mycol. Soc. Vol.66.p. 334.

**Lewin, B. 2004.** Genes VIII. Eighth Edition. Pearson Prentice Hall. New York. United States of America. 1027 p.

**López-Valenzuela, J., O. Martínez and O. Paredes-López. 1997.** Geographic differentiation and embryo type identification in *Mangifera indica* L. cultivars using RAPD markers. HortScience 32(6):1.105-1.108.

**Maerz, A. and M. Paul. 1930.** A dictionary of color. New York: McGraw Hill. p.207. Mycologia 88: 121-128.

**National Center for Biotechnology Information (NCBI). 2012.** Clasificacion de *Colletotrichum* spp. de acuerdo a su caracterización de ITS . Consultado el 10 de Septiembre del 2012. Disponibloe en: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

**Nery-Silva, F. A., J. da Cruz-Machado., L. C. de Olivera-Lima y M. L. Vilela-de Resende. 2001.** Controle químico da podridão peduncular de mamão causada por *Colletotrichum gloeosporioides*. Ciênc Agrotechnology 25:519-525

**Organizacion de las Naciones Unidas para la Agricultura (FAO). 2003.** Código Internacional de Conducta para la Distribución y Utilización de Plaguicidas. 9253049146.

**Porebski, S.; G. Bailey and B. Baum 1997.** Modification of a CTAB DNA Extraction Protocol for Plants Containing High Polysaccharide and Polyphenol Components. Plant Molecular Biology Reporter 15(1):8-15.

**Prusky D., J. McEvoy, R. Leverenz and W Conway. 2001.** Local modulation of host pH by *Colletotrichum* species as a mechanism to increase virulence. Phytopathology 9:1105-1113.

**Ravishankar, K., L. Anand and M. Dinesh. 2000.** Assessment of genetic relatedness among mango cultivars of India using RAPD markers. Jour. Hort. Sci. Biotech 75(2):198-201.

**Rodríguez, A. 2007.** (en línea). Caracterización molecular de poblaciones de *Colletotrichum* spp. Asociadas a Coffea arabica en Colombia y su aplicación en el diagnóstico del CBD. Bogotá. Pontificia Universidad Javeriana. Consultado el 17 de septiembre del 2012. Disponible en: <http://www.javeriana.edu.co/biblos/tesis/ciencias/tesis18.pdf>

**Slabaugh W., R. and M. D. Grov. 1982.** Postharvest diseases of banana and their control. Plant Disease 66, 746-750.

**Sutton B C (1992)** The genus Glomerella and its anamorph *Colletotrichum*. In: *Colletotrichum: biology, pathology and control*. Bailey, J.A. and Jeger, M.J. (eds.). CAB International. Wallingford, U.K. pp:1-26

**Timmer, L. W., J. E. Adaskaveg, J. C. Correl. 2005.** Lifestyles of *Colletotrichum acutatum*. Plant disease 89(8): 784-796.

**Waller, J. M., P. D. Bridge, B. Black and G. Hakiza. 1993.** Characterization of the coffee berry disease pathogen, *Colletotrichum kahawae* sp. nov. Mycological Research 97 (8): 989-994.

**Wharton, S. P. and U. J. Diéguez. 2004.** The biology of *Colletotrichum acutatum*. Anales del jardín botánico de Madrid 61: 3-22.

**Xiao C., L., S. J. MacKenzie, D. E. Legard. 2004.** Genetic and pathogenic analyses of *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from strawberry and noncultivated host. Phytopathology 94:446-453.

**Yakoby N., R. Zhou, I. Kobiler, A. Dinoor and D. Prusky.** 2001. Development of *Colletotrichum gloeosporioides* restriction enzyme-mediated integration mutant as biocontrol agents against anthracnose disease in avocado fruits. *Phytopathology* 91:143-148.

**Zulficar, M., R. H. Bransky and L. W. Timmer.** 1996. Infection of flower and vegetative tissues of citrus by *Colletotrichum acutatum* y *C. gloeosporioides*. *Mycologia* 88(1): 121-128.

**CAPÍTULO I. EFECTIVIDAD BIOLÓGICA DE IMAZALIL PARA EL CONTROL *in vitro* E *in vivo* DE *Colletotrichum* spp. EN FRUTOS DE AGUACATE, BANANO, MANGO Y PAPAYA EN POSTCOSECHA**

**1.1 Resumen**

*Colletotrichum* spp. es agente causal de la antracnosis en diversos frutos tropicales, ocasiona pérdidas del 4 al 50% en postcosecha. El control de la enfermedad es con fungicidas, sin embargo, en México existe pocos productos autorizados en postcosecha, por lo que el objetivo de la presente investigación fue evaluar el efecto del imazalil para el control de *Colletotrichum* spp. en postcosecha. El experimento se realizó de forma *in vitro* e *in vivo* en un diseño factorial (4x6) en completamente al azar, se evaluó el fungicida imazalil (10,100,200,600 mg ·L<sup>-1</sup>), tiabendazol (testigo comercial) y testigo absoluto, en cuatro frutos (aguacate cv. Hass, banano, mango cv. Manila y papaya cv. Maradol). El resultado de las pruebas *in vitro* indicaron que imazalil controla *Colletotrichum gloeosporioides* y *Colletotrichum musae*, con una concentración letal al 50% (CL<sub>50</sub>) de 1.54, 1.72, 2.41 y 3.59 en banano, aguacate, mango y papaya respectivamente, la prueba *in vivo* el mejor control se obtuvo en banano y el mejor dosis de fungicida fue imazalil a 600 mg ·L<sup>-1</sup> de i.a, en la interacción de estos factores principales se mostró un crecimiento del síntoma de 26 mm y una efectividad de 64%, en caso de papaya tratada a la misma dosis se tienen un crecimiento del síntoma de 90 mm y una efectividad de 38%, fue superior al testigo comercial (Tiabendazol) en 29%. Imazalil presentó un excelente efecto en el control de *Colletotrichum gloeosporioides* y *Colletotrichum musae* en los frutos, sin embargo aun no se encuentra autorizado su uso en México.

**Palabras claves adicionales:** *Colletotrichum* spp., imazalil, CL<sub>50</sub>, efectividad

**1.2 Abstract**

*Colletotrichum* spp. is the causal agent of anthracnose in various tropical fruits causing losses of 4 to 50% in postharvest. Control of the disease is treated with fungicides, however in Mexico exist a few authorized products in postharvest, so that the objective of this research was to evaluate the effect of imazalil in order to the control of *Colletotrichum* spp. in postharvest. The experiment was performed *in vitro* and *in vivo* in a factorial design (4x6) in completely random,

we assessed the fungicide imazalil ( $10,100,200,600 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ), thiabendazole (commercial control) and absolute control, four fruits (avocado cv. Hass, banana, mango cv. Manila and papaya cv. Maradol). The result of *in vitro* tests indicated that imazalil controls *Colletotrichum gloeosporioides* and *Colletotrichum musae*, with a lethal concentration 50% ( $\text{LC}_{50}$ ) of 1.54, 1.72, 2.41 and 3.59 in banana, avocado, mango and papaya respectively. *In vivo* test the best control was obtained in bananas and the best dose fungicide was imazalil to  $600 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  a.i., in the interaction of these factors main showed symptom growth of 26 mm and an effectiveness of 64%, in case of papaya treated with the same dose showed symptom growth of 90 mm and an effectiveness of 38% was superior to the commercial control (Thiabendazole) in 29%. Imazalil presented an excellent effect in controlling *C. gloeosporioides* and *C. musae* on fruits, though not yet approved for use in Mexico.

**Additional key words:** *Colletotrichum* spp., imazalil,  $\text{CL}_{50}$ , effectiveness

### 1.3 Introducción

El hongo del género *Colletotrichum*, es un patógeno de distribución cosmopolita y con predominancia en los trópicos y subtrópicos (Xiao *et al.*; 2004). Es el causante de la antracnosis (Yakoby *et al.*; 2001), se agrupa entre los patógenos más importantes en postcosecha (Abang, 2003), debido a la capacidad que tiene de provocar infecciones latentes, la enfermedad se manifiesta con la presencia de manchas circulares café oscuras y hundidas en el pericarpio (Prusky *et al.*, 2001).

En frutos de papaya, *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. y Sacc. causa pelado del fruto, mancha chocolate y antracnosis (Álvarez y Nishijima, 1987); enfermedades que afectan el exterior de los frutos y, por lo tanto, originan pérdidas económicas (Arauz, 2000). En aguacate ocasiona pérdidas del 4 al 7% en postcosecha ; y en mango, las pérdidas fluctúan de 15 a 50% (Becerra-Leor, 1995). La antracnosis en banano es causada por *Colletotrichum musae* (Berk. y Curt.) v. Arx afecta la calidad de la fruta, por lo que se tienen grandes pérdidas económicas en los trópicos (Derbyshire y Shipway, 1978; Jeffries *et al.*, 1990; Okonkwo *en al.*, 1990).

En el pasado, los fungicidas más utilizados fueron los benzimidazoles como benomil y tiabendazol (TBZ), pero se ha desarrollado resistencia a estos fungicidas (Griffey, 1973;

Slabaugh y Grove, 1982; de Lapeyre de ellaire y Dubois, 1997). El fungicida imazalil controla a *Colletotrichum gloeosporioides* (Nery-Silva *et al.*, 2001), *Colletotrichum acutatum* (García y Muñoz, 2002), *Penicillium digitatum* y *Penicillium italicum* (Montesinos *et al.*, 2011) y *Verticillium dahliae* (Kurt *et al.*, 2003), por lo que representa una opción en postcosecha para el control de antracnosis en frutos. Cuando el control de *Colletotrichum* spp se rompe, los inhibidores de la biosíntesis de ergosterol (IBE) como imazalil y bitertanol son usados por lo general alternados con TBZ. (Eckert, 1990; Cox, 1996).

El objetivo del presente trabajo fue evaluar la efectividad biológica bajo condiciones *in vitro* e *in vivo* de imazalil para el control de *Colletotrichum* spp. en aguacate cv Has, mango cv. Manila, banano y papaya cv. Maradol.

#### 1.4 Materiales y métodos

**Origen y purificación del aislamiento de *Colletotrichum* spp.** Los aislamientos utilizado de *Colletotrichum* spp. se obtuvieron de frutos con síntomas típicos de antracnosis procedentes de la zona productora de aguacate cv Hass de Michoacán (AghMic4); papaya cv Maradol (*Carica papaya*) de Michoacán (PapMic6); Banano (*Musa sapientum*) de Veracruz (BanVer6) y Mango (*Mangifera indica*) cv manila de Guerrero (MnmGro4). Se utilizó la técnica de cultivo monoconidial en medio sólido papa-dextrosa-agar (PDA) (Manandhar *et al.*, 1995). Se realizaron los postulados de Koch y el aislamiento fue identificado de acuerdo a algunas características morfológicas mediante claves taxonómicas de Agrios (2005) y Gutiérrez *et al.* (2001).

**Determinación de la concentración letal media ( $CL_{50}$ ) *in vitro*.** Se preparó medio de cultivo en PDA en cajas Petri (discos), con concentraciones de 0.01, 0.1, 1, 5, 10, 50, 100, 200, 400, 600, 800 y 1000 ppm de imazalil, 840 ppm de tiabendazol (producto comercial) y testigo absoluto, cada tratamiento tuvo cinco repeticiones. Se uso el diseño experimental completamente al azar. Después de 24 horas se inocularon los hongos, colocando bocados de 5 mm de diámetro de PDA con micelio y conidios en el centro de la caja Petri. Los discos se incubaron a  $25 \pm 2^\circ\text{C}$  y luz fluorescente continua. Se evaluó el crecimiento de la colonia al medir diámetro polar y ecuatorial, las evaluaciones se realizarón diariamente durante 8 días. Con los datos, se calculó la efectividad de los fungicidas mediante la fórmula de Abbott (1925). La efectividad se utilizó en

el análisis Probit para el cálculo de la CL<sub>50</sub> y CL<sub>70</sub>, mediante el paquete de análisis estadístico SAS® System for Windows v9.0

**Efectividad biológica de los fungicidas *in vivo*.** Las pruebas de efectividad biológica se realizaron en condiciones de laboratorio en frutos de aguacate cv Hass, banano, mango cv. Manila y papaya cv Maradol en punto de madurez fisiológica. Los frutos se desinfestaron con hipoclorito de sodio al 3% durante 2 min, posteriormente se secaran y se colocaron en cámaras húmedas, se realizaron dos heridas de 5 mm de profundidad con una aguja de disección estéril (Gutiérrez, 2003), la inoculación se realizó con 20µL de una suspensión de conidios (1 x 10<sup>5</sup>conidios/mL) de los aislamientos AghMic4, BanVer6, MnmGro4 y PapMic6 sobre el respectivo fruto de origen, después de 24 horas se aplicaron los tratamientos por inmersión a concentraciones de 10, 100, 200 y 600 ppm de imazalil, 840 ppm de tiabendazol y el testigo absoluto se sumergió solo en agua destilada estéril, una vez que los frutos se secaron fueron conservados en cámara húmedas. Cada herida fue una repetición y cada tratamiento tuvo 6 repeticiones. Despues de aplicar los tratamientos, se realizaron las mediciones del diámetro polar y ecuatorial cada 24 hrs, durante una semana. Los datos fueron sometidos a un análisis de varianza y a una prueba de comparación de medias (Tukey, 0.05) mediante el paquete estadístico SAS® para Windows (Versión 9.0). El diseño experimental fue factorial completamente al azar con cuatro frutos distintos (aguacate cv Hass, banano, mango cv. Manila y papaya cv Maradol) y seis tratamientos para el control de la enfermedad (imazalil a 10, 100, 200 y 600 ppm, tiabendazol a 840 ppm y el testigo absoluto).

## 1.5 Resultados

Se identifico morfológicamente que el patógeno de los aislados PapMic6, MnmGro4 y AghMic4 fue *Colletotrichum gloeosporioides* y en el aislado BanVer6 el patógeno fue *Colletotrichum musae* (Figura 2). Las CL<sub>50</sub> obtenidas fueron 1.72, 2.41, 2.54 y 5.59 mg·L<sup>-1</sup>, y las CL<sub>70</sub> fueron 3.20, 6.82, 7.65 y 11.54 mg·L<sup>-1</sup> de ingrediente activo de imazalil en los aislados AghMic4, MnmGro4, BanVer6 y PapMic6 respectivamente (Cuadro 1).

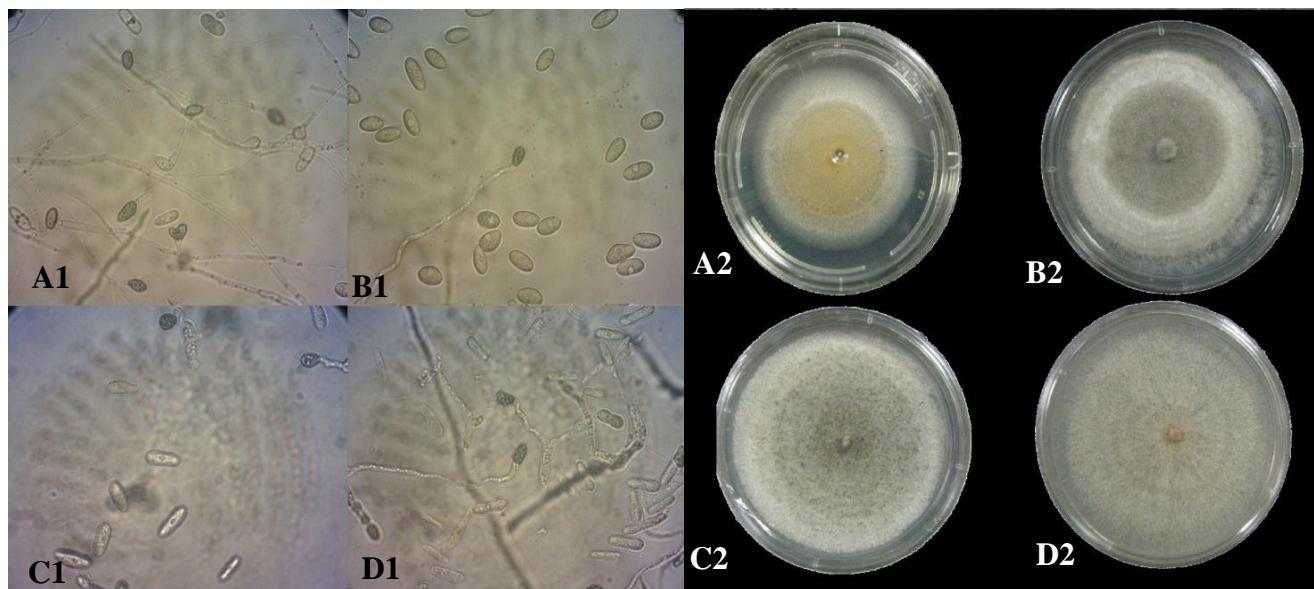


Figura 2. 1) Conidios germinados y formación de apresorios; 2) Colonias de *Colletotrichum* spp. de los aislados evaluados; A) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de papaya cv. Maradol procedente de Michoacán PapMic6; B) *Colletotrichum musae* aislado de Banano de Veracruz BanVer6; C) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de mango cv. Manila de Guerrero MnmGro4; D) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de Aguacate Hass de Michoacán AghMic4.

En las pruebas de efectividad biológica *in vivo*, el análisis de varianza y la comparación de medias (Tukey, 0.05) detecto diferencia significativa entre tratamientos principales (Cuadro 2), donde, el banano presento el mejor control de antracnosis y el menor control fue en papaya cv Maradol. El mejor tratamiento se observa a 600 ppm de imazalil con efectividades de 38, 64, 25 y 46% en papaya cv. Maradol, banano, mango cv. Manila y aguacate cv. Hass respectivamente, el tratamiento del testigo comercial (Tiabendazol a 840 ppm) muestra efectividades de 9, 61, 22 y 33% en papaya, banano, mango y aguacate respectivamente las cuales presentan diferencia significativa (Tukey, 0.05) con el tratamiento de imazalil a 600 ppm.

Cuadro 1. Patógeno causante de la antracnosis en papaya, banano, mango y aguacate, y concentración letal 50 y 70 en mg.L<sup>-1</sup>.

Aislado	Fruto	Lugar de procedencia	Patógeno causante	mg.L <sup>-1</sup>	
				DL <sub>50</sub>	DL <sub>70</sub>
PapMic6	papaya	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	3.59	6.54
BanVer6	Banano	Veracruz	<i>Colletotrichum musae</i>	1.54	3.18
MnmGro4	Mango manila	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	2.41	5.82
AghMic4	Aguacate hass	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	1.72	3.20

En las interacciones de tipo de fruto por tratamiento también se obtuvo diferencia significativa, donde el mejor tratamiento fue en banano sometido a una dosis de 600 ppm de imazalil, el cual presento un crecimiento del síntoma de 26.37 mm y una efectividad del 64.5%, seguido del Tiabendazol a 840 ppm en banano con un crecimiento del síntoma de 29.15 y una efectividad de 60.74%. Por otro lado el tratamiento con la menor efectividad fue en papaya a una dosis de 840 ppm de Tiabendazol, donde se obtuvo un crecimiento micelial de 132.15 mm y una efectividad de 9.08%.

## 1.6 Discusión

El imazalil es del grupo de los imidazoles, que inhibe la biosíntesis de ergosterol, el cual redujo considerablemente el crecimiento micelial en las pruebas *in vitro* donde se obtuvo que las concentraciones letales 50% (CL<sub>50</sub>) oscilan entre 1.72 a 3.59 mg·L<sup>-1</sup>, los resultados de las CL<sub>50</sub> son menores en 15 mg·L<sup>-1</sup> a los reportado por Zavala *et al.* (2005) para el control de *Colletotrichum gloeosporioides* en papaya, también Gutiérrez *et al.* (2003) reporta en cepas de *Colletotrichum gloeosporioides* aisladas de mango una CL<sub>50</sub> de 11.89 mg·L<sup>-1</sup> siendo 9.5 unidades mayor a lo obtenido en el presente experimento. Para el control de *Colletotrichum musae* aislado de banano la CL<sub>50</sub> fue de 1.54 mg·L<sup>-1</sup> lo cual es similar a lo reportado por Khan *et al.* (2001) donde aplicaron tratamientos de imazalil solo y combinado con antioxidantes, la recomendación es el uso de ambos, los resultados también coinciden con los reportado por Johanson y Blazquez (1992) en el control de *in vitro* de *Colletotrichum* spp. causante de pudrición de corona en banano.

En las pruebas *in vivo* se obtuvo que el tratamiento de  $600 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de i.a. de imazalil presentó mejor efectividad que a  $840 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de i.a. de tiabendazol (Cuadro 2), Zavala *et al.* (2005) reportó efectividades 71.5% a  $600 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de imazalil para el control de antracnosis en papaya, lo cual es mayor en 33% a los resultados obtenidos en la presente investigación.

Cuadro 2. Efectividad de imazalil para el control de antracnosis en frutos de papaya, banano, mango y aguacate.

<b>Fruto</b>	<b>Fungicida</b>	<b>Concentración <math>\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}</math></b>	<b>Crecimiento del síntoma mm</b>	<b>Efectividad %</b>
papaya a	Testigo absoluto	0 a	145.34 a	-
	Imazalil	10 b	112.55 bc	$22.56 \pm 9.18$
	Imazalil	100 c	104.29 cde	$28.25 \pm 9.27$
	Imazalil	200 c	96.92 cdef	$33.32 \pm 2.67$
	Imazalil	600 d	90.04 cdefg	$38.05 \pm 2.14$
	Tiabendazol	840 c	132.15 ab	$9.08 \pm 3.21$
Banano d	Testigo absoluto	0	74.28 fghij	-
	Imazalil	10	65.09 hijkl	$12.37 \pm 4.44$
	Imazalil	100	51.71 jklm	$30.38 \pm 2.54$
	Imazalil	200	49.53 klmn	$33.32 \pm 4.04$
	Imazalil	600	26.37 n	$64.50 \pm 2.98$
	Tiabendazol	840	29.15 mn	$60.76 \pm 1.38$
Mango b	Testigo absoluto	0	108.02 cd	-
	Imazalil	10	95.87 cdefg	$11.25 \pm 2.02$
	Imazalil	100	92.17 cdefg	$14.68 \pm 2.19$
	Imazalil	200	84.99 defgh	$21.32 \pm 1.19$
	Imazalil	600	81.39 efghi	$24.66 \pm 1.79$
	Tiabendazol	840	83.98 efgh	$22.26 \pm 8.07$
Aguacate c	Testigo absoluto	0	80.36 fghi	-
	Imazalil	10	72.41 ghijk	$9.90 \pm 0.96$
	Imazalil	100	59.45 ijk	$26.03 \pm 2.42$
	Imazalil	200	49.38 klmn	$38.55 \pm 3.54$
	Imazalil	600	43.25 lmn	$46.18 \pm 2.42$
	Tiabendazol	840	53.54 jkl	$33.37 \pm 9.61$

Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes en cada columna (Tukey, 0.05). Los tratamientos principales se encuentran en la columna de fruto y fungicidas a sus concentraciones correspondientes. La interacción de los factores es el crecimiento del síntoma en mm.

En el caso de mango se obtuvo una efectividad de 24% a una dosis de  $600 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de i.a. de imazalil, esto nos indica que el patógeno presenta resistencia al fungicida, ya que la pérdida de control de una enfermedad es el primer indicativo de adquisición de resistencia (Brent, 1999), esto se refuerza con efectividades de 0 y 21% en aislados de mango cv. Haden provenientes de Sinaloa y Veracruz respectivamente (Gutiérrez *et al.*; 2003). En banano los resultados coinciden con Khan *et al.* (2001), que encontró una efectividad del 58% a una concentración de  $500 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de imazalil, también Johanson y Blazquez (1992) concluye que poseen un alto grado de acción protectora que se mantendrá durante el periodo que abarca el almacenamiento y transporte. En los factores principales se obtuvo que el fruto de banano presentó la efectividad mas alta esto se lo podemos atribuir al 3,4-dihidroxibenzaldehído (ácido protocatéquico) que se encuentra presente en la cascara de banano y tiene propiedades fungistáticas contra *Colletotrichum* spp. No se encontraron antecedentes de experimentos de *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de aguacate por los resultados obtenidos en esta investigación no se pudieron comparar.

Es importante la implementación de diferentes estrategias para disminuir el riesgo de inducción de resistencia, desde una plan de manejo y aplicaciones de fungicidas para control de enfermedades en campo, como la combinación o alternación con fungicidas de contacto (Brent, 1999), hasta el empleo de agentes físicos (calor, LUV) y biológicos (bacterias, levaduras), para obtener eficiencias de control aceptables (entre 95 y 98%) (Droby, 2000) en postcosecha.

## 1.7 Conclusiones

*In vitro*, imazalil obtuvo  $\text{CL}_{50}$  de 1.54 a 3.59 esto nos indica que se puede realizar un control adecuado de la enfermedad antes de la infección, *In vivo* el mejor control se observó en banano al lograr la mejor efectividad, aunque no deja de ser eficiente para el control de la antracnosis en aguacate, mango y papaya.

## 1.8 Literatura citada

- Abang M., M. 2003.** Genetic diversity of *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. Causing anthracnose disease of yam (*Dioscorea* spp.) in Nigeria. *Bibliotheca Mycologica* 197:5
- Abbot, W. S. 1923.** A method of computing the effectiveness of an insecticide. *Journal of economic entomology* 18:265-267.
- Agrios, G. N. 2005.** Plant Pathology. Fifth edition. Elsevier academic press pp:922
- Alvarez A., M. and W. T. Nishijima. 1987.** Postharvest disease of papaya. *Plant Disease* 71: 681-686.
- Arauz, L. F. 2000.** Mango anthracnose: Economic impact and current options for integrated management. *Plant Disease* 84:600-611.
- Becerra-Leor, E. N. 1995.** Enfermedades del cultivo de mango. En: Mata, B.I. y Mosqueda, V.R. 1995. La Producción de Mango en México. Noriega editores. México. 84-86 p.
- Brent, K. J. 1999.** Fungicide resistance in crop pathogens: How can it be managed?. Global Crop Protection Federation and Fungicide Resistance Action Committee. Monograph No. 1. Printed in the United Kingdom. 49 p.
- Cox, J. R. 1996.** Post-harvest treatment of bananas in the windward islands. In: Proceedings of the Brighton Crop Protection Conference, Farnham, UK: BCPC, 373-378.
- Derbyshire D., M. and M. R. Shipway. 1978.** Control of post-harvest deterioration in vegetables in the UK. *Outlines in Agriculture* 9: 246-254.
- Droby, S. 2000.** Biologically and physically-based methods for the control of postharvest decay of fruits. pp. 182-201.
- Eckert, J. W. 1990.** Recent developments in the chemical control of postharvest diseases. *Acta Horticulturae* 269:477-494.

**García -de Los Santos, B. and F. Muñoz R.** 2002. Effect of different fungicides in the control of *Colletotrichum acutatum*, causal agent of anthracnose crown rot in strawberry plants. Crop Protection 21: 11-15.

**Griffee P., J.** 1973. Resistance to benomyl and related fungicides in *Colletotrichum musae*. Transactions of the British Mycological Society 60, 433-439.

**Gutiérrez A., J. G., D. Nieto A., D. Téliz O., E. Zavaleta M., H. Vaquera H., D. Martínez H. y F. Delgadillo S.** 2001. Características de crecimiento, germinación, esporulación y patogenicidad de aislamientos de *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. obtenidos de frutos de mango (*Mangifera indica L.*). Revista Mexicana de Fitopatología 19:90-93.

**Gutiérrez A., J. G., O. Gutierrez A., D. Nieto A., D. Téliz O., E. Zavaleta M., F. Delgadillo S. y H. Vaquera H.** 2003. Evaluación de resistencia a imazlil, prochloraz y azoxystrobin en aislamientos de *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. Y Sacc. Y control de la antracnosis del mango (*Magnifera indica L.*) en postcosecha. Revista Mexicana de Fitopatología 21:379-383.

**Jeffries, P., J. C. Dodd, M. J. Jeger and R. A. Plumbley.** 1990. The biology and control of *Colletotrichum* species on tropical fruit crops. *Plant Pathology* 39: 343-366.

**Johanson, A. and B. Blazquez.** 1992. Fungi associated with banana crown rot on field-packed fruit from the Windward Islands and assessment of their sensitivity to the fungicides thiabendazole, prochloraz and imazalil. Crop Protection 11:79-83.

**Khan, S. H., J. Aked y N. Magan.** 2001. Control of the anthracnose pathogen of banana (*Colletotrichum musae*) using antioxidants alone and in combination with thiabendazole or imazalil. Plant Pathology, 50:601-608

**Kurt, S., S. Dervis and S. Sahinler.** 2003. Sensitivity of *Verticillium dahliae* to prochloraz and prochloraz-manganese complex and control of *Verticillium* wilt of cotton in the field. Crop Protection 22: 51-55.

**Lapeyre de Bellaire, L. and C. Dubois. 1997.** Distribution of thiabendazole-resistant *Colletotrichum musae* isolates from Guadeloupe banana plantations. Plant Disease 81: 1378±82.

**Manandhar, J. B., G. L. Hartman and T. C. Wang. 1995.** Conidial germination and appressorial formation of *Colletotrichum capsici* y *C. gloeosporioides* isolates from pepper. Plant Disease 79:361-366

**Montesinos, H. C., L. J. Smilanick, J. T. Steven, S. Walsb and L. Paloua. 2011.** Control of citrus postharvest decay by ammonia gas fumigation and its influence on the efficacy of the fungicide imazalil. Postharvest Biology and Technology 59: 85–93.

**Nery-Silva, F. A., J. da Cruz-Machado., L. C. de Olivera-Lima y M. L. Vilela-de Resende. 2001.** Controle químico da podridão peduncular de mamão causada por *Colletotrichum gloeosporioides*. Ciência Agrotechnology 25:519-525

**Okonkwo S., N., O. O. Around and C. O. Ogunsan. 1990.** Microbial rotting and preservation of banana fruits (*Musa sapientum* L.) in Nigeria. *Microbios Leiters* 44: 147-155.

**Prusky D., J. McEvoy, R. Leverenz and W Conway. 2001.** Local modulation of host pH by *Colletotrichum* species as a mechanism to increase virulence. Phytopathology 9:1105-1113.

**SAS Institute. 2010.** Users`s guide. Version 9.0. SAS. Institute Cary NC USA.

**Slabaugh W., R. and M. D. Grov. 1982.** Postharvest diseases of banana and their control. Plant Disease 66, 746-750.

**Xiao C., L., S. J. MacKenzie, D. E. Legard. 2004.** Genetic and pathogenic analyses of *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from strawberry and noncultivated host. Phytopathology 94:446-453.

**Yakoby N., R. Zhou, I. Kobiler, A. Dinoor and D. Prusky. 2001.** Development of *Colletotrichum gloeosporioides* restriction enzyme-mediated integration mutant as biocontrol agents against anthracnose disease in avocado fruits. Phytopathology 91:143-148.

**Zavala L., M. J., J. M. Tun S., J. C. Alejo, E. Ruiz S., O. Gutiérrez A., M. Vázquez C. y R.**

**Méndez G. 2005.** Control postcosecha de la antracnosis en papaya y sensibilidad de *Colletotrichum gloeosporioides* (penz.) Sacc. A fungicidas organosintéticos, Revista Chapingo. Serie horticultura, 251-255



## **CAPÍTULO II. VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Colletotrichum spp.* AISLADO DE FRUTOS TROPICALES MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD**

### **2.1 Resumen**

*Colletotrichum gloeosporioides*, *C. musae* y *C. acutatum* presenta una alta variabilidad morfológica, patogénica y genética, lo cual ha sido difícil de evaluar usando los métodos tradicionales. En los últimos años, las técnicas moleculares han facilitado la separación y caracterización genética. En este trabajo se evaluó la diversidad genética de 47 cepas monosporicas de *Colletotrichum spp.* causante de antracnosis aislados de 12 frutos tropicales de 10 estados de México. Se evaluaron morfológicamente los aislados para su identificación y se confirmaron con la secuenciación del producto de los espaciadores internos transcritos (ITS), la variabilidad genética se determinó utilizando las huellas genómicas producidas por la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a través del polimorfismo del ADN amplificado al azar (RAPD) con 10 iniciadores de la serie OPM y OPX. El análisis de agrupamiento UPGMA muestra grupos que se forman con base a localidades y fruto hospedero. El índice de variabilidad genética es de 0.3537 el cual es un valor alto, comparado con plantas superiores.

### **Palabras claves adicionales**

*Colletotrichum spp.*, variabilidad genética, RAPD e ITS.

## **2.2 Abstract**

**Additional key words**

## 2.3 Introducción

El hongo del género *Colletotrichum*, es un patógeno de distribución cosmopolita y con predominancia en los trópicos y subtrópicos (Xiao *et al.*; 2004). Entre las diversas enfermedades, la antracnosis causada es la enfermedad más grave ampliamente distribuida en todas las regiones de cultivo de frutales tropicales del mundo (Smooth, 1963 y Ploetz, 1999) y es un obstáculo importante en la expansión del comercio de exportación de mango (Jege, 1988). Este patógeno afecta tanto a las estructuras vegetativas como las reproductivas, se agrupa entre los patógenos más importantes en postcosecha (Abang, 2003), debido a la capacidad que tiene de provocar infecciones latentes, la enfermedad se manifiesta con la presencia de manchas circulares café oscuras y hundidas en el pericarpio (Prusky *et al.*, 2001).

En frutos de papaya, *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. y Sacc. causa pelado del fruto, mancha chocolate y antracnosis (Álvarez y Nishijima, 1987); enfermedades que afectan el exterior de los frutos y, por lo tanto, originan pérdidas económicas (Arauz, 2000). En aguacate ocasiona pérdidas del 4 al 7% en postcosecha; y en mango, las pérdidas fluctúan de 15 a 50% (Becerra-Leor, 1995), en pitahaya Takahashi (2008) reporta perdidas del 5%. La antracnosis en banano es causada por *Colletotrichum musae* (Berk. y Curt.) v. Arx afecta la calidad de la fruta, por lo que se tienen grandes pérdidas económicas en los trópicos (Derbyshire y Shipway, 1978; Jeffries *et al.*, 1990; Okonkwo *en al.*, 1990).

Es importante| la extracción de DNA para su uso en análisis de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), amplificación de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP), amplificaciones de ADN al azar (RAPD, APPCR, Construcción DAF), y bibliotecas genómicas. Existen metodologías para la extracción de ADN, Dellaporta *et al.* (1983); Bahl y Pfenniger (1996); Porebski *et al.* (1997) y Doyle y Doyle (1990), que han permitido trabajos en la caracterización molecular (Adato *et al.*, 1995, López-Valenzuela *et al.*, 1997; Ravishankar *et al.*, 2000), para facilitar la identificación y caracterización de individuos, estimación de variabilidad genética, así como la identificación de genes de interés agronómico o ecológico. Los marcadores RAPD´s muestran una tendencia mendeliana dominante (Correll y Guerber, 1993) y se han utilizado con éxito para analizar la diversidad de cepas pertenecientes a una variedad de especies de *Colletotrichum* (Kelemu *et al.*, 1999; Martinez-Culebras *et al.*, 2002; Afanador-

Kafuri *et al.*, 2003), se uso también para identificar y diferenciar aislamientos de *Colletotrichum graminicola* (Ces.) G.W. Wilson, agente causal de la antracnosis en sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench.] (Guthrie *et al.*, 1992); para identificar *Colletotrichum lupini* responsable de antracnosis en chile (Riegel; 2010), en la caracterización de aislados de *Colletotrichum gloeosporioides*, agente causal de la antracnosis en aguacate (*Persea americana* Mill.) (Morales *et al.*; 2009 y Montero-Tavera *et al.*; 2010). Con estos antecedentes y debido a los pocos trabajos que existen con relación a la variación genética de *Colletotrichum* spp. en México, se realizó el presente trabajo con el objetivo de determinar la variabilidad genética de 47 aislados de *Colletotrichum* spp. de 2 flores y 10 fruto diferentes de áreas productoras de México, mediante el uso de polimorfismos del DNA amplificados al azar (RAPD's).

#### 2.4 Materiales y métodos

**Origen y purificación del aislamiento de *Colletotrichum* spp.** Los aislamiento utilizados de *Colletotrichum* spp. fueron obtenidos de frutos de papaya (*Carica papaya*) cv Maradol; Carambolo (*Averrhoa carambola*); Banano (*Musa sapientum*); Pitahaya (*Hylocereus undatus*); Guanabana (*Annona muricata*); Maracuya (*Passiflora edulis*); Mango (*Mangifera indica*) cv Kent, Manila, Ataulfo, Corriente; Aguacate (*Persea americana*) cv Fuerte, Hass; Limón Mexicano (*Citrus aurantifolia*); Limón Persa (*Citrus latifolia*); Naranja (*Citrus sinensis*) y Granada China (*Passiflora ligularis*) con síntomas típicos de antracnosis, recolectados de las zonas productoras de los estados de Oaxaca, Veracruz, Tabasco, Sinaloa, Nayarit, Guerrero, Puebla, Chiapas, Michoacan y Colima. Los frutos se procesaron en el laboratorio de enfermedades de frutos en postcosecha del Colegio de Postgraduados.

Se utilizo la técnica de cultivo monoconidial en medio sólido papa-dextrosa-agar (PDA) (Manandhar *et al.*, 1995). Se realizaron los postulados de Koch y el aislamiento fue identificado de acuerdo a algunas características morfológicas mediante claves taxonómicas de Agrios (2005) y Gutiérrez *et al.* (2001). Se obtuvieron 47 aislados (Cuadro 5)

**Pruebas de agresividad.** Se preparo medio de cultivo en PDA en cajas Petri, Después de 24 horas se inoculo el hongo de cada aislamiento, colocando bocados de 5 mm de diámetro de PDA con micelio y conidios en el centro de la caja Petri. Los discos se incubaron a  $25 \pm 2^{\circ}\text{C}$  y luz

fluorescente continua. Cada tratamiento tuvo cinco repeticiones. Se uso un diseño experimental completamente al azar de 47 aislados de *Colletotrichum* spp. Se evaluó el crecimiento de la colonia midiendo diámetro polar y ecuatorial, las evaluaciones se realizaron diariamente durante 8 días. Los datos fueron sometidos a un análisis de varianza y a una prueba de comparación de medias (Tukey, 0.05) mediante el paquete estadístico SAS® para Windows (Versión 9.0).

**Pruebas de patogenicidad.** Para probar la patogenicidad de cada una de los aislados, se procedió de la siguiente manera: Frutos en inicio de climaterio, se desinfestaron con hipoclorito de sodio al 3% durante 2 min, posteriormente se secaron y se colocaron en cámaras húmedas, se realizaron dos heridas de 5 mm de profundidad con una aguja de disección estéril (Gutiérrez, 2003), la inoculación se realizó con 20 $\mu$ l de una suspensión de conidios ( $1 \times 10^5$ conidios.mL $^{-1}$ ) de cada aislado sobre el fruto correspondiente. Cada tratamientos tuvo 6 repeticiones, la unida experimental fue una herida inoculada. Se uso un diseño experimental completamente al Azar de 42 tratamientos. El diámetro ecuatorial y polar de cada una de las lesiones se midió durante 8 días. Los datos fueron sometidos a un análisis de varianza y a una prueba de comparación de medias (Tukey, 0.05) mediante el paquete estadístico SAS® para Windows (Versión 9.0).

**Extracción del DNA genómico de *Colletotrichum* spp.** La extracción del DNA fue de 47 aislados monospóricas de *Colletotrichum* spp., el método de extracción se adecuó de acuerdo a lo descrito por Doyle y Doyle (1990). Se colectó micelio a partir de un cultivo de PDA, con una semana de crecimiento a temperatura ambiente, después el micelio fue molido con nitrógeno líquido, se colectó 0.2 g de tejido del hongo en un tubo de microcentrifuga con capacidad de 2 mL, se agregó 1000  $\mu$ L de buffer de extracción (CTAB 2%, NaCl 1.4 M, EDTA•2H<sub>2</sub>O 200 mM, Tris-HCL 100 mM pH 8.0), la suspensión se agitó con vortex durante un minuto e incubó a 65°C durante 30 min. Después de enfriar la mezcla se agregó 250  $\mu$ L de KCH<sub>3</sub>CO<sub>2</sub> 5 M, se agitó durante 1 min y centrifugó a 12 000 rpm durante 5 min a 4°C. Después de recuperar el sobrenadante, fue extraído con 500  $\mu$ L de cloroformo-alcohol isoamílico (24:1; v/v), se agitó 1 min y centrifugó a 12,000 rpm por 5 min a 4°C. Se recuperó el sobrenadante y adicionó  $\frac{2}{3}$  partes de isopropanol frío y 100  $\mu$ L de NaC<sub>2</sub>H<sub>3</sub>O<sub>2</sub> 3M pH 4.8, se mezcló suavemente y dejó reposar durante 12 h a 4 °C. Posteriormente se centrifugó por 5 min a 12,000 rpm a 4 °C y eliminó el sobrenadante, el precipitado fue lavado con 200  $\mu$ l de etanol al 70% y secado por 5 min a 37°C. Los ácidos nucleicos se resuspendieron en 300  $\mu$ L agua desionizada estéril, se agregó RNAsa (3

$\mu$ L de RNAsa 10 mg/mL) incubándose a 37°C por 60 min, se eliminó la RNAsa y las sales, y finalmente el precipitado se resuspendió en 100  $\mu$ L de TE 1X. El ADN obtenido se observó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con bromuro de etidio (0.2 $\mu$ g/ $\mu$ L); los resultados observados se documentaron a través de fotografías para posteriormente ser analizados y la concentración del ADN se calculó por densidad óptica

**Amplificación por PCR y secuenciación de 5.8s-ITS del ADNr** Los aislados de *Colletotrichum* spp. se caracterizaron por análisis de secuencia de nucleótidos. Para esto, las regiones ITS-5.8s fueron amplificados con los iniciadores universales ITS2 e ITS5. Las reacciones de PCR se realizaron en volúmenes de reacción de 25 $\mu$ L (Cuadro 3). La amplificación se llevó a cabo en un termociclador C1000 Touch (BIO-RAD, Hercules, CA, USA) con el siguiente programa: 4 min a 95°C, seguido de 35 ciclos de 1 min a 95°C, 2 min a 52°C y 1 min a 72°C, y por último 10 min a 70°C. Los productos de PCR obtenido se observaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con bromuro de etidio (0.2 $\mu$ g/ $\mu$ L); los resultados observados se documentaron a través de fotografías para posteriormente ser analizados. La secuenciación del ADN se realizó con dos iniciadores (ITS2 e ITS5) en ambas direcciones para asegurarse de que no había lectura errónea. Los productos de PCR fueron purificados y secuenciados por el Laboratorio Nacional de Biotecnología Agrícola, Médica y Ambiental (LAMBAMA) del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT). La alineación y la edición se llevaron a cabo con el programa BioEdit v 7.0.5 y visualmente corregido. Las secuencias se compararon contra los que están disponibles en la base de datos GenBank.

**Análisis con RAPD's.** La reacción de RAPDs se llevó a cabo usando 10 oligonucleótidos decámeros de secuencias al azar, comercializados por **Sigma Aldrich® (USA)**. Las cantidades, concentraciones finales y reactivos para preparar la mezcla de reacción se presentan en el Cuadro 3. El peso molecular y secuencia de bases de los oligonucleótidos utilizados se muestran en el Cuadro 4. Se mezclaron todos los reactivos a las concentraciones indicadas agregando al final el DNA, el volumen final de la reacción fue de 25  $\mu$ L. La amplificación se llevó a cabo en un termociclador C1000 Touch (BIO-RAD, Hercules, CA, USA) con el siguiente programa: 5 min a 95°C, seguido de 45 ciclos de 1 min a 95°C, 1 min a 39°C y 1.5 min a 72°C, y por último 7 min a 72°C. La separación de productos amplificados, incluyendo un marcador de peso molecular

conocido (100 bp DNA ladder de Invitrogen, 100 bp y 1 kb DNA ladder de Fermentas molecular Biology), se realizó en un gel de agarosa al 1.5%. El DNA amplificado fue teñido con bromuro de etidio (0.5 mg/mL) y se visualizó bajo luz ultravioleta; los resultados observados se documentaron a través de fotografías para posteriormente ser analizados.

Cuadro 3. Compuestos y concentraciones necesarias para efectuar una reacción de amplificación de-ITS y RAPD's.

Compuesto	Concentración	ITS	RAPD's
		Cantidad ( $\mu$ L)	Cantidad ( $\mu$ L)
Buffer de reacción (200 mM Tris pH 8.4, 500 mM KCl)	10X		2.5
MgCl <sub>2</sub>	50mM		2.0
dNTP's (adenina, guanina, citocina y timina)	400mM		1.0
Oligonucleótido	2.5 $\mu$ M		5.0
Master Mix		12.5	
DNA genómico de <i>Colletotrichum</i> spp.	15 $\mu$ g	2.0	2.0
Taq polimerasa	1.5 unidades		1.0
Primer ITS 2	2.5 $\mu$ M	1.0	
Primer ITS 5	2.5 $\mu$ M	1.0	
Agua		8.5	11.5
<b>TOTAL</b>		<b>25.0</b>	<b>25.0</b>

Cuadro 4. Características de los oligonucleótidos (Sigma Aldrich®) usados para determinar la variabilidad genética de 47 cepas de *Colletotrichum gloeosporioides*.

Iniciador	Secuencia (5' a 3')	Peso molecular (Mol)	Iniciador	Secuencia (5' a 3')	Peso molecular (Mol)
OPM-01	GTTGGTGGCT	3090	OPM-06	CTGGGCAACT	3028
OPM-02	ACAACGCCTC	2957	OPM-07	CCGTGACTCA	2988
OPM-03	GGGGGATGAG	3173	OPM-08	TCTGTTCCCC	2930
OPM-04	GGCGGGTTGTC	3075	OPX-01	CTGGGCACGA	3053
OPM-05	GGGAACGTGC	3108	OPX-13	ACGGGAGCAA	3086

**Análisis de datos.** El análisis inicia con la observación directa de los polimorfismos que se muestran en la fotografía como un patrón de bandas específico para cada individuo, en el cual, dichas bandas han sido numeradas en relación con su migración en orden ascendente a partir de

la de mayor peso molecular. Se asume que tales bandas o fragmentos amplificados en diferentes individuos son idénticos si tienen el mismo peso molecular. La presencia y/o ausencia de cada banda particular, se le asignó un valor numérico: 1 para denotar presencia y 0 para ausencia. Las distancias genéticas se estimaron usando el método de Skroch *et al.* (1992), el cual es un coeficiente de apareamiento simple, que es igual a la proporción de diferencias con respecto al número total de bandas comparadas. Con estas distancias se generó una matriz (esta matriz contenía las distancias entre todos los posibles pares de individuos), la cual se usó para obtener el dendrograma por el método de promedio aritmético de grupos de pares no ponderados (UPGMA), usando el programa NTSYSpc 2.2 para Windows. Con estos datos se realizó el análisis de robustez del dendrograma, mediante la obtención del coeficiente de confianza Dice para cada agrupamiento (nodo); para lo cual, se obtuvieron 1000 muestras de remuestreo con las cuales se hacen 1000 “réplicas bootstrap” de la matriz de disimilaridad, y con ellas se obtienen 1000 dendrogramas, para posteriormente comparar cada uno de ellos con el dendrograma elaborado a partir de los datos originales, obteniendo de esta forma el porcentaje de veces que cada nodo se repitió con el programa Free Tree (Hampl *et al.*, 2001) y la edición se realizó en el programa Tree View 1.6.6.

## 2.5 Resultados

Se identificó morfológicamente (Figura 2) que los patógenos aislados corresponden a *Colletotrichum gloeosporioides*, *C. musae*, *C. acutatum* y *C. boninense* y fueron confirmados con la secuenciación del producto de los espaciadores internos transcritos (ITS) (Figura 4) en donde se observa que los fragmentos son aproximadamente de 600 pb, con el resultado de ambas pruebas (Cuadro 5) se tuvo que *C. gloeosporioides* es el agente causal de la antracnosis de papaya, carambolo, pitahaya, guanábana, maracuyá, mango, aguacate, flor de naranja y granada; *C. musae* es responsable de la antracnosis en banano; *C. acutatum* en flor de limón mexicano y limón persa, y *C. boninense* de granada china.

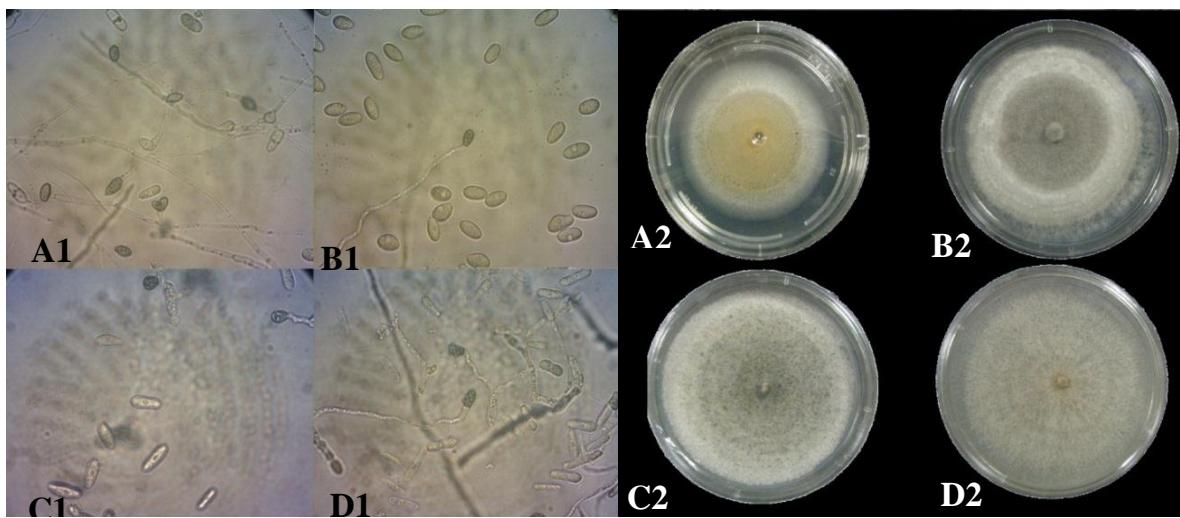


Figura 3. 1) Conidios germinados y formación de apresorios; 2) Colonias de *Colletotrichum spp.* de los aislados evaluados; A) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de papaya cv. Maradol procedente de Michoacán PapMic6; B) *Colletotrichum musae* aislado de Banano de Veracruz BanVer6; C) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de mango cv. Manila de Guerrero MnmGro4; D) *Colletotrichum gloeosporioides* aislado de Aguacate Hass de Michoacán AghMic4.

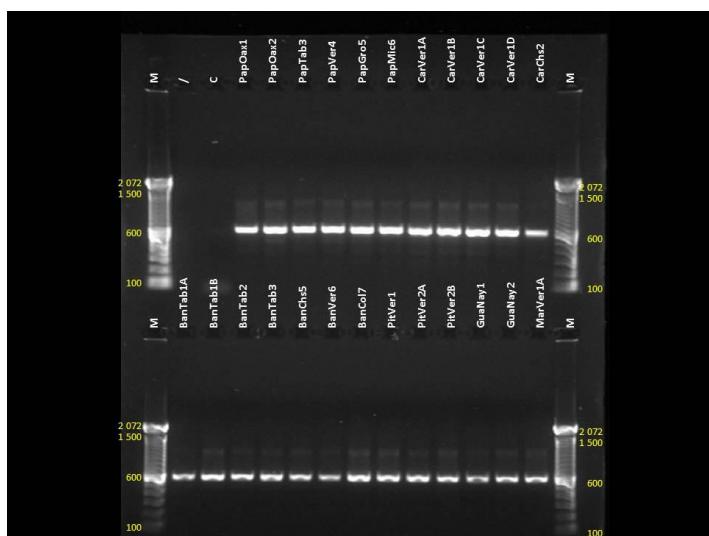


Figura 4. Amplificación con los iniciadores ITS2 e ITS5 para las muestras Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2);

maracuyá de Veracruz (MarVer1A) y Marcador de peso molecular 100 bp DNA landder de Invitrogen (M).

Cuadro 5. Identificación de los aislados y patógeno responsable de la antracnosis identificado morfológicamente y confirmado por ITS.

No.	Aislado	Fruto	Lugar de procedencia	Patógeno
1	PapOax1	Papaya	Oaxaca	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
2	PapOax2	Papaya	Oaxaca	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
3	PapTab3	Papaya	Tabasco	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
4	PapVer4	Papaya	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
5	PapGro5	Papaya	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
6	PapMic6	Papaya	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
7	CarVer1A	Carambolo	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
8	CarVer1B	Carambolo	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
9	CarVer1C	Carambolo	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
10	CarVer1D	Carambolo	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
11	CarChs2	Carambolo	Chiapas	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
12	BanTab1A	Banano	Tabasco	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
13	BanTab1B	Banano	Tabasco	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
14	BanTab2	Banano	Tabasco	<i>Colletotrichum musae</i>
15	BanTab3	Banano	Tabasco	<i>Colletotrichum musae</i>
16	BanTab4	Banano	Tabasco	<i>Colletotrichum musae</i>
17	BanChs5	Banano	Chiapas	<i>Colletotrichum musae</i>
18	BanVer6	Banano	Veracruz	<i>Colletotrichum musae</i>
19	BanCol7	Banano	Colima	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
20	PitVer1	Pitahaya	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
21	PitVer2A	Pitahaya	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
22	PitVer2B	Pitahaya	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
23	GuaNay1	Guanábana	Nayarit	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
24	GuaNay2	Guanábana	Nayarit	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
25	MarVer1A	Maracuyá	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
26	MarVer1B	Maracuyá	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
27	MnkGro2B	Mango kent	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
28	MnkGro2D	Mango kent	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
29	MnmSin3A	Mango manila	Sinaloa	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
30	MnmSin3B	Mango manila	Sinaloa	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
31	MnmSin3C	Mango manila	Sinaloa	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
32	MnmGro4	Mango manila	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
33	MnaGro5	Mango ataulfo	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
34	MncVer6	Mango corriente	Veracruz	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
35	AgfSin1A	Aguacate fuerte	Sinaloa	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>

Cuadro 5. Continuación.

No.	Aislado	Fruto	Lugar de procedencia	Patógeno
36	AgfSin1B	Aguacate fuerte	Sinaloa	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
37	AgfNay2	Aguacate fuerte	Nayarit	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
38	AghMic3A	Aguacate hass	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
39	AghMic3B	Aguacate hass	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
40	AghMic4	Aguacate hass	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
41	LimVer1	Limón mexicano	Veracruz	<i>Colletotrichum acutatum</i>
42	LimCol2	Limón mexicano	Colima	<i>Colletotrichum acutatum</i>
43	LipOax3	Limón persa	Oaxaca	<i>Colletotrichum acutatum</i>
44	NarOax1	Naranja	Oaxaca	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
45	NarOax2	Naranja	Oaxaca	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
46	GrcPue1B	Granada china	Puebla	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
47	GrcPue1C	Granada china	Puebla	<i>Colletotrichum boninense</i>

En las pruebas de agresividad el análisis de varianza (Cuadro 6) y la comparación de medias (Tukey, 0.05) detectó diferencia significativa entre tratamientos (Cuadro 8), mostrando que el aislado banano de Veracruz (BanVer6) fue el más agresivo en crecimiento micelial con una acumulación de 349.99 mm, en contraste con el aislado AghMic4 (Aguacate cv. hass procedente de Michoacán) en fruto, ya que el valor mas bajo perteneció al aislado de flor de limón mexicano de Veracruz (LimVer1) con una media de 165.06 mm.

Cuadro 6. ANOVA de prueba de agresividad.

FV	GL	SC	CM	Fc	SIG
Tra	46	472,240.97	10,266.11	96.33	*
Error	188	20,034.71	106.57		
Total	234	492275.6753			
CV	3.7490				
R <sup>2</sup>	0.9593				

\*indica que las diferencias de los tratamientos que conforman esa fuente de variación son estadísticamente significativas ( $P \leq 0.05$ ). NS\*indica que las diferencias de los tratamientos que conforman esa fuente de variación no son estadísticamente significativas ( $P \leq 0.05$ ). **FV** es la fuente de variación, **Tra** Aislados de *Colletotrichum* spp., **CV** coeficiente de variación, **GL**

grados de libertad, **SC** suma de cuadrado, **CM** cuadrado medio, **Fc** valor de f y **SIG** significancia.

En las pruebas de patogenicidad también el análisis de varianza (Cuadro 7) y la comparación de medias (Tukey, 0.05) detecto diferencia significativa entre tratamientos, se obtuvo una incidencia del 100%, y la cepa mas patogénica fue el aislado de pitahaya cultivado en Veracruz (Pit Ver2B) con una acumulación de crecimiento del síntoma de 206.52 mm, seguido del aislamiento obtenido de papaya de Oaxaca (PapOax2) y pitahaya de Veracruz) PitVer1 con un acumulamiento de 206.49 y 204.79 mm respectivamente. El aislado con menor patogenicidad fue el obtenido de Guanábana proveniente de Nayarit (GuaNay2) con un valor de 50.262mm.

Cuadro 7. ANOVA de prueba de patogenisidad.

FV	GL	SC	CM	Fc	SIG
Tra	41	503,677.76	12,284.82	33.07	*
Error	210	78,015.41	371.50		
Total	251	581,693.17			
CV		14.4325			
R <sup>2</sup>		0.8659			

\*indica que las diferencias de los tratamientos que conforman esa fuente de variación son estadísticamente significativas ( $P \leq 0.05$ ). NS\*indica que las diferencias de los tratamientos que conforman esa fuente de variación no son estadísticamente significativas ( $P \leq 0.05$ ). **FV** es la fuente de variación, **Tra** Aislados de *Colletotrichum* spp., **CV** coeficiente de variación, **GL** grados de libertad, **SC** suma de cuadrado, **CM** cuadrado medio, **Fc** valor de f y **SIG** significancia.

Cuadro 8. Pruebas de agresividad y patógenicidad.

No.	Aislado	Pruebas Morfológicas		Pruebas de Patogenicidad	
		Media	Desviación estandar	Media	Desviación estandar
1	PapOax1	251.2169	MN	113.9446	HJK
2	PapOax2	235.3870	NOPQ	206.4983	A
3	PapTab3	223.1294	OPQR	179.7921	ABCD
4	PapVer4	237.7898	NOP	178.4206	ABCD
5	PapGro5	215.1669	PQR	176.7539	ABCDE

Cuadro 8. Continuación.

No.	Aislado	Pruebas Morfológicas			Pruebas de Patogenicidad		
		Media	Desviación estandar	Media	Desviación estandar		
6	PapMic6	307.0370	CDEFGHI	2.1997	156.2105	BCDEFGH	17.6120
7	CarVer1A	324.3045	ABCD	8.0041	70.7252	KL	6.9589
8	CarVer1B	319.9415	BCDE	12.1149	70.6979	KL	6.6927
9	CarVer1C	319.2470	BCDEF	10.4059	70.0281	KL	7.1555
10	CarVer1D	319.0990	BCDEF	13.0736	67.2167	L	2.4262
11	CarChs2	321.0225	BCDE	1.3754	66.5006	L	4.1198
12	BanTab1A	296.8295	EFGHIJK	15.6439	135.9775	DEFGH	15.1595
13	BanTab1B	293.1675	FGHIJK	12.1037	133.1025	EFGH	14.1993
14	BanTab2	345.3405	AB	3.4196	75.4041	JKL	9.3464
15	BanTab3	315.3819	CDEFG	14.0670	119.5520	GHIJ	26.9149
16	BanTab4	327.9644	ABC	4.6749	136.7500	DEFGH	14.4523
17	BanChs5	317.6725	CDEFG	11.2306	138.1525	CDEFGH	10.1196
18	BanVer6	349.9919	A	10.1852	138.1525	CDEFGH	10.1196
19	BanCol7	280.7444	IJKL	5.3772	72.4458	KL	11.5996
20	PitVer1	298.4435	DEFGHIJK	2.6373	204.7988	A	2.6591
21	PitVer2A	252.8780	MN	19.4863	178.5971	ABCD	26.3575
22	PitVer2B	300.1710	DEFGHIJ	13.0546	206.5213	A	22.0240
23	GuaNay1	311.4435	CDEFGH	11.9988	54.0529	L	4.8365
24	GuaNay2	274.3169	JKLM	30.1030	50.2629	L	4.9937
25	MarVer1A	323.1840	BCD	7.9823	122.0866	GHI	15.1576
26	MarVer1B	291.4495	GHIJK	8.8108	83.0751	IJKL	9.0921
27	MnkGro2B	305.7045	CDEFGHI	3.7645	181.3758	ABC	27.2986
28	MnkGro2D	286.8594	HJK	15.1078	173.1446	ABCDEF	24.1030
29	MnmSin3A	259.7138	LMN	14.5028	183.2475	AB	10.0931
30	MnmSin3B	236.2731	NOPQ	13.7360	179.2988	ABCD	36.1540
31	MnmSin3C	219.1069	PQR	1.0632	162.9267	ABCDEFG	23.2250
32	MnmGro4	210.5475	QR	5.5720	160.2454	BCDEFG	18.9899
33	MnaGro5	246.6225	NO	2.4519	172.1013	ABCDEF	34.9723
34	MncVer6	218.4120	PQR	3.3127	149.3259	BCDEFGH	31.7342
35	AgfSin1A	319.4195	BCDEF	7.3338	141.0358	BCDEFGH	24.5171
36	AgfSin1B	311.0970	CDEFGH	3.8703	141.8692	BCDEFGH	24.9138
37	AgfNay2	298.2690	DEFGHIJK	4.2990	149.7875	BCDEFGH	19.4301
38	AghMic3A	257.8130	LMN	7.7532	140.1104	BCDEFGH	13.3667
39	AghMic3B	273.2940	KLM	9.1348	140.6089	BCDEFGH	19.1516
40	AghMic4	205.5131	R	13.1636	131.1383	FGH	27.1641
41	LimVer1	165.0690	S	11.0947	-	-	-
42	LimCol2	170.0200	S	14.2259	-	-	-

Cuadro 8. Continuación.

No.	Aislado	Pruebas Morfológicas		Pruebas de Patogenicidad	
		Media	Desviación estandar	Media	Desviación estandar
43	LipOax3	248.9288	MNO	8.8712	- -
44	NarOax1	255.2519	LMN	1.1338	- -
45	NarOax2	237.5444	NOP	2.9765	- -
46	GrcPue1B	306.3270	CDEFGHI	3.2112	83.0751 IJKL 9.0921
47	GrcPue1C	257.7156	LMN	1.0314	114.0220 HIJK 27.1255

Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes en cada columna (Tukey, 0.05).

Se probaron doce iniciadores en el genoma de *Colletotrichum* spp., aislados de diferentes frutos y colectados en diferentes lugares de México. Las huellas digitales generadas se evaluaron de acuerdo a la claridad general del patrón de bandas y fueron elegidos los iniciadores 10 OPM-01, OPM-02, OPM-03, OPM-04, OPM-05, OPM-06, OPM-07, OPM-08, OPX-01 y OPX-13 ya que son fiables y reproducibles, de los cuales se identificaron un total de 198 bandas, también se detectaron polimorfismos entre los aislamientos seleccionados.

## 2.6 Discusión

Cada uno de los patrones RAPD obtenidos de los aislamientos de *Colletotrichum* spp. con los iniciadores OPM-01, OPM-02, OPM-03 y OPM-05 (Figura 5) muestran una serie de amplicones importantes que fueron compartidos por grupos de aislamientos, esto es visible en el grupo de los aislamientos obtenidos de aguacate (AgfSin1A, AgfSin1B, AgfNay2, AghMic3A y AghMic3B), flores de limón mexicano (LimVer1 y LimCol2), flores de limón persa y naranja (LipOax3, NarOax1 y NarOax2), carambolo (CarVer1A, CarVer1B, CarVer1C y CarVer1D), pitahaya (PitVer1, PitVer2A y PitVer2B), guanábana (GuaNay1 y GuaNay2), y mango manila (MnmSin3A, MnmSin3B y MnmSin3C), en el caso de los aislados obtenidos de banano se nota que se divide en dos grupos el primero lo constituye BanTab1A y BanTab1B el segundo grupo esta constituido por BanTab2, BanTab3, BanTab4, BanChs5 y BanVer6, esto coincide con la diferencia de especies que son *Colletotrichum gloeosporioides* y *Colletotrichum musae* respectivamente, este comportamiento es similar a los descrito por Gupta *et al.* (2010) en mango. Se nota que el patrón de los marcadores depende de la especie y del hospedero. Kanchalika *et al.*,

(2010) sugiere que los marcadores RAPD puede ser una alternativa rápida y fiable para diferenciar los aislamientos de *C. gloeosporioides* en su grupo respectivo patógeno, Weeds *et al.* (2003) determina que con los polimorfismos identificados se establecen huellas de ADN, usados para caracterizar razas.

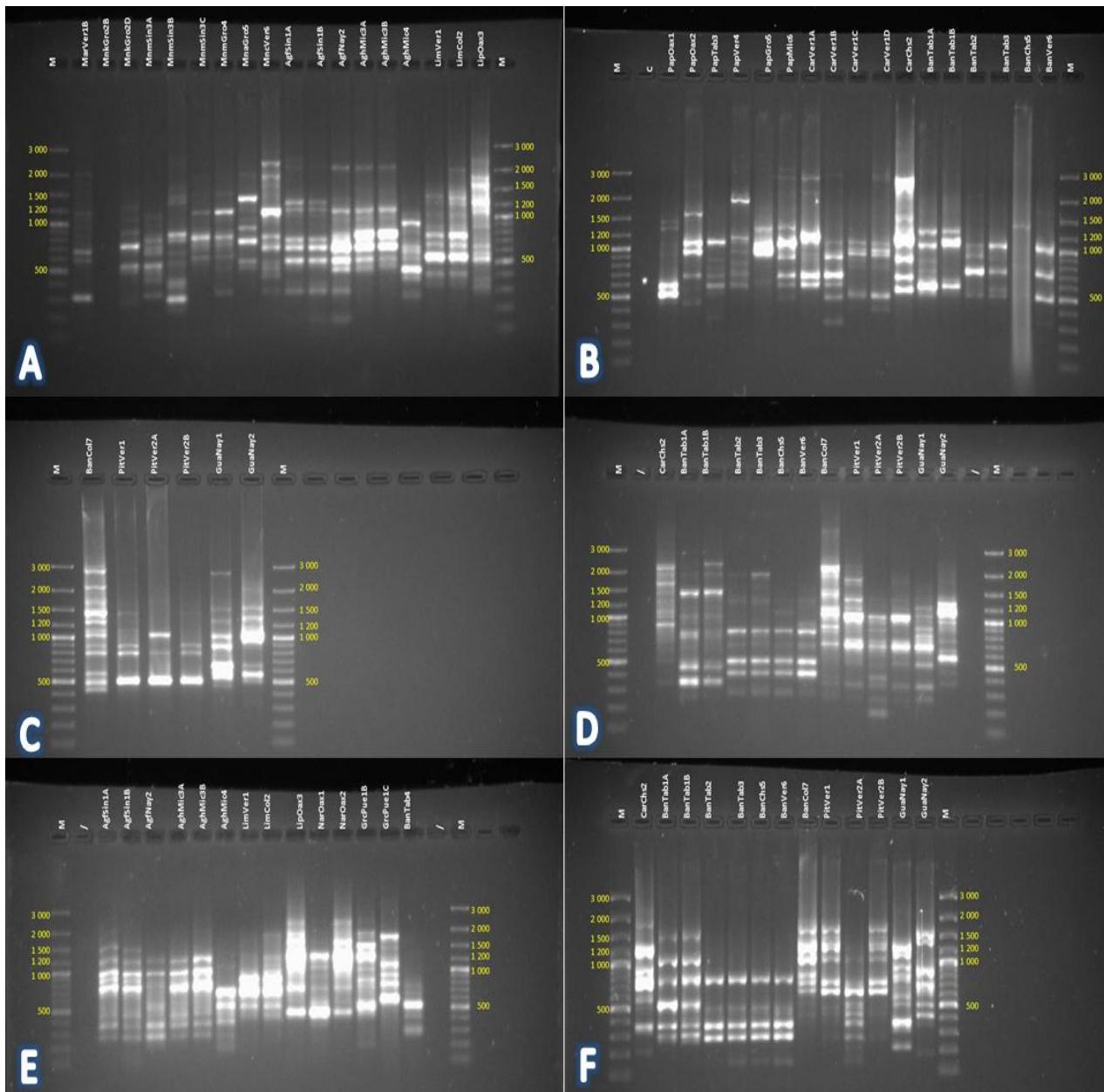


Figura 5. RAPD huellas digitales obtenido con los iniciadores seleccionados arbitrariamente A) OPM-01; B y C) OPM-02; D y E) OPM-03 y F) OPM-05.

El análisis de medias (Tukey, 0.05) de los estudios de agresividad y patogenicidad se observó la formación de grupos de acuerdo al hospedero y especie de *Colletotrichum* spp., con esto se muestra un comportamiento homogéneo similar al descrito en el análisis de RAPD anteriormente, la patogenicidad que se presenta *in vitro* e *in vivo* es diferente pero no pierde la agrupación, la patogenicidad fue una de las características que se usaron para la determinación de variabilidad en *Colletotrichum gloeosporioides* patógeno en aguacate (Montero *et al.*, 2010), también Casarrubias *et al.* (2003) encontraron diversidad patogénica entre aislados de *C. gloeosporioides* de fruto de papaya procedentes de Veracruz, Chiapas y Campeche, de la misma manera y propusieron que esta característica se puede correlacionar con grupos obtenidos en un dendrograma, realizado con datos de marcadores moleculares RAPD.

El dendrograma obtenido del análisis de agrupamiento UPGMA (Figura 6) muestra al separación en dos grandes grupos **I** y **II** en el primer grupo se encuentran los aislados obtenidos de papaya, carambolo y banano, en el segundo grupo encontramos los aislados obtenidos de mango, piyahaya, guanábana, naranja, limón, maracuyá y aguacate, estos grupos tiene una similitud del 30%, después se observan 5 grupos en los cuales la similitud se encuentra entre 35 y 49% y por ultimo encontramos 9 grupos pequeños (A, B, C, D, E, F, G, H e I) de los cuales su valor de similitud se encuentra entre 39 y 90%.donde se observa que la agrupación es por la especie de *Colletotrichum* sp. y el fruto de donde se obtuvo el aislamiento, También se obtuvo agrupaciones específicas por el lugar de procedencia del fruto y la variedad, considerando que la especie es la misma.

En el caso de los aislamientos obtenidos de banano el patógeno causante es *C. gloeosporioides* y *C. musae*, en el dendrograma se define claramente la agrupación por especie con una similitud de 45%, en el caso de la similitud de cada especie es de 30 a 78% y de 70 a 82% para *C. gloeosporioides* y *C. musae* respectivamente, los resultados coinciden con los reportados por Zakaria *et al.* (2009) en el caso de *C. musae*. En el caso de los aislamientos obtenidos de cítricos (limón mexicano, limón persa y naranja) presentan un comportamiento similar al descrito anteriormente. Cuatro de los cinco aislamientos de aguacate presentan una similitud de 63 a 87% y el aislamiento AghMic4 presenta una similitud del 30% en comparación al resto y coincide con el análisis de agresividad, lo cual nos da un valor de variabilidad genética de 0.5093 que es un valor muy alto partiendo los trabajos desarrollados en Michoacán que arrojan un valor de 0.4101

(Morales *et al.*, 2009) y 0.344 (Montero *et al.*, 2010). El índice de variabilidad genética es de 0.3537 el cual es un valor alto, comparado con plantas superiores como el tomate de cáscara silvestre que tiene un índice de 0.3828 y maíz criollo con un valor de 0.3500 (Montero *et al.*, 1998), también coincide con lo reportado por Braithwaite (1990) y Hodson (1993) mediante el análisis del ADN ribosoma, mitocondrial y nuclear usando la técnica de RFLP en aislamientos de *C. gloeosporioides* de diferente hospedante. Esta variabilidad genética tan amplia puede ser debida a la gran patogenicidad y al amplio rango de hospedantes del patógeno observado en la naturaleza.

Las poblaciones de *Colletotrichum* son muy variables genéticamente, la transferencia intergenerérica de genes ribosómicos reportada por Xie *et al.* (2008) es una posible fuente de variabilidad genética, otra forma es el intercambio de material genético por la diseminación (esporas) de *Colletotrichum* spp. Los resultados proporcionan un conocimiento básico de la estructura de la población y la diversidad genética de *Colletotrichum* spp. asociado con la antracnosis de los diferentes cultivares, el desarrollo de huellas genéticas ayudan a desarrollar métodos eficaces de identificación para el control de la enfermedad por medios químicos biológicos, e inclusive genéticos (cultivares resistentes). La estructura de la población y la diversidad genética de un patógeno puede afectar a la capacidad del patógeno para evolucionar en respuesta a estas medidas de control (Abang., 2003).

## 2.7 Conclusiones

Las relaciones genéticas que se establecen entre las diferentes aislados mosporicos están influenciadas por el fruto hospedero, por la región de origen y por los síntomas que producen.

La variabilidad genética es muy amplia, lo cual se refleja en el alto valor del índice de variabilidad genética obtenido.

Se concluye que *Colletotrichum* spp. es un hongo genéticamente variable.

Los iniciadores OPM-01, OPM-02, OPM-03 y OPM-05 son los más eficientes para caracterizar las poblaciones de *Colletotrichum* spp.

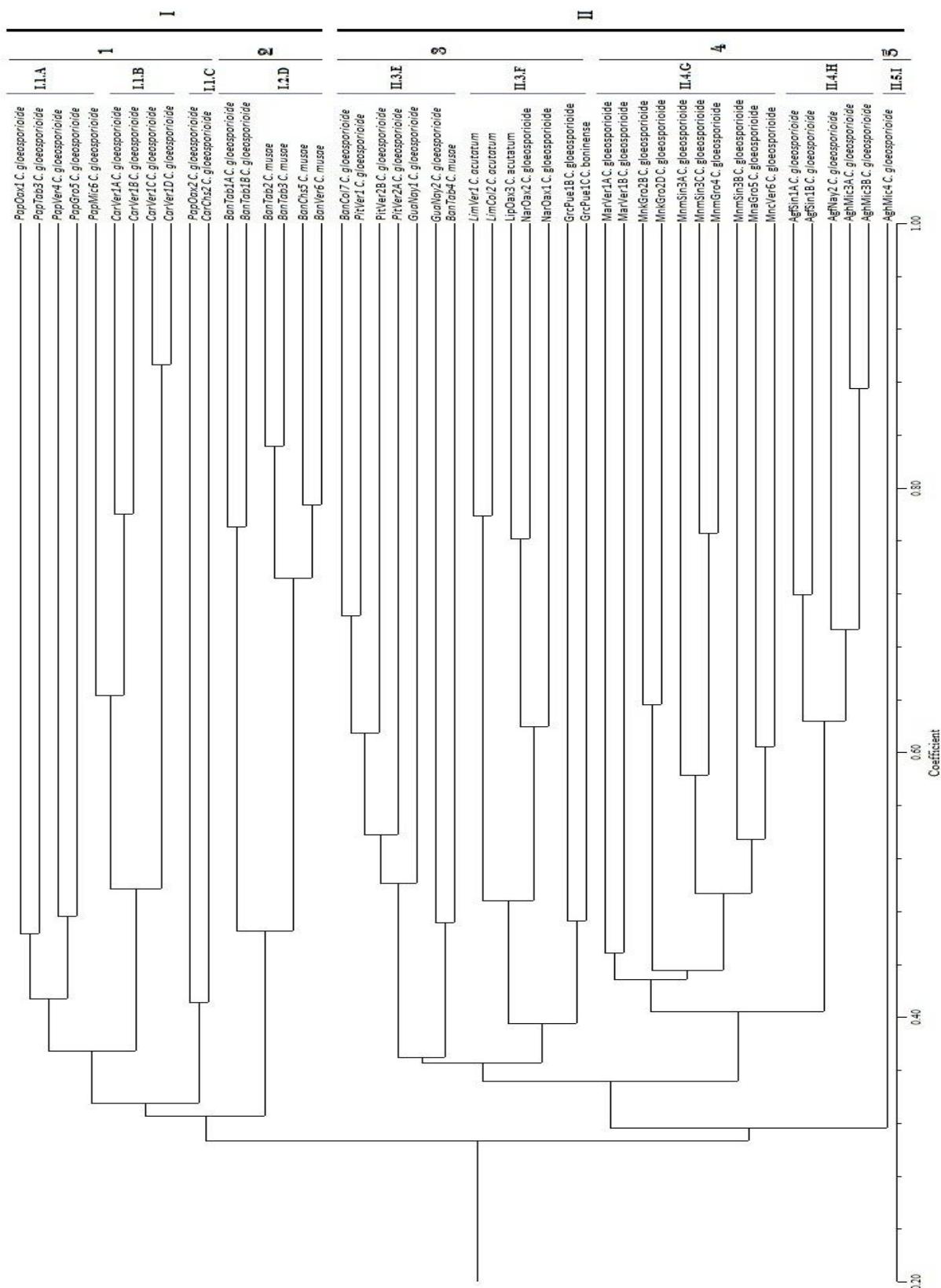


Figura 6. Dendograma con análisis de agrupamiento UPGMA de 47 aislados de *Colletotrichum* spp.

## 2.8 Literatura citada

- Abang M M (2003)** Genetic diversity of *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. Causing anthracnose disease of yam (*Dioscorea* spp.) in Nigeria. *Bibliotheca Mycologica*. 197:5p
- Abang, M. M., S. Winter, H. D. Mignouna, K. R. Green and R. Asiedu. 2003.** Molecular taxonomic, epidemiological and population genetic approaches to understanding yam anthracnose disease. *African Journal of Biotechnology* 2(12): 486–496.
- Adato, A., D. Sharon, U. Lavi, J. Hillel and S. Gazit. 1995.** Application of DNA fingerprints for identification and genetic analyses of mango (*Mangifera indica* L.) genotypes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 120(2):259-264.
- Afanador-Kafuri, L., D. Minz, M. Maymon and S. Freeman. 2003.** Characterization of *Colletotrichum* isolates from tamarillo, passiflora, and mango in Colombia and identification of a unique species from the genus. *Phytopathology*, 93, 579–587.
- Agrios, G. N. 2005.** Plant Pathology. Fifth edition. Elsevier academic press pp:922
- Alvarez, A. M. and W. T. Nishijima. 1987.** Postharvest disease of papaya. *Plant Disease* 71: 681-686.
- Arauz, L. F. 2000.** Mango anthracnose: Economic impact and current options for integrated management. *Plant Disease* 84:600-611.
- Bahl, A. and M. Pfenninger. 1996.** A rapid method of DNA isolation using laundry detergent. *Nucleic Acids Research* 24(7):1.587-1.588.
- Becerra-Leor, E. N. 1995.** Enfermedades del cultivo de mango. En: Mata, B.I. y Mosqueda, V.R. 1995. La Producción de Mango en México. Noriega editores. México. 84-86 p.
- Braithwaite, K. S., J. A. Irwin G. and J. M. Manners. 1990.** Restriction fragment length polymorphisms in *Colletotrichum gloeosporioides* infecting *Sylosanthes* spp. in Australia. *Mycological Research* 94, 1129-1137.

**Casarrubias, C. U., M. M. González C., A- Cruz H., E. Cárdenas S., D. Nieto A., R. G. Guevara G.** 2003. Variabilidad genética de *Colletotrichum gloeosporioides* aislados de frutos de papaya (*Carica papaya L.*) mediante el uso de marcadores moleculares RAPD. Rev. Mex. Fitopatol. 21:338-345.

**Correll, J. C., and J. C. Guerber.** 1993. Examination of mitocondrial DNA restriction fragment length polymorphisms, DNA fingerprints and randomly amplified polymorphic DNA of *Colletotrichum orbiculare*. Phytopathology 83:1199-1204.

**Dellaporta, S. J., J. Wood and J. B. Hicks.** 1983. A plant DNA minipreparation: version II. Plant Mol. Rep. 1:19-21.

**Derbyshire, D. M., M. R. Shipway.** 1978. Control of post-harvest deterioration in vegetables in the UK. Outlines in Agriculture 9: 246-254.

**Doyle, J. J. and J. L. Doyle.** 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12:13-15.

**Gupta, V. K., A. Pandey, P. Kumar, B. K. Pandey, R. K. Gaur, V. Bajpai, N. Sharma and S. Sharma.** 2010. Genetic characterization of mango anthracnose pathogen *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. by random amplified polymorphic DNA analysis. African Journal of Biotechnology 9(26): 4009-4013

**Guthrie, P. A. I., C. W. Magill, R. A. Frederiksen and G. N. Odvody.** 1992. Random amplified polymorphic DNA markers: A system for identifying and differentiating isolates of *Colletotrichum graminicola*. Phytopathology 82:832-835.

**Gutiérrez A., J. G., D. Nieto A., D. Téliz O., E. Zavaleta M., H. Vaquera H., D. Martínez H. y F. Delgadillo S.** 2001. Características de crecimiento, germinación, esporulación y patogenicidad de aislamientos de *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. obtenidos de frutos de mango (*Mangifera indica L.*). Revista Mexicana de Fitopatología 19:90-93.

**Gutiérrez A., J. G., O. Gutiérrez A., D. Nieto A., D. Téliz O., E. Zavaleta M., F. Delgadillo S. y H. Vaquera H.** 2003. Evaluación de resistencia a imazlil, prochloraz y azoxystrobin en aislamientos de *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. Y Sacc. Y control de la

antracnosis del mango (*Mangifera indica* L.) en postcosecha. Revista Mexicana de Fitopatología 21:379-383.

**Hampl, V., A. Pavlicek and J. Flegr. 2001.** Construction and bootstrap analysis of DNA fingerprinting-based phylogenetic trees with a freeware program FreeTree: application to trichomonad parasites. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 51, 731–735.

**Hodson, A., P. R. Mills and A. E. Brown. 1993.** Ribosomal and mitochondrial DNA polymorphisms in *Colleotrichum gloeosporioides* isolated from tropical fruits. Mycol. Res. 97 (3): 329-335.

**Jeffries, P., J. C. Dodd, M. J. Jeger and R. A. Plumbley. 1990.** The biology and control of *Colletotrichum* species on tropical fruit crops. Plant Pathology 39: 343-366.

**Jeger, P. and R. A. Plumbley. 1988.** Post harvest losses caused by anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) of tropical fruits and vegetables. Biodeterioration 7: 642-646.

**Kanchalika, R., W. Hong-Kai, L. Fu-Cheng and S. Kasem. 2010.** ISSR for comparison of cross-inoculation potential of *Colletotrichum capsici* causing chilli anthracnose. African Journal of Microbiology Research 4(1): 076-083

**Kelemu, S.; Z. D. Skinner; L. J. Badel; X. C. Moreno; X. M. Rodríguez, D. C. Fernández, J. M. Charchar, and S. Chakraborty. 1999.** Genetic diversity in south american *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from *Stylosanthes guianensis*, a tropical forage legume. Eur. J. Plant. Pathol. 105:261-272.

**López-Valenzuela, J., O. Martínez and O. Paredes-López. 1997.** Geographic differentiation and embryo type identification in *Mangifera indica* L. cultivars using RAPD markers. HortScience 32(6):1.105-1.108.

**Manandhar, J. B., G. L. Hartman and T. C. Wang. 1995.** Conidial germination and appressorial formation of *Colletotrichum capsici* y *C. gloeosporioides* isolates from pepper. Plant Disease 79:361-366

**Martínez-Culebras, P.V., E. Barrio, M. B. Suarez-Fernandez, M. D. García-Lopez and A. Querol.** 2002. RAPD analysis of *Colletotrichum* species isolated from strawberry and the design of specific primers for the identification of *C. fragariae*. J. Phytopathol. 150, 680–686.

**Montero, T. V., L. Montalvo H., J. L. Morales G., H. S. Azpíroz R.; A. Peña L. y A. Gálvez M.** 1998. Estimación de la variabilidad genética intrapoblacional mediante el uso de fragmentos de ADN amplificados al azar. Agric. Téc. Méx. 24(1):83-89.

**Montero-Tavera, V., J. L. Morales G., M. M. González C., J. L. Anaya L., T. Corona T. y A. Gálvez M.** 2010. Diversidad genética, patogénica y morfológica del hongo *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) de Michoacán, México. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 2 (1): 159-174.

**Morales, J. L. G., M. P. Rodríguez G., H. S. Azpíroz R. y M. E. Pedraza S.** 2009. Characterization of *Colletotrichum gloeosporioides* Penz. isolates obtained from avocado (*Persea Americana* Mill.) fruits cv. Hass from different producing regions of Michoacán, Mexico using Random Amplified Polymorphic DNA. Agrícola 9 (4): 837-847.

**Okonkwo, S. N., O. O. Around and C. O. Ogunsan.** 1990. Microbial rotting and preservation of banana fruits (*Musa sapientum* L.) in Nigeria. Microbios Leiters 44: 147-155.

**Ploetz, R.** 1999. Anthracnose: most important disease in much of the mango producing world. The News Letter of the Plant Pathol 3: 1-6.

**Porebski, S.; G. Bailey and B. Baum** 1997. Modification of a CTAB DNA Extraction Protocol for Plants Containing High Polysaccharide and Polyphenol Components. Plant Molecular Biology Reporter 15(1):8-15.

**Prusky, D., J. McEvoy, R. Leverentz and W. Conway.** 2001. Local modulation of host pH by *Colletotrichum* species as a mechanism to increase virulence. Phytopathology 9:1105-1113.

**Ravishankar, K., L. Anand and M. Dinesh.** 2000. Assessment of genetic relatedness among mango cultivars of India using RAPD markers. Jour. Hort. Sci. Biotech 75(2):198-201.

**Riegel, R., D. Véliz1, I. Baer, Y. Quiral and M. Muñoz. 2010.** Genetic diversity and virulence of *Colletotrichum lupini* isolates collected in Chile. Tropical Plant Pathology. 35(3): 144-152.

**SAS Institute. 2010.** Users` s guide. Version 9.0. SAS. Institute Cary NC USA.

**Skroch, P., J. Tivang, and J. Nienhuis. 1992.** Analysis of genetic relationships using RAPD´s marker data. Joint Plant Breeding Symposia. Crop Science Society of America – American Society for Horticultural Science – American Genetic Association. Minneapolis, MN, USA. pp. 26-29.

**Smooth, J.J. and R. H. Segall. 1963.** Hot water as a post harvest control of mango anthracnose. Plant Disease Reporter 47(8):739-742.

**Takahashi, L. M., D. D. Rosa, M. A. Basseto, H. G. de Souza and E. L. Furtado. 2008.** First report of *Colletotrichum gloeosporioides* on *Hylocereus megalanthus* in Brazil. Australasian Plant Disease Notes 3:96-97.

**Weeds, P. L., S. Chakraborty, C. D. Fernandes, M. J. D. A. Charchar, C. R. Ramesh, Y. Kexian, S. Kelemu. 2003.** Genetic diversity in *Colletotrichum gloeosporioides* from *Stylosanthes* spp. at centers of origin and utilization. Phytopathology 93: 176-185.

**Xiao, C. L., S. J. MacKenzie and D. E. Legard. 2004.** Genetic and pathogenic analyses of *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from strawberry and noncultivated host. Phytopathology 94:446-453.

**Xie, J., Y. Fu, D. Jiang, G. Li, B. Li, T. Hsiang and Y. Peng. 2008.** Intergeneric transfer of ribosomal genes between two fungi. BMC. Evol. Biol. 8:72-87.

**Zakaria, L., S. Sahak, M. Zakaria and B. Salleh. 2009.** Characterisation of *Colletotrichum* Species Associated with Anthracnose of Banana. Tropical Life Sciences Research 20(2): 119–125

### 3. ANEXOS

#### 3.1 Pruebas morfológicas.

#### 3.2 Pruebas de efectividad biológica de imazalil en el control de *Colletotrichum spp.* in vitro

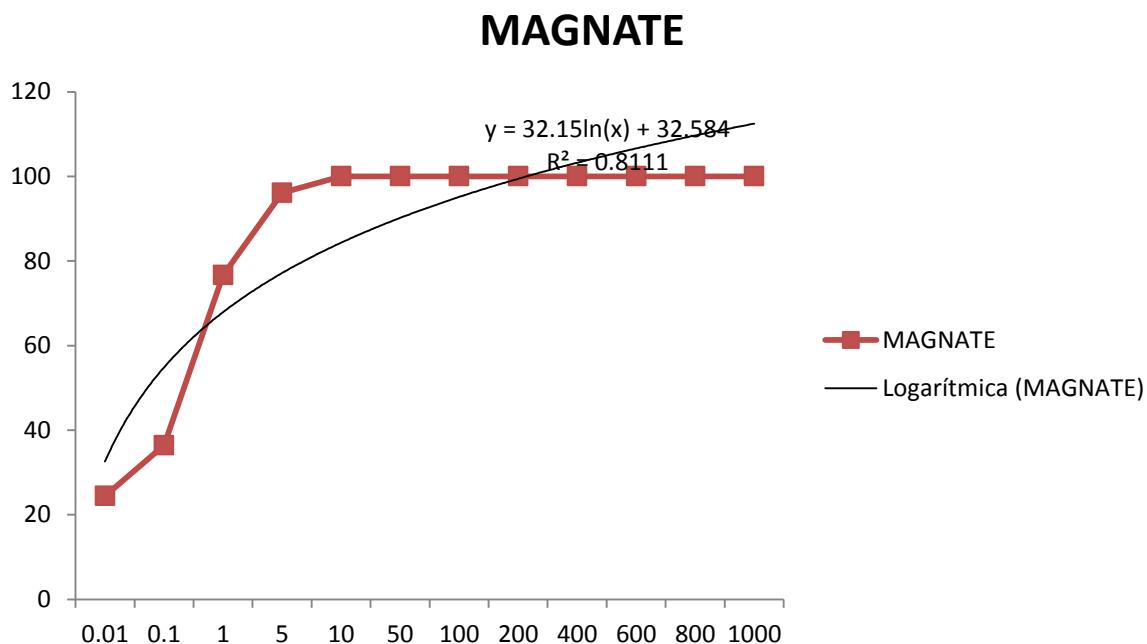


Figura 7. Curva de tendencia para el calculo de dosis letal en la prueba de efectividad bilógica de imazalil *in vitro*.

Cuadro 9. Patógeno causante de la antracnosis en papaya, banano, mango y aguacate, y concentración letal 50 y 70 en mg.L<sup>-1</sup> en experimento *in vitro*.

Aislado	Fruto	Lugar de procedencia	Patógeno causante	$\frac{\text{mg.L}^{-1}}{\text{DL}_{50} \text{ DL}_{70}}$
---------	-------	----------------------	-------------------	---

PapMic6	Papaya	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	3.59	6.54
BanVer6	Banano	Veracruz	<i>Colletotrichum musae</i>	1.54	3.18
MnmGro4	Mango manila	Guerrero	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	2.41	5.82
AghMic4	Aguacate hass	Michoacán	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	1.72	3.20

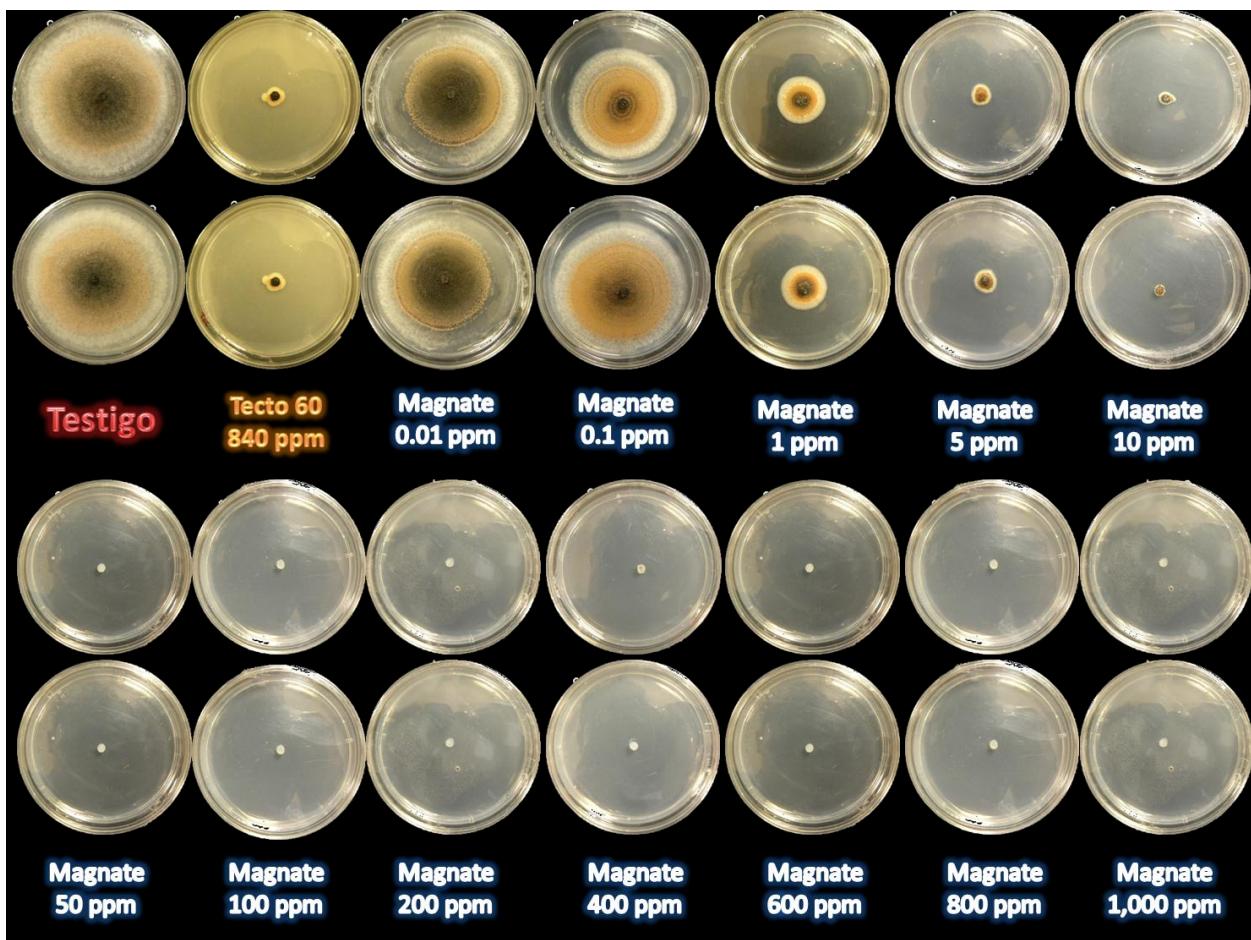


Figura 8. Resultados de prueba de efectividad biológica *in vitro*, en Magnate.

### 3.3 Pruebas de efectividad biológica de imazalil en el control de Colletotrichum spp. in vivo

#### 3.3.1 Programación en SAS ® de ANOVA y comparacion de medias (Tukey, 0.05) y resultados

```
DATA F2CA;
DO F=1 TO 4;
DO D=1 TO 6;
DO R=1 TO 6;
COFD=10*F+D;
INPUT Y@@;
OUTPUT;
END;
END;
END;
CARDS;
129.97    153.73    156.30    139.64    142.75    149.67
94.78     70.01     139.90    131.87    129.93    108.84
81.60     126.74    68.00     92.67     129.13    127.59
99.87     103.77    94.54     82.39     101.77    99.17
96.97     97.14     91.33     83.66     88.11     83.01
144.04    131.34    130.55    119.26    126.13    141.57
68.63     79.74     71.59     75.41     74.48     75.82
64.46     69.19     54.43     65.74     74.04     62.67
46.44     50.97     50.48     54.64     50.45     57.28
46.77     50.32     49.07     54.92     56.36     39.74
23.78     26.11     20.84     33.82     25.29     28.39
30.62     28.30     30.13     31.67     28.17     25.99
135.02    99.94     90.20     124.44    88.27     110.29
90.86     91.19     97.97     94.35     100.06    100.79
99.88     88.83     88.69     87.46     94.37     93.78
82.75     87.29     83.29     86.97     87.62     82.02
74.02     84.99     81.76     83.23     81.06     83.29
96.39     68.32     64.67     102.57    100.01    71.91
92.24     80.49     82.97     82.27     77.16     67.04
74.11     73.15     71.26     73.90     71.74     70.28
59.86     55.61     56.93     58.68     66.75     58.84
50.95     53.10     52.40     44.72     54.91     40.20
43.66     39.04     44.46     47.19     47.06     38.12
72.62     37.65     32.01     60.07     59.78     59.14
;
PROC PRINT;
PROC UNIVARIATE NORMAL;
BY F D;
VAR Y;
PROC ANOVA;
CLASS F D;
MODEL Y= F D F*D;
MEANS F D /TUKEY;
PROC ANOVA;
CLASS COFD;
MODEL Y=COFD;
MEANS COFD/TUKEY;
```

**RUN;**

SALIDA EN SAS

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 1

Obs	F	D	R	CODF	Y
1	1	1	1	11	129.97
2	1	1	2	11	153.73
3	1	1	3	11	156.30
4	1	1	4	11	139.64
5	1	1	5	11	142.75
6	1	1	6	11	149.67
7	1	2	1	12	94.78
8	1	2	2	12	70.01
9	1	2	3	12	139.90
10	1	2	4	12	131.87
11	1	2	5	12	129.93
12	1	2	6	12	108.84
13	1	3	1	13	81.60
14	1	3	2	13	126.74
15	1	3	3	13	68.00
16	1	3	4	13	92.67
17	1	3	5	13	129.13
18	1	3	6	13	127.59
19	1	4	1	14	99.87
20	1	4	2	14	103.77
21	1	4	3	14	94.54
22	1	4	4	14	82.39
23	1	4	5	14	101.77
24	1	4	6	14	99.17
25	1	5	1	15	96.97
26	1	5	2	15	97.14
27	1	5	3	15	91.33
28	1	5	4	15	83.66
29	1	5	5	15	88.11
30	1	5	6	15	83.01
31	1	6	1	16	144.04
32	1	6	2	16	131.34
33	1	6	3	16	130.55
34	1	6	4	16	119.26
35	1	6	5	16	126.13
36	1	6	6	16	141.57
37	2	1	1	21	68.63
38	2	1	2	21	79.74
39	2	1	3	21	71.59
40	2	1	4	21	75.41
41	2	1	5	21	74.48
42	2	1	6	21	75.82
43	2	2	1	22	64.46
44	2	2	2	22	69.19
45	2	2	3	22	54.43
46	2	2	4	22	65.74
47	2	2	5	22	74.04
48	2	2	6	22	62.67
49	2	3	1	23	46.44

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 2

Obs	F	D	R	COFD	Y
50	2	3	2	23	50.97
51	2	3	3	23	50.48
52	2	3	4	23	54.64
53	2	3	5	23	50.45
54	2	3	6	23	57.28
55	2	4	1	24	46.77
56	2	4	2	24	50.32
57	2	4	3	24	49.07
58	2	4	4	24	54.92
59	2	4	5	24	56.36
60	2	4	6	24	39.74
61	2	5	1	25	23.78
62	2	5	2	25	26.11
63	2	5	3	25	20.84
64	2	5	4	25	33.82
65	2	5	5	25	25.29
66	2	5	6	25	28.39
67	2	6	1	26	30.62
68	2	6	2	26	28.30
69	2	6	3	26	30.13
70	2	6	4	26	31.67
71	2	6	5	26	28.17
72	2	6	6	26	25.99
73	3	1	1	31	135.02
74	3	1	2	31	99.94
75	3	1	3	31	90.20
76	3	1	4	31	124.44
77	3	1	5	31	88.27
78	3	1	6	31	110.29
79	3	2	1	32	90.86
80	3	2	2	32	91.19
81	3	2	3	32	97.97
82	3	2	4	32	94.35
83	3	2	5	32	100.06
84	3	2	6	32	100.79
85	3	3	1	33	99.88
86	3	3	2	33	88.83
87	3	3	3	33	88.69
88	3	3	4	33	87.46
89	3	3	5	33	94.37
90	3	3	6	33	93.78
91	3	4	1	34	82.75
92	3	4	2	34	87.29
93	3	4	3	34	83.29
94	3	4	4	34	86.97
95	3	4	5	34	87.62
96	3	4	6	34	82.02
97	3	5	1	35	74.02
98	3	5	2	35	84.99

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 3

Obs	F	D	R	COFD	Y
99	3	5	3	35	81.76
100	3	5	4	35	83.23
101	3	5	5	35	81.06
102	3	5	6	35	83.29
103	3	6	1	36	96.39
104	3	6	2	36	68.32
105	3	6	3	36	64.67
106	3	6	4	36	102.57
107	3	6	5	36	100.01
108	3	6	6	36	71.91
109	4	1	1	41	92.24
110	4	1	2	41	80.49
111	4	1	3	41	82.97
112	4	1	4	41	82.27
113	4	1	5	41	77.16
114	4	1	6	41	67.04
115	4	2	1	42	74.11
116	4	2	2	42	73.15
117	4	2	3	42	71.26
118	4	2	4	42	73.90
119	4	2	5	42	71.74
120	4	2	6	42	70.28
121	4	3	1	43	59.86
122	4	3	2	43	55.61
123	4	3	3	43	56.93
124	4	3	4	43	58.68
125	4	3	5	43	66.75
126	4	3	6	43	58.84
127	4	4	1	44	50.95
128	4	4	2	44	53.10
129	4	4	3	44	52.40
130	4	4	4	44	44.72
131	4	4	5	44	54.91
132	4	4	6	44	40.20
133	4	5	1	45	43.66
134	4	5	2	45	39.04
135	4	5	3	45	44.46
136	4	5	4	45	47.19
137	4	5	5	45	47.06
138	4	5	6	45	38.12
139	4	6	1	46	72.62
140	4	6	2	46	37.65
141	4	6	3	46	32.01
142	4	6	4	46	60.07
143	4	6	5	46	59.78
144	4	6	6	46	59.14

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 4

Procedimiento ANOVA

Información del nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
F	4	1 2 3 4
D	6	1 2 3 4 5 6

Número de observaciones 144

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 5

Procedimiento ANOVA

Variable dependiente: Y

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	23	126650.4770	5506.5425	44.83	<.0001
Error	120	14738.4889	122.8207		
Total correcto	143	141388.9659			

R-cuadrado	Coef Var	Raiz MSE	Y Media
0.895759	14.13102	11.08245	78.42639

Fuente	DF	Anova SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
F	3	93171.56145	31057.18715	252.87	<.0001
D	5	24824.30422	4964.86084	40.42	<.0001
F*D	15	8654.61135	576.97409	4.70	<.0001

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 6

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

NOTA: Este test controla el índice de error experimentwise de tipo I, pero normalmente tiene un índice de error de tipo II más elevado que REGWQ.

Alfa	0.05
Error de grados de libertad	120
Error de cuadrado medio	122.8207
Valor crítico del rango estudiantizado	3.68460
Diferencia significativa mínima	6.8057

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento	Media	N	F
A	113.548	36	1
B	91.071	36	3
C	59.732	36	4
D	49.354	36	2

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 7

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

NOTA: Este test controla el índice de error experimentwise de tipo I, pero normalmente tiene un índice de error de tipo II más elevado que REGWQ.

Alfa	0.05
Error de grados de libertad	120
Error de cuadrado medio	122.8207
Valor crítico del rango estudiantizado	4.09599
Diferencia significativa mínima	9.2659

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento	Media	N	D
A	102.003	24	1
B	86.480	24	2
C	76.903	24	3
C	74.705	24	6
C	70.205	24	4
D	60.264	24	5

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 8

Procedimiento ANOVA

Información del nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
COFD	24	11 12 13 14 15 16 21 22 23 24 25 26 31 32 33 34 35 36 41 42 43 44 45 46

Número de observaciones 144

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 9

Procedimiento ANOVA

Variable dependiente: Y

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	23	126650.4770	5506.5425	44.83	<.0001
Error	120	14738.4889	122.8207		
Total correcto	143	141388.9659			

R-cuadrado	Coef Var	Raiz MSE	Y Media
0.895759	14.13102	11.08245	78.42639

Fuente	DF	Anova SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
COFD	23	126650.4770	5506.5425	44.83	<.0001

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 10

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

NOTA: Este test controla el índice de error experimentwise de tipo I, pero normalmente tiene un índice de error de tipo II más elevado que REGWQ.

Alfa	0.05
Error de grados de libertad	120
Error de cuadrado medio	122.8207
Valor crítico del rango estudiantizado	5.26617
Diferencia significativa mínima	23.826

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento		Media	N	COFD	
	A	145.343	6	11	
	A				
B	A	132.148	6	16	
B					
B	C	112.555	6	12	
B	C				
D	C	108.027	6	31	
D	C				
D	C	E	6	13	
D	C	E			
D	F	C	E	96.918	
D	F	C	E		
G	D	F	C	E	95.870
G	D	F	C	E	
G	D	F	C	E	92.168
G	D	F	C	E	
G	D	F	C	E	90.037
G	D	F	C	E	
G	D	F	H	E	84.990
G	D	F	H	E	
G	F	H	E		83.978
G	F	H	E		
G	I	F	H	E	81.392
G	I	F	H		
G	I	F	H		80.362
G	I	F	H		
G	I	F	H	J	74.278
G	I	F	H	J	
G	I	K	H	J	72.407
I	K	H	J		
L	I	K	H	J	65.088
L	I	K	H	J	

Sistema SAS 18:51 Thursday, February 24, 2012 11

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento				Media	N	COFD
L	I	K	J			
L	I	K	J	59.445	6	43
L		K	J			
L		K	J	53.545	6	46
L		K	J			
L		K	M	51.710	6	23
L		K	M			
L	N	K	M	49.530	6	24
L	N	K	M			
L	N	K	M	49.380	6	44
L	N		M			
L	N		M	43.255	6	45
N		M				
N		M		29.147	6	26
N						
N				26.372	6	25

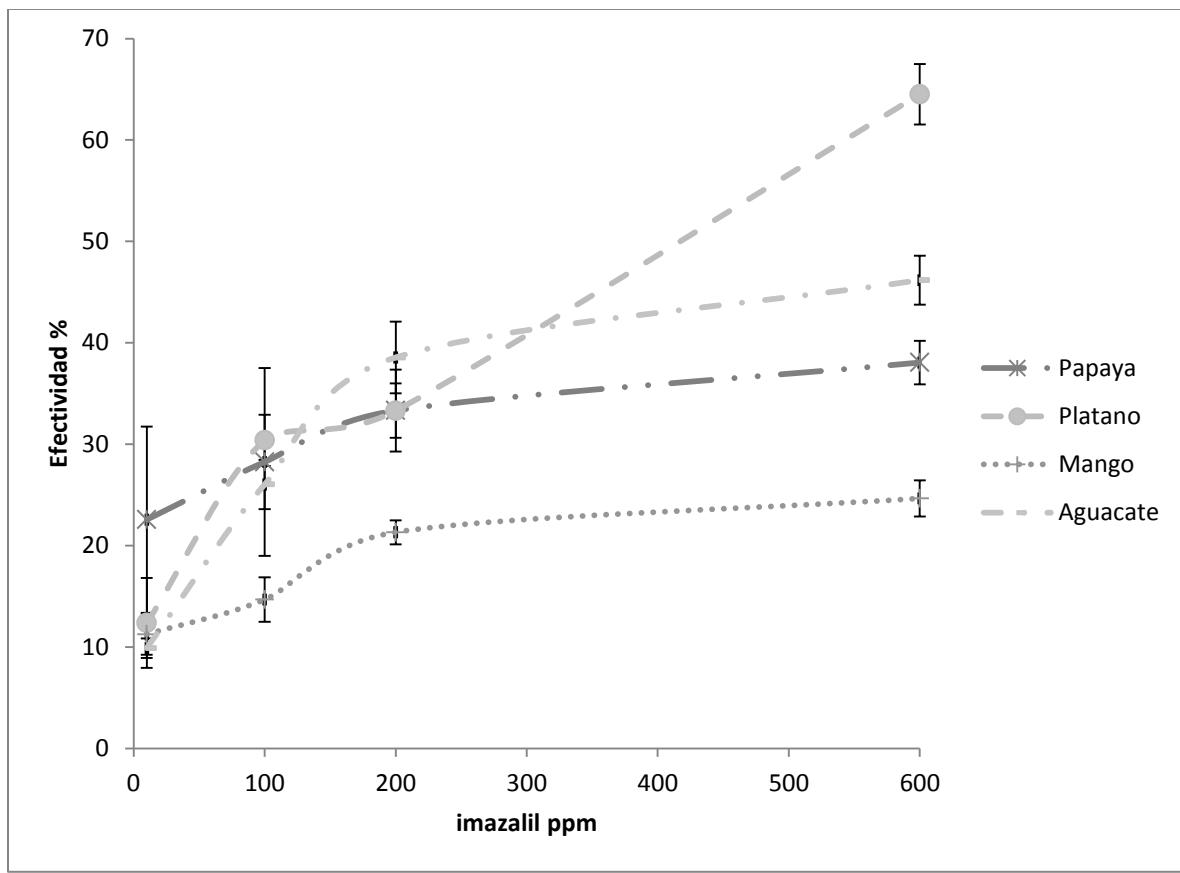


Figura 9. Prueba de efectividad biológica de imazalil *in vivo*.

Cuadro 10. Concentración letal 50, 70 y 90 en mg.L-1 de imazalil, para el control de antracnosis en papaya, banano, mango y aguacate.

Fruto	R <sup>2</sup>	CL <sub>50</sub>	CL <sub>70</sub>	CL <sub>90</sub>
Papaya	<b>0.8348</b>	1,058.89	1,913.59	2,768.29
Plátano	<b>0.9585</b>	409.81	655.21	900.60
Mango	<b>0.8058</b>	1,744.83	2,692.70	3,640.57
Aguacate	<b>0.7429</b>	605.45	986.40	1,367.35

### 3.4 Programación en SAS ® de ANOVA y comparacion de medias (Tukey, 0.05) y resultados

#### 3.4.1 Pruebas de agresividad

```
DATA CRECA;
DO TRA=1 TO 47;
DO R=1 TO 5;
INPUT Y@@;
OUTPUT;
END;
END;
CARDS;
255.2525 257.715 227.475 264.425 251.216875
236.14 234.795 241.1 232.4 232.5
238.5625 214.9475 221.7225 217.285 223.129375
244.955 234.0165 229.6975 243.4 236.88
222.9525 209.74 214.735 213.24 215.166875
306.695 304.785 307.0275 310.66 306.0175
314.3975 319.905 325.32 325.98 335.92
318.13 333.4825 329.1025 302.485 316.5075
327.4025 308.695 315.0075 312.19 332.94
328.3625 316.2 298.0325 322.115 330.785
319.6975 319.675 321.77 321.095 322.875
285.5425 287.46 284.3725 307.895 318.8775
311.17 284.8775 280.17 297.88 291.74
344.065 348.7375 347.9525 345.765 340.1825
338.9625 312.435 307.7025 302.4275 315.381875
320.6375 333.125 327.505 330.59 327.964375
307.23 314.6125 336.5675 312.28 317.6725
347.05 334.66 360.59 357.6675 349.991875
278.2575 275.315 289.635 279.77 280.744375
296.9225 295.255 300.885 297.7325 301.4225
279.52 232.1775 243.0375 243.0775 266.5775
300.9375 312.5275 278.1225 303.5275 305.74
292.235 315.7775 324.715 309.93 314.56
310.5875 297.5325 243.895 245.2525 274.316875
331.33 326.1875 313.1075 316.4275 328.8675
298.85 301.075 281.055 292.2 284.0675
299.95 307.8375 310.005 305.75 304.98
309.8825 289.88 278 269.675 286.859375
270.75 236.52 258.455 273.13 259.71375
245.0575 221.445 224.4725 254.1175 236.273125
218.14 220.2125 220.1225 217.9525 219.106875
207.495 205.795 208.89 220.01 210.5475
245.365 250.8525 244.8575 245.415 246.6225
220.72 215.165 222.215 214.805 219.155
328.3275 309.31 316.6 318.4675 324.3925
311.71 313.4625 306.9475 315.9275 307.4375
292.75 300.385 302.525 301.045 294.64
265.05 250.14 253.73 252.92 267.225
274.135 284.65 267.09 261.705 278.89
200.115 197.5 228.185 196.2525 205.513125
147.47 161.695 169.45 170.68 176.05
195.33 165.615 163.68 164.01 161.465
```

```

245.6925    255.2225    235.9975    258.8025    248.92875
255.51      256.82      255.0275    253.65      255.251875
237.435     235.2975    242.4375    235.0075    237.544375
302.48      304.525     309.1125    310.14      305.3775
256.2675    259.1825    257.76      257.6525    257.715625
;
PROC PRINT;
PROC ANOVA;
CLASS TRA;
MODEL Y=TRA;
MEANS TRA;
MEANS TRA/TUKEY;
RUN;

```

Sistema SAS      22:45 Saturday, May 19, 2012    1

Obs	TRA	R	Y
1	1	1	255.253
2	1	2	257.715
3	1	3	227.475
4	1	4	264.425
5	1	5	251.217
6	2	1	236.140
7	2	2	234.795
8	2	3	241.100
9	2	4	232.400
10	2	5	232.500
11	3	1	238.563
12	3	2	214.948
13	3	3	221.723
14	3	4	217.285
15	3	5	223.129
16	4	1	244.955
17	4	2	234.017
18	4	3	229.698
19	4	4	243.400
20	4	5	236.880
21	5	1	222.953
22	5	2	209.740
23	5	3	214.735
24	5	4	213.240
25	5	5	215.167
26	6	1	306.695
27	6	2	304.785
28	6	3	307.028
29	6	4	310.660
30	6	5	306.018
31	7	1	314.398
32	7	2	319.905
33	7	3	325.320
34	7	4	325.980
35	7	5	335.920
36	8	1	318.130
37	8	2	333.483
38	8	3	329.103
39	8	4	302.485
40	8	5	316.508
41	9	1	327.403
42	9	2	308.695
43	9	3	315.008
44	9	4	312.190
45	9	5	332.940
46	10	1	328.363
47	10	2	316.200
48	10	3	298.033
49	10	4	322.115

Sistema SAS      22:45 Saturday, May 19, 2012    2

Obs	TRA	R	Y
50	10	5	330.785
51	11	1	319.698
52	11	2	319.675
53	11	3	321.770
54	11	4	321.095
55	11	5	322.875
56	12	1	285.543
57	12	2	287.460
58	12	3	284.373
59	12	4	307.895
60	12	5	318.878
61	13	1	311.170
62	13	2	284.878
63	13	3	280.170
64	13	4	297.880
65	13	5	291.740
66	14	1	344.065
67	14	2	348.738
68	14	3	347.953
69	14	4	345.765
70	14	5	340.183
71	15	1	338.963
72	15	2	312.435
73	15	3	307.703
74	15	4	302.428
75	15	5	315.382
76	16	1	320.638
77	16	2	333.125
78	16	3	327.505
79	16	4	330.590
80	16	5	327.964
81	17	1	307.230
82	17	2	314.613
83	17	3	336.568
84	17	4	312.280
85	17	5	317.673
86	18	1	347.050
87	18	2	334.660
88	18	3	360.590
89	18	4	357.668
90	18	5	349.992
91	19	1	278.258
92	19	2	275.315
93	19	3	289.635
94	19	4	279.770
95	19	5	280.744
96	20	1	296.923
97	20	2	295.255
98	20	3	300.885

Sistema SAS      22:45 Saturday, May 19, 2012    3

Obs	TRA	R	Y
99	20	4	297.733
100	20	5	301.423
101	21	1	279.520
102	21	2	232.178
103	21	3	243.038
104	21	4	243.078
105	21	5	266.578
106	22	1	300.938
107	22	2	312.528
108	22	3	278.123
109	22	4	303.528
110	22	5	305.740
111	23	1	292.235
112	23	2	315.778
113	23	3	324.715
114	23	4	309.930
115	23	5	314.560
116	24	1	310.588
117	24	2	297.533
118	24	3	243.895
119	24	4	245.253
120	24	5	274.317
121	25	1	331.330
122	25	2	326.188
123	25	3	313.108
124	25	4	316.428
125	25	5	328.868
126	26	1	298.850
127	26	2	301.075
128	26	3	281.055
129	26	4	292.200
130	26	5	284.068
131	27	1	299.950
132	27	2	307.838
133	27	3	310.005
134	27	4	305.750
135	27	5	304.980
136	28	1	309.883
137	28	2	289.880
138	28	3	278.000
139	28	4	269.675
140	28	5	286.859
141	29	1	270.750
142	29	2	236.520
143	29	3	258.455
144	29	4	273.130
145	29	5	259.714
146	30	1	245.058
147	30	2	221.445

Sistema SAS      22:45 Saturday, May 19, 2012    4

Obs	TRA	R	Y
148	30	3	224.473
149	30	4	254.118
150	30	5	236.273
151	31	1	218.140
152	31	2	220.213
153	31	3	220.123
154	31	4	217.953
155	31	5	219.107
156	32	1	207.495
157	32	2	205.795
158	32	3	208.890
159	32	4	220.010
160	32	5	210.548
161	33	1	245.365
162	33	2	250.853
163	33	3	244.858
164	33	4	245.415
165	33	5	246.623
166	34	1	220.720
167	34	2	215.165
168	34	3	222.215
169	34	4	214.805
170	34	5	219.155
171	35	1	328.328
172	35	2	309.310
173	35	3	316.600
174	35	4	318.468
175	35	5	324.393
176	36	1	311.710
177	36	2	313.463
178	36	3	306.948
179	36	4	315.928
180	36	5	307.438
181	37	1	292.750
182	37	2	300.385
183	37	3	302.525
184	37	4	301.045
185	37	5	294.640
186	38	1	265.050
187	38	2	250.140
188	38	3	253.730
189	38	4	252.920
190	38	5	267.225
191	39	1	274.135
192	39	2	284.650
193	39	3	267.090
194	39	4	261.705
195	39	5	278.890
196	40	1	200.115

Sistema SAS      22:45 Saturday, May 19, 2012    5

Obs	TRA	R	Y
197	40	2	197.500
198	40	3	228.185
199	40	4	196.253
200	40	5	205.513
201	41	1	147.470
202	41	2	161.695
203	41	3	169.450
204	41	4	170.680
205	41	5	176.050
206	42	1	195.330
207	42	2	165.615
208	42	3	163.680
209	42	4	164.010
210	42	5	161.465
211	43	1	245.693
212	43	2	255.223
213	43	3	235.998
214	43	4	258.803
215	43	5	248.929
216	44	1	255.510
217	44	2	256.820
218	44	3	255.028
219	44	4	253.650
220	44	5	255.252
221	45	1	237.435
222	45	2	235.298
223	45	3	242.438
224	45	4	235.008
225	45	5	237.544
226	46	1	302.480
227	46	2	304.525
228	46	3	309.113
229	46	4	310.140
230	46	5	305.378
231	47	1	256.268
232	47	2	259.183
233	47	3	257.760
234	47	4	257.653
235	47	5	257.716

Sistema SAS 22:45 Saturday, May 19, 2012 6

Procedimiento ANOVA

Información del nivel de clase

Clase Niveles Valores

TRA 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28  
29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47

Número de observaciones 235

Sistema SAS 22:45 Saturday, May 19, 2012 7

Procedimiento ANOVA

Variable dependiente: Y

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	46	472240.9674	10266.1080	96.33	<.0001
Error	188	20034.7080	106.5676		
Total correcto	234	492275.6753			

R-cuadrado	Coef Var	Raiz MSE	Y Media
0.959302	3.748996	10.32316	275.3579

Fuente	DF	Anova SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
TRA	46	472240.9674	10266.1080	96.33	<.0001

## Procedimiento ANOVA

Nivel de TRA	N	-----Y-----	
		Media	Dev std
1	5	251.216875	14.1124333
2	5	235.387000	3.5641542
3	5	223.129375	9.2366179
4	5	237.789800	6.3907215
5	5	215.166875	4.8468106
6	5	307.037000	2.1996629
7	5	324.304500	8.0041025
8	5	319.941500	12.1149276
9	5	319.247000	10.4058847
10	5	319.099000	13.0735698
11	5	321.022500	1.3754227
12	5	296.829500	15.6438514
13	5	293.167500	12.1036619
14	5	345.340500	3.4195839
15	5	315.381875	14.0669700
16	5	327.964375	4.6749353
17	5	317.672500	11.2306443
18	5	349.991875	10.1852405
19	5	280.744375	5.3771572
20	5	298.443500	2.6372740
21	5	252.878000	19.4863311
22	5	300.171000	13.0545664
23	5	311.443500	11.9988124
24	5	274.316875	30.1029561
25	5	323.184000	7.9822717
26	5	291.449500	8.8107953
27	5	305.704500	3.7644797
28	5	286.859375	15.1077772
29	5	259.713750	14.5028365
30	5	236.273125	13.7360384
31	5	219.106875	1.0631709
32	5	210.547500	5.5720334
33	5	246.622500	2.4519119
34	5	218.412000	3.3126719
35	5	319.419500	7.3338439
36	5	311.097000	3.8702513
37	5	298.269000	4.2990165
38	5	257.813000	7.7531797
39	5	273.294000	9.1347656
40	5	205.513125	13.1636148
41	5	165.069000	11.0946780
42	5	170.020000	14.2258906
43	5	248.928750	8.8712002
44	5	255.251875	1.1337981
45	5	237.544375	2.9765255
46	5	306.327000	3.2111580
47	5	257.715625	1.0313513

Sistema SAS 22:45 Saturday, May 19, 2012 10

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

NOTA: Este test controla el índice de error experimentwise de tipo I, pero normalmente tiene un índice de error de tipo II más elevado que REGWQ.

Alfa	0.05
Error de grados de libertad	188
Error de cuadrado medio	106.5676
Valor crítico del rango estudiantizado	5.70330
Diferencia significativa mínima	26.33

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento				Media	N	TRA
		A		349.992	5	18
		A				
B		A		345.341	5	14
B		A				
B		A	C	327.964	5	16
B		A	C			
B	D	A	C	324.305	5	7
B	D		C			
B	D		C	323.184	5	25
B	D		C			
B	D	E	C	321.023	5	11
B	D	E	C			
B	D	E	C	319.942	5	8
B	D	E	C			
F	B	D	E	319.420	5	35
F	B	D	E			
F	B	D	E	319.247	5	9
F	B	D	E			
F	B	D	E	319.099	5	10
F	D	E	C			
F	G	D	E	317.673	5	17
F	G	D	E			
F	G	D	E	315.382	5	15
F	G	D	E			
F	G	D	E	C H	311.444	5 23
F	G	D	E	C H		
F	G	D	E	C H	311.097	5 36
F	G	D	E	C H		
F	G	D	E I	C H	307.037	5 6
F	G	D	E I	C H		
F	G	D	E I	C H	306.327	5 46

Sistema SAS 22:45 Saturday, May 19, 2012 11

## Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento								Media	N	TRA
F	G	D	E	I	C	H		305.705	5	27
F	G	D	E	I	C	H		300.171	5	22
F	G	D	E	I	J	H		298.444	5	20
F	G	D	K	E	I	J	H	298.269	5	37
F	G	D	K	E	I	J	H	296.830	5	12
F	G	K	E	I	J	H		293.168	5	13
G	K	I	J	H				291.450	5	26
G	K	I	J	H				286.859	5	28
K	I	J	H					280.744	5	19
K	L	I	J					274.317	5	24
M	K	L	J					273.294	5	39
M	K	L						259.714	5	29
M	L	N						257.813	5	38
M	L	N						257.716	5	47
M	L	N						255.252	5	44
M	L	N						252.878	5	21
M	N	N						251.217	5	1
M	O	N						248.929	5	43
P	O	N						246.623	5	33
P	O	N						237.790	5	4
P	O	N						237.544	5	45

Sistema SAS 22:45 Saturday, May 19, 2012 12

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey	Agrupamiento		Media	N	TRA
P	O	N			
P	Q	O	236.273	5	30
P	Q	O			
P	Q	O	235.387	5	2
P	Q	O			
P	Q	O	223.129	5	3
P	Q	R			
P	Q	R	219.107	5	31
P	Q	R			
P	Q	R	218.412	5	34
P	Q	R			
P	Q	R	215.167	5	5
Q	R	R			
Q	R	R	210.548	5	32
Q	R	R			
	R	R	205.513	5	40
	S		170.020	5	42
	S				
	S		165.069	5	41

### 3.4.2 Pruebas de patogenicidad

```

DATA PATOG;
DO TRA=1 TO 42;
DO R=1 TO 6;
INPUT Y@@;
OUTPUT;
END;
END;
CARDS;
76.935 111.6375 186.165 95.0275 108.3025 105.6
222.42 182.2375 222.1325 220.5325 190.5975 201.07
168.895 156.26 177.145 188.6125 196.6925 191.1475
185.75 163.185 188.4125 162.246 178.215 192.715
174.25 163.185 178.6625 173.496 178.215 192.715
176.025 179.1355 144.08 156.6425 142.0375 139.3425
72.3175 70.3175 71.39875 63.81 82.6975 63.81
63.2125 70.36375 66.275 72.275 82.6975 69.36375
73.2125 69.36375 67.275 63.81 82.6975 63.81
65.2125 66.36375 69.275 69.275 63.81 69.36375
69.2125 67.36375 72.275 65.8625 63.7375 60.5525
114.3675 126.105 147.925 148.4725 150.92 128.075
114.3675 125.105 132.925 148.4725 150.92 126.825
68.1175 76.1525 73.57 63.452 81.67 89.4625
114.3675 128.105 136.675 148.4725 119.05 70.642
114.3675 145.53 149.2775 133.58 150.92 126.825
148.8775 145.1025 142.665 121.5825 139.7025 130.985
148.8775 145.1025 142.665 121.5825 139.7025 130.985
68.1175 58.4025 73.57 63.452 81.67 89.4625
199.9225 205.4625 206.225 207.48 203.875 205.8275
195.9925 149.18 167.295 164.2675 172.2875 222.56
203.3225 217.7025 225.89 210.935 217.01 164.2675
54.7325 52.46 59.58 45.805 53.775 57.965
46.67 54.77 44.625 46.475 56.6525 52.385
103.684 104.3255 121.6985 128.8055 135.5265 138.4795
80.006 79.616 69.332 93.791 92.4675 83.238
185.235 134.4075 207.3925 192.085 203.185 165.95
147.805 189.4425 190.845 200.6975 166.635 143.4425
171.045 182.9725 198.5775 185.8025 187.7625 173.325
215.04 165.6925 134.44 169.245 230.49 160.885
188.4625 172.0725 174.2975 167.8575 121.4975 153.3725
140.9475 151.1225 143.8425 191.15 163.57 170.84
211.285 197.3175 131.9725 162.7425 131.9725 197.3175
136.648 115.075 139.8825 127.0525 185.215 192.0825
112.5025 114.195 141.1475 142.51 164.6075 171.2525
112.5025 114.195 141.1475 146.26 164.6075 172.5025
162.4975 169.0175 168.88 132.7175 124.9425 140.67
153.4725 141.9375 138.8375 126.0425 156.185 124.1875
128.4275 115.1025 145.6275 130.646 162.86 160.99
104.76 122.0325 133.27 112.82 132.1175 181.83
80.006 79.616 69.332 93.791 92.4675 83.238
121.6985 128.8055 135.5265 138.4795 80.006 79.616
;

```

```
PROC PRINT;
PROC ANOVA;
CLASS TRA;
MODEL Y=TRA;
MEANS TRA;
MEANS TRA/TUKEY;
RUN;
```

Sistema SAS      22:53 Saturday, May 19, 2012    1

Obs	TRA	R	Y
1	1	1	76.935
2	1	2	111.638
3	1	3	186.165
4	1	4	95.028
5	1	5	108.303
6	1	6	105.600
7	2	1	222.420
8	2	2	182.238
9	2	3	222.133
10	2	4	220.533
11	2	5	190.598
12	2	6	201.070
13	3	1	168.895
14	3	2	156.260
15	3	3	177.145
16	3	4	188.613
17	3	5	196.693
18	3	6	191.148
19	4	1	185.750
20	4	2	163.185
21	4	3	188.413
22	4	4	162.246
23	4	5	178.215
24	4	6	192.715
25	5	1	174.250
26	5	2	163.185
27	5	3	178.663
28	5	4	173.496
29	5	5	178.215
30	5	6	192.715
31	6	1	176.025
32	6	2	179.136
33	6	3	144.080
34	6	4	156.643
35	6	5	142.038
36	6	6	139.343
37	7	1	72.318
38	7	2	70.318
39	7	3	71.399
40	7	4	63.810
41	7	5	82.698
42	7	6	63.810
43	8	1	63.213
44	8	2	70.364
45	8	3	66.275
46	8	4	72.275
47	8	5	82.698
48	8	6	69.364
49	9	1	73.213

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 2

Obs	TRA	R	Y
50	9	2	69.364
51	9	3	67.275
52	9	4	63.810
53	9	5	82.698
54	9	6	63.810
55	10	1	65.213
56	10	2	66.364
57	10	3	69.275
58	10	4	69.275
59	10	5	63.810
60	10	6	69.364
61	11	1	69.213
62	11	2	67.364
63	11	3	72.275
64	11	4	65.863
65	11	5	63.738
66	11	6	60.553
67	12	1	114.368
68	12	2	126.105
69	12	3	147.925
70	12	4	148.473
71	12	5	150.920
72	12	6	128.075
73	13	1	114.368
74	13	2	125.105
75	13	3	132.925
76	13	4	148.473
77	13	5	150.920
78	13	6	126.825
79	14	1	68.118
80	14	2	76.153
81	14	3	73.570
82	14	4	63.452
83	14	5	81.670
84	14	6	89.463
85	15	1	114.368
86	15	2	128.105
87	15	3	136.675
88	15	4	148.473
89	15	5	119.050
90	15	6	70.642
91	16	1	114.368
92	16	2	145.530
93	16	3	149.278
94	16	4	133.580
95	16	5	150.920
96	16	6	126.825
97	17	1	148.878
98	17	2	145.103

Sistema SAS      22:53 Saturday, May 19, 2012    3

Obs	TRA	R	Y
99	17	3	142.665
100	17	4	121.583
101	17	5	139.703
102	17	6	130.985
103	18	1	148.878
104	18	2	145.103
105	18	3	142.665
106	18	4	121.583
107	18	5	139.703
108	18	6	130.985
109	19	1	68.118
110	19	2	58.403
111	19	3	73.570
112	19	4	63.452
113	19	5	81.670
114	19	6	89.463
115	20	1	199.923
116	20	2	205.463
117	20	3	206.225
118	20	4	207.480
119	20	5	203.875
120	20	6	205.828
121	21	1	195.993
122	21	2	149.180
123	21	3	167.295
124	21	4	164.268
125	21	5	172.288
126	21	6	222.560
127	22	1	203.323
128	22	2	217.703
129	22	3	225.890
130	22	4	210.935
131	22	5	217.010
132	22	6	164.268
133	23	1	54.733
134	23	2	52.460
135	23	3	59.580
136	23	4	45.805
137	23	5	53.775
138	23	6	57.965
139	24	1	46.670
140	24	2	54.770
141	24	3	44.625
142	24	4	46.475
143	24	5	56.653
144	24	6	52.385
145	25	1	103.684
146	25	2	104.326
147	25	3	121.699

Sistema SAS      22:53 Saturday, May 19, 2012    4

Obs	TRA	R	Y
148	25	4	128.806
149	25	5	135.527
150	25	6	138.480
151	26	1	80.006
152	26	2	79.616
153	26	3	69.332
154	26	4	93.791
155	26	5	92.468
156	26	6	83.238
157	27	1	185.235
158	27	2	134.408
159	27	3	207.393
160	27	4	192.085
161	27	5	203.185
162	27	6	165.950
163	28	1	147.805
164	28	2	189.443
165	28	3	190.845
166	28	4	200.698
167	28	5	166.635
168	28	6	143.443
169	29	1	171.045
170	29	2	182.973
171	29	3	198.578
172	29	4	185.803
173	29	5	187.763
174	29	6	173.325
175	30	1	215.040
176	30	2	165.693
177	30	3	134.440
178	30	4	169.245
179	30	5	230.490
180	30	6	160.885
181	31	1	188.463
182	31	2	172.073
183	31	3	174.298
184	31	4	167.858
185	31	5	121.498
186	31	6	153.373
187	32	1	140.948
188	32	2	151.123
189	32	3	143.843
190	32	4	191.150
191	32	5	163.570
192	32	6	170.840
193	33	1	211.285
194	33	2	197.318
195	33	3	131.973
196	33	4	162.743

Sistema SAS      22:53 Saturday, May 19, 2012    5

Obs	TRA	R	Y
197	33	5	131.973
198	33	6	197.318
199	34	1	136.648
200	34	2	115.075
201	34	3	139.883
202	34	4	127.053
203	34	5	185.215
204	34	6	192.083
205	35	1	112.503
206	35	2	114.195
207	35	3	141.148
208	35	4	142.510
209	35	5	164.608
210	35	6	171.253
211	36	1	112.503
212	36	2	114.195
213	36	3	141.148
214	36	4	146.260
215	36	5	164.608
216	36	6	172.503
217	37	1	162.498
218	37	2	169.018
219	37	3	168.880
220	37	4	132.718
221	37	5	124.943
222	37	6	140.670
223	38	1	153.473
224	38	2	141.938
225	38	3	138.838
226	38	4	126.043
227	38	5	156.185
228	38	6	124.188
229	39	1	128.428
230	39	2	115.103
231	39	3	145.628
232	39	4	130.646
233	39	5	162.860
234	39	6	160.990
235	40	1	104.760
236	40	2	122.033
237	40	3	133.270
238	40	4	112.820
239	40	5	132.118
240	40	6	181.830
241	41	1	80.006
242	41	2	79.616
243	41	3	69.332
244	41	4	93.791
245	41	5	92.468

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 6

Obs	TRA	R	Y
246	41	6	83.238
247	42	1	121.699
248	42	2	128.806
249	42	3	135.527
250	42	4	138.480
251	42	5	80.006
252	42	6	79.616

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 7

Procedimiento ANOVA

Información del nivel de clase

Clase Niveles Valores

TRA	42	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28			
		29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42																	

Número de observaciones 252

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 8

Procedimiento ANOVA

Variable dependiente: Y

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	41	503677.7609	12284.8234	33.07	<.0001
Error	210	78015.4059	371.5019		
Total correcto	251	581693.1668			

R-cuadrado	Coef Var	Raiz MSE	Y Media
0.865882	14.43251	19.27439	133.5484

Fuente	DF	Anova SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
TRA	41	503677.7609	12284.8234	33.07	<.0001

## Procedimiento ANOVA

Nivel de TRA	N	-----Y-----	
		Media	Dev std
1	6	113.944583	37.5503441
2	6	206.498333	17.6961906
3	6	179.792083	15.3093549
4	6	178.420583	13.0512184
5	6	176.753917	9.6076298
6	6	156.210500	17.6119791
7	6	70.725208	6.9588973
8	6	70.697917	6.6927201
9	6	70.028125	7.1554812
10	6	67.216667	2.4262303
11	6	66.500625	4.1198280
12	6	135.977500	15.1595115
13	6	133.102500	14.1992884
14	6	75.404083	9.3463509
15	6	119.552000	26.9149230
16	6	136.750000	14.4523105
17	6	138.152500	10.1195972
18	6	138.152500	10.1195972
19	6	72.445750	11.5996092
20	6	204.798750	2.6590716
21	6	178.597083	26.3574970
22	6	206.521250	22.0239655
23	6	54.052917	4.8364787
24	6	50.262917	4.9937417
25	6	122.086583	15.1576032
26	6	83.075083	9.0921040
27	6	181.375833	27.2985962
28	6	173.144583	24.1029997
29	6	183.247500	10.0931144
30	6	179.298750	36.1540111
31	6	162.926667	23.2249520
32	6	160.245417	18.9899141
33	6	172.101250	34.9722866
34	6	149.325917	31.7341765
35	6	141.035833	24.5170859
36	6	141.869167	24.9138265
37	6	149.787500	19.4301224
38	6	140.110417	13.3666870
39	6	140.608917	19.1515501
40	6	131.138333	27.1641007
41	6	83.075083	9.0921040
42	6	114.022000	27.1254657

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 10

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

NOTA: Este test controla el índice de error experimentwise de tipo I, pero normalmente tiene un índice de error de tipo II más elevado que REGWQ.

Alfa	0.05
Error de grados de libertad	210
Error de cuadrado medio	371.5019
Valor crítico del rango estudiantizado	5.61527
Diferencia significativa mínima	44.185

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey	Agrupamiento		Media	N	TRA		
	A		206.52	6	22		
	A		206.50	6	2		
	A		204.80	6	20		
B	A		183.25	6	29		
B	A		181.38	6	27		
B	A	C	179.79	6	3		
B	D	A	179.30	6	30		
B	D	A	178.60	6	21		
B	D	A	178.42	6	4		
B	D	A	176.75	6	5		
E	B	D	A	C	173.14	6	28
E	B	D	A	C	172.10	6	33
E	B	D	A	C	162.93	6	31
E	B	D	G	C	160.25	6	32
E	B	D	H	G	156.21	6	6
E	B	D	H	G	149.79	6	37

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 11

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey Agrupamiento							Media	N	TRA
E	B	D	H	G	C	F			
E	B	D	H	G	C	F	149.33	6	34
E	B	D	H	G	C	F			
E	B	D	H	G	C	F	141.87	6	36
E	B	D	H	G	C	F			
E	B	D	H	G	C	F	141.04	6	35
E	B	D	H	G	C	F			
E	B	D	H	G	C	F	140.61	6	39
E	B	D	H	G	C	F			
E	B	D	H	G	C	F	140.11	6	38
E	D	H	G	C	F				
E	D	H	G	C	F		138.15	6	17
E	D	H	G	C	F				
E	D	H	G	C	F		138.15	6	18
E	D	H	G		F				
E	D	H	G		F		136.75	6	16
E	D	H	G		F				
E	D	H	G		F		135.98	6	12
E	H	G			F				
E	H	G			F		133.10	6	13
	H	G			F				
	H	G			F		131.14	6	40
	H	G							
I	H	G					122.09	6	25
I	H	G							
I	H	G	J				119.55	6	15
I	H	J							
I	K	H	J				114.02	6	42
I	K	H	J						
I	K	H	J				113.94	6	1
I	K	J							
I	K	L	J				83.08	6	41
I	K	L	J						
I	K	L	J				83.08	6	26
K	L	J							
K	L	J					75.40	6	14
K	L								
K	L						72.45	6	19
K	L								
K	L						70.73	6	7
K	L								
K	L						70.70	6	8

Sistema SAS 22:53 Saturday, May 19, 2012 12

Procedimiento ANOVA

Prueba del rango estudiantizado de Tukey (HSD) para Y

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes.

Tukey	Agrupamiento	Media	N	TRA
K	L			
K	L	70.03	6	9
	L			
	L	67.22	6	10
	L			
	L	66.50	6	11
	L			
	L	54.05	6	23
	L			
	L	50.26	6	24

### 3.5 Extracción de ADN

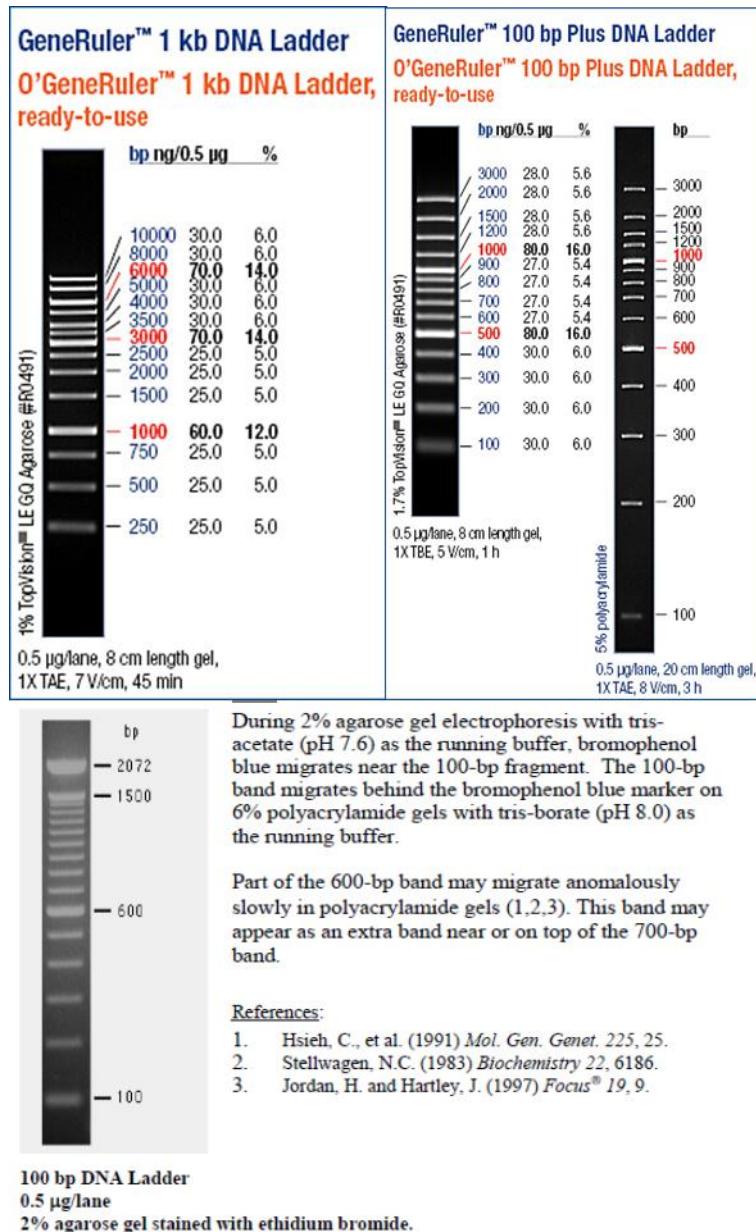


Figura 10. Marcadores de peso molecular.

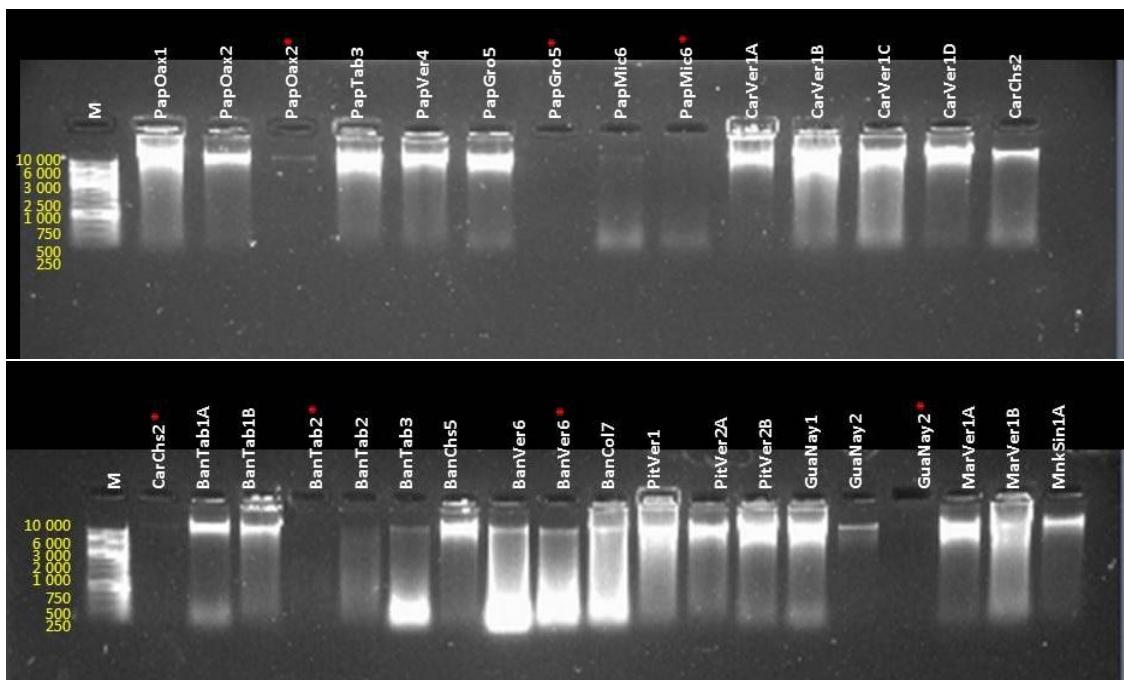


Figura 11. Resultados de la extracción de ADN de aislados de *Colletotrichum* spp. en papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2); maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B) y marcador molecular 1 kb landder, Fermentas (M).

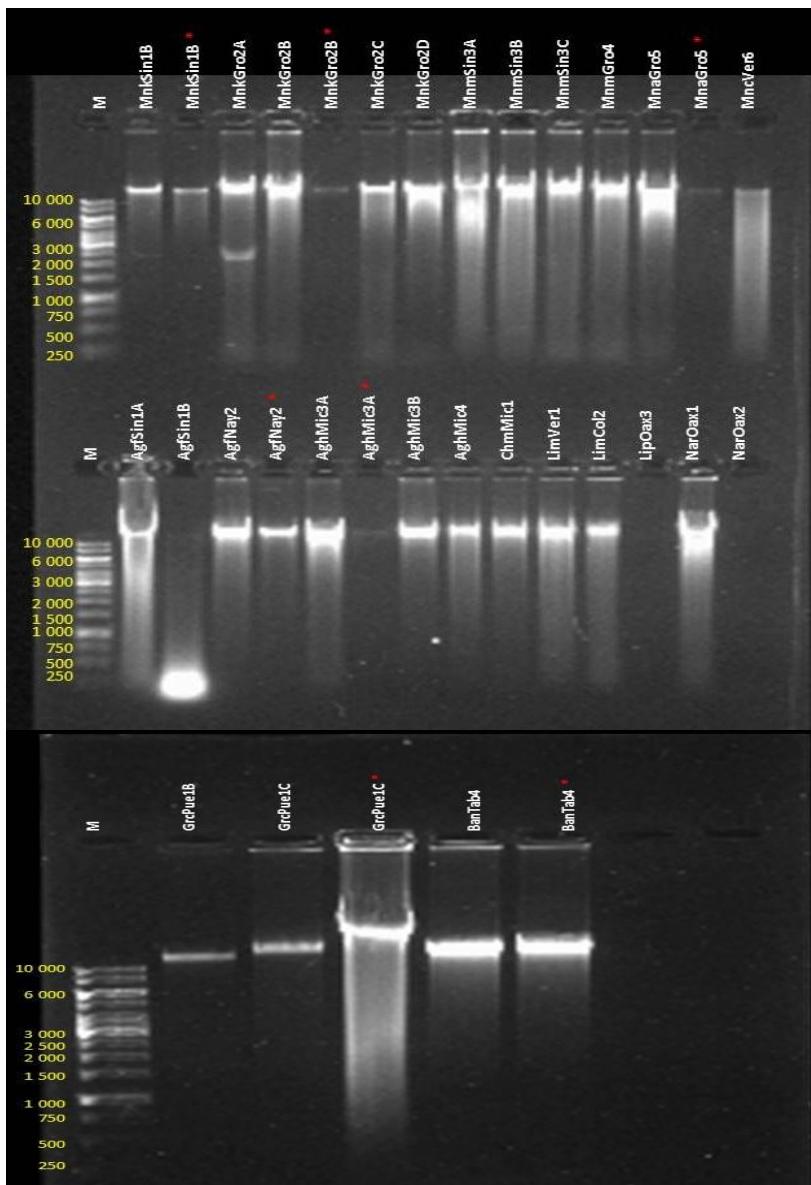


Figura 12. Resultados de la extracción de ADN de aislados de *Colletotrichum* spp. en kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 1 kb landder, Fermentas (M).

### 3.6 RAPD's

#### 3.6.1 RAPD bandas polimórficas con el iniciador OPM 01

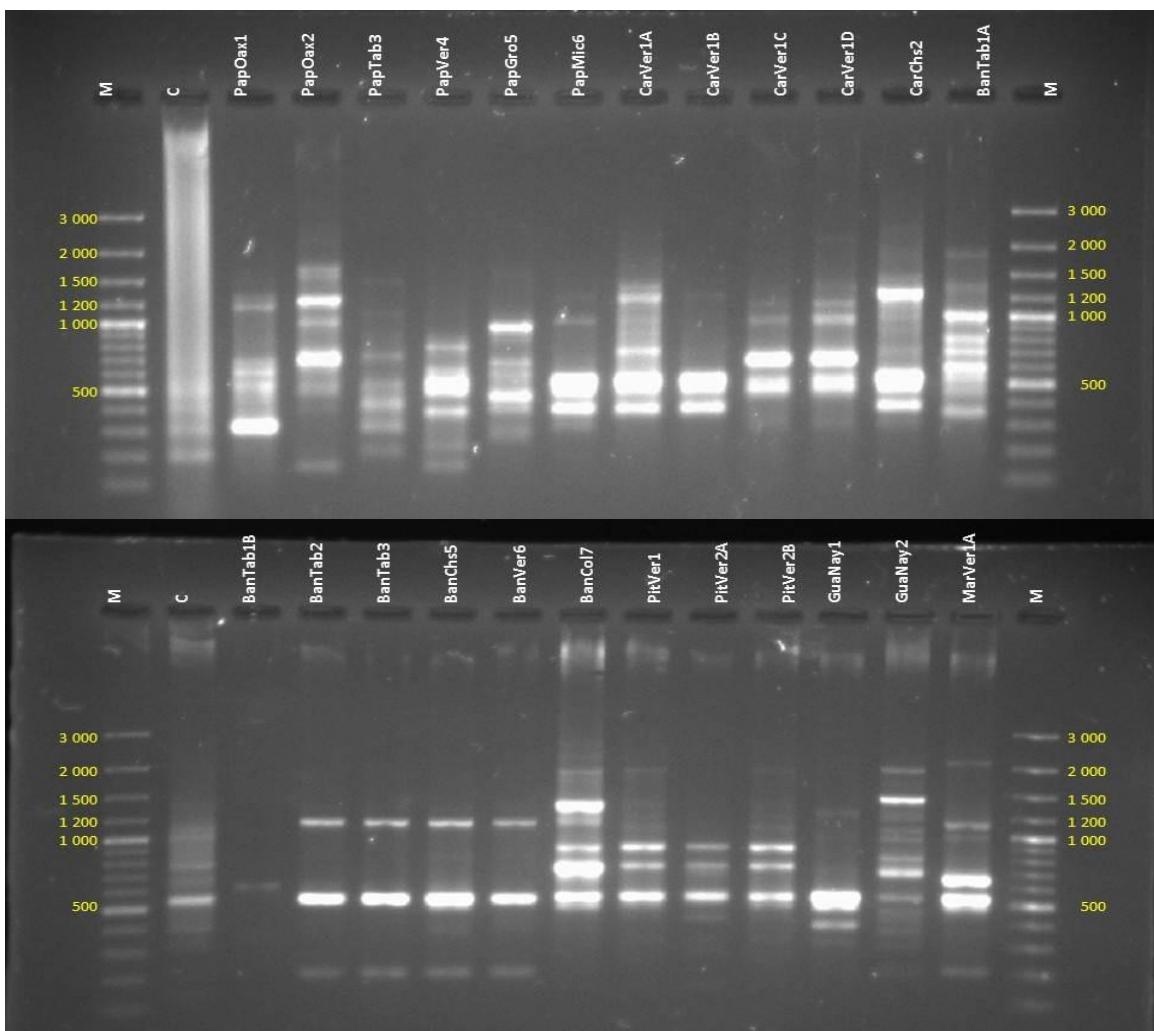


Figura 13. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 01 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2); maracuyá de Veracruz (MarVer1A) y marcador molecular 100 bp ladder de Fermentas (M)

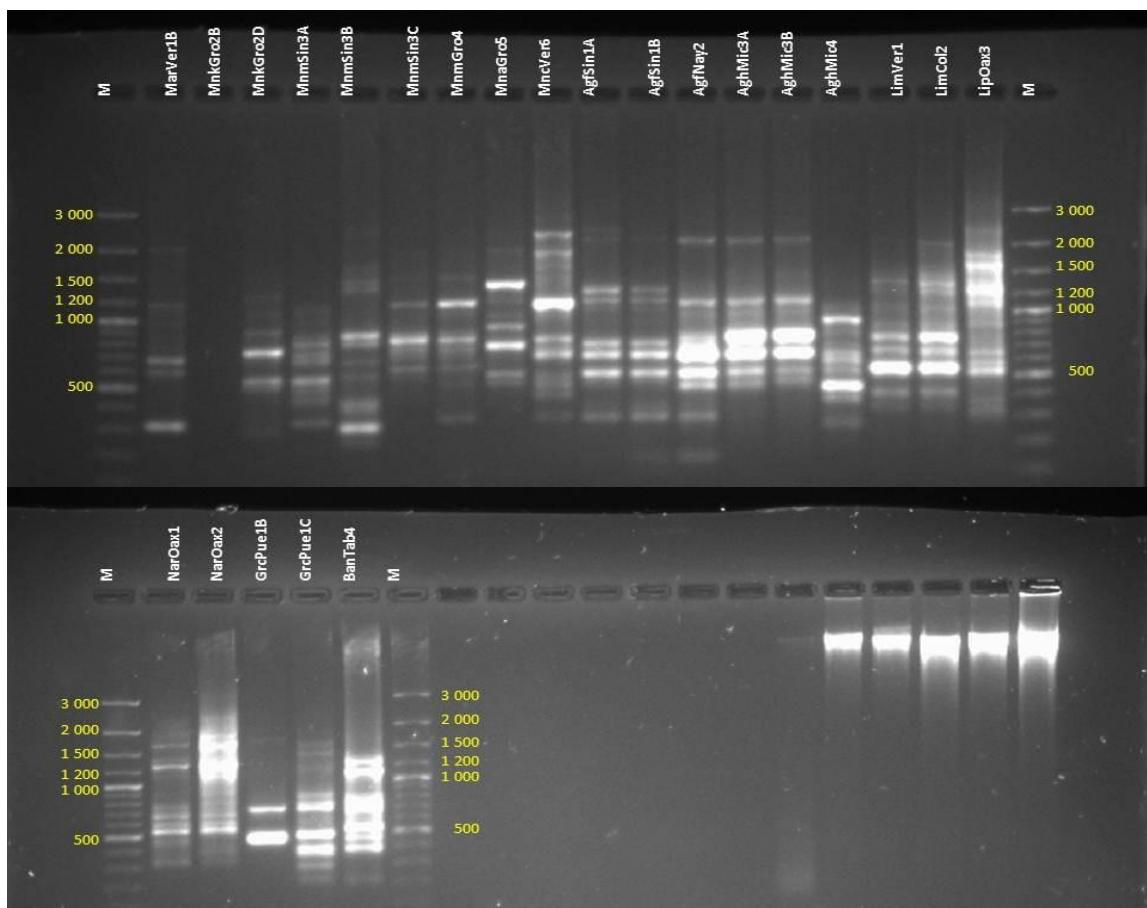


Figura 14. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 01 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp ladder de Fermentas (M).

### 3.6.2 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 02

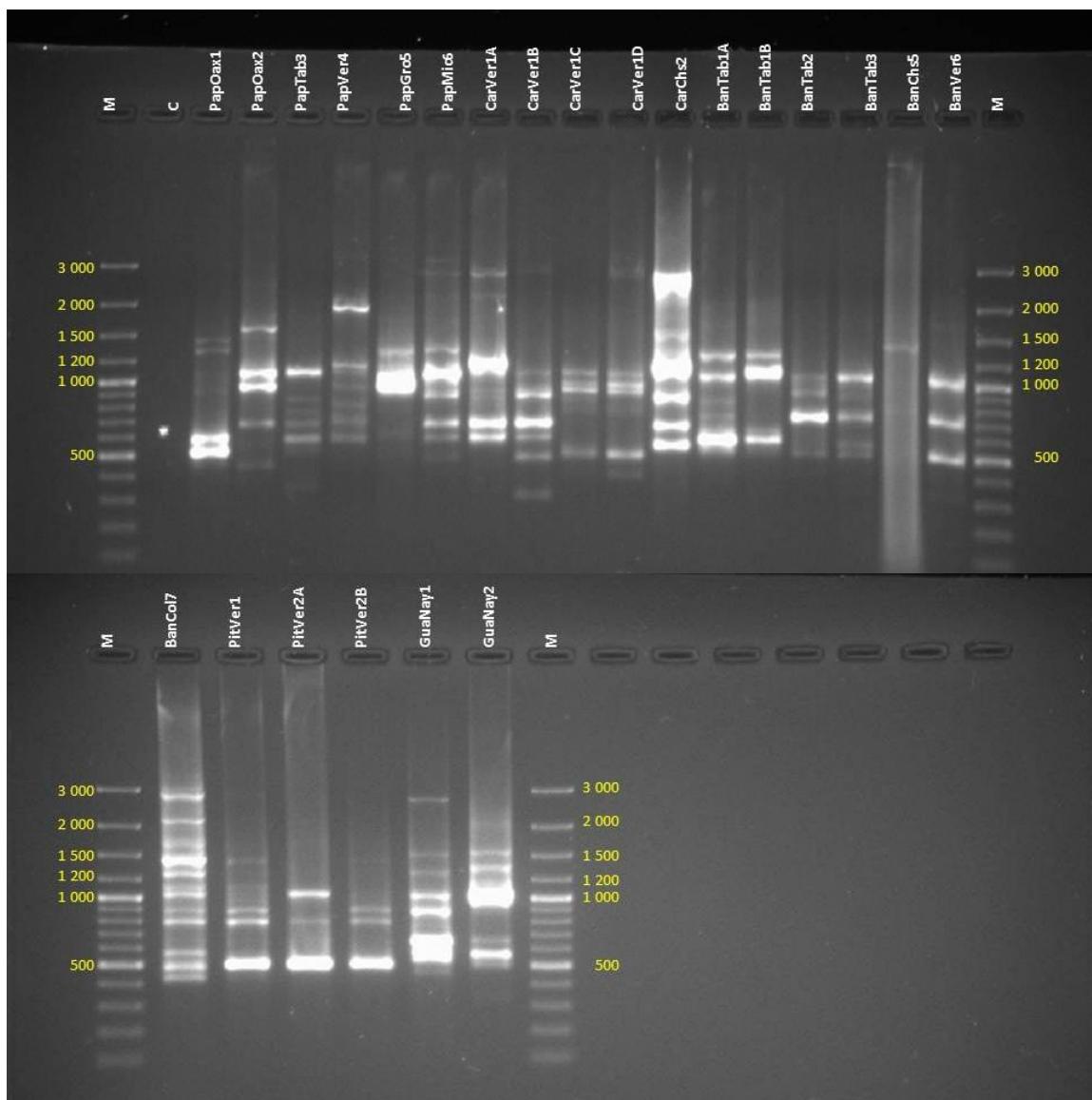


Figura 15. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 02 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

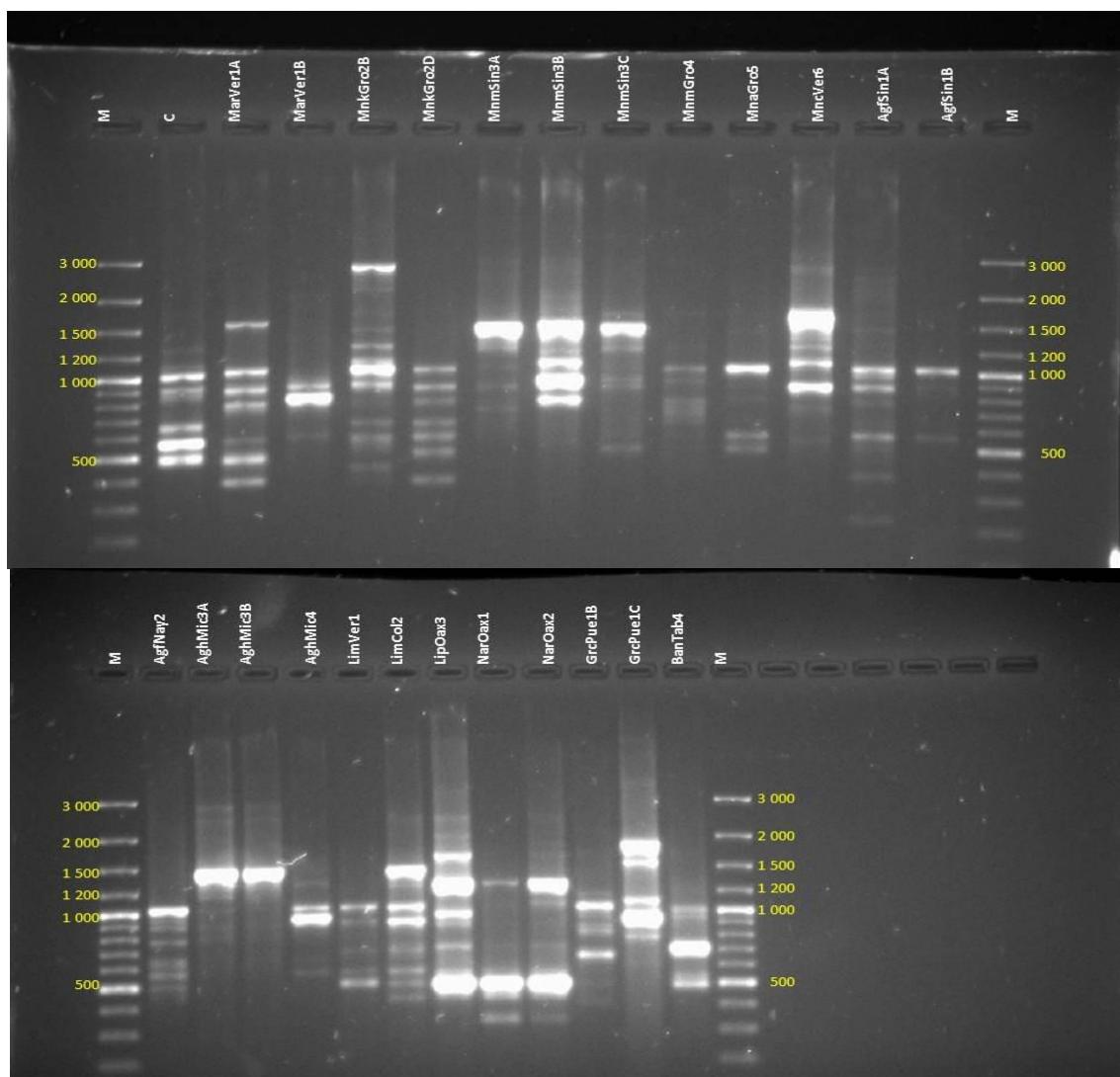


Figura 16. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 02 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

### 3.6.3 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 03

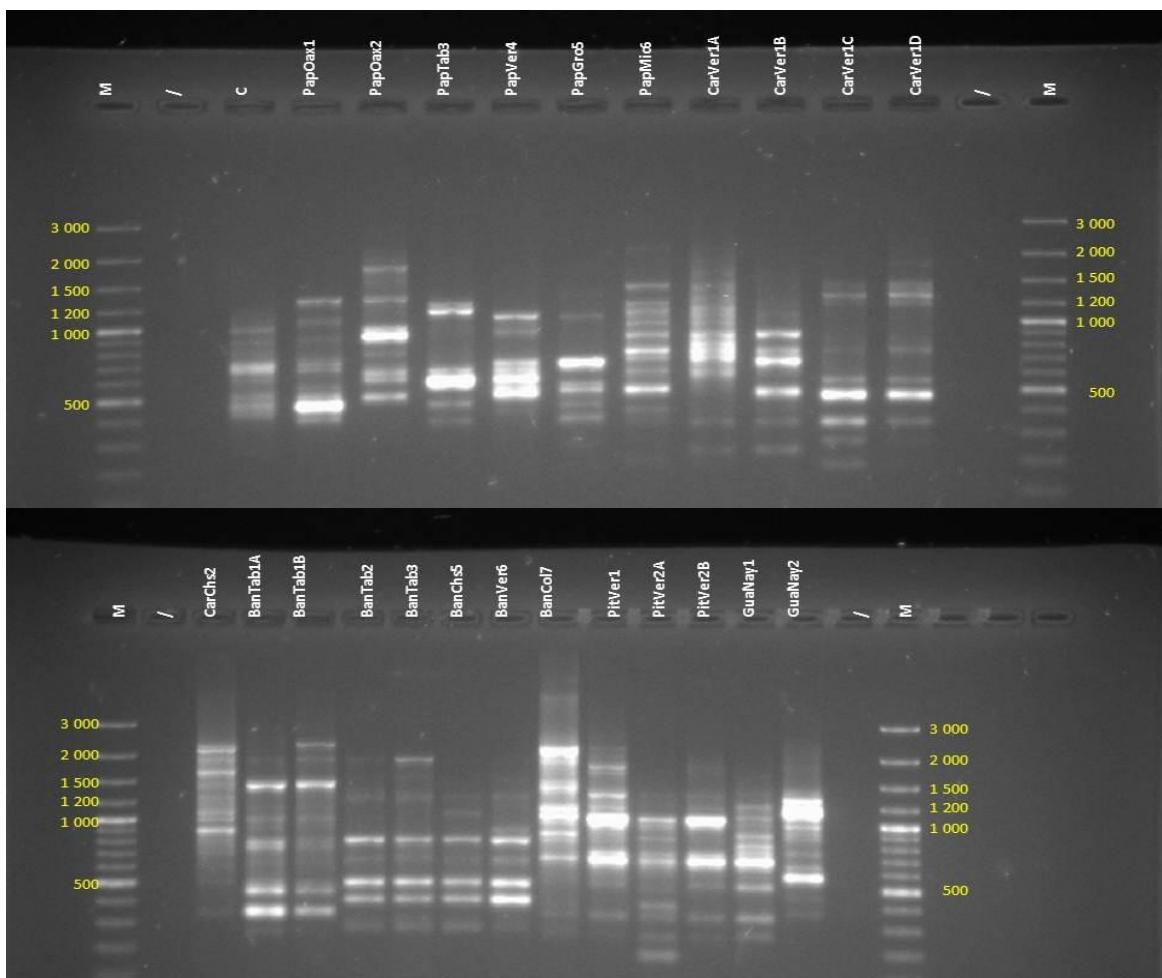


Figura 17. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 03 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 100 bp landdder de Fermentas (M).

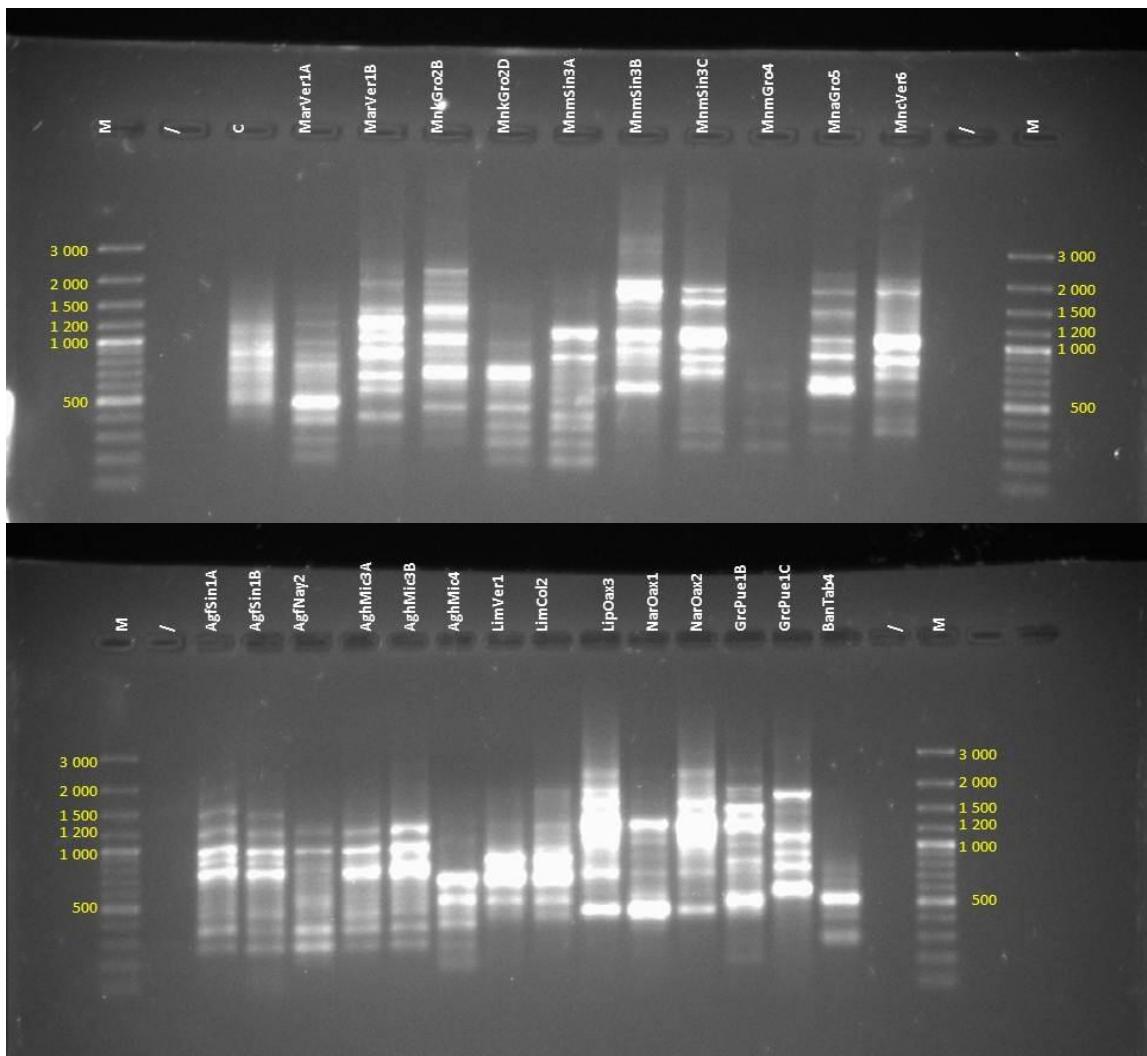


Figura 18. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 03 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de maracuyá de Veracruz (MarVer1A); Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mngo kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

### 3.6.4 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 04

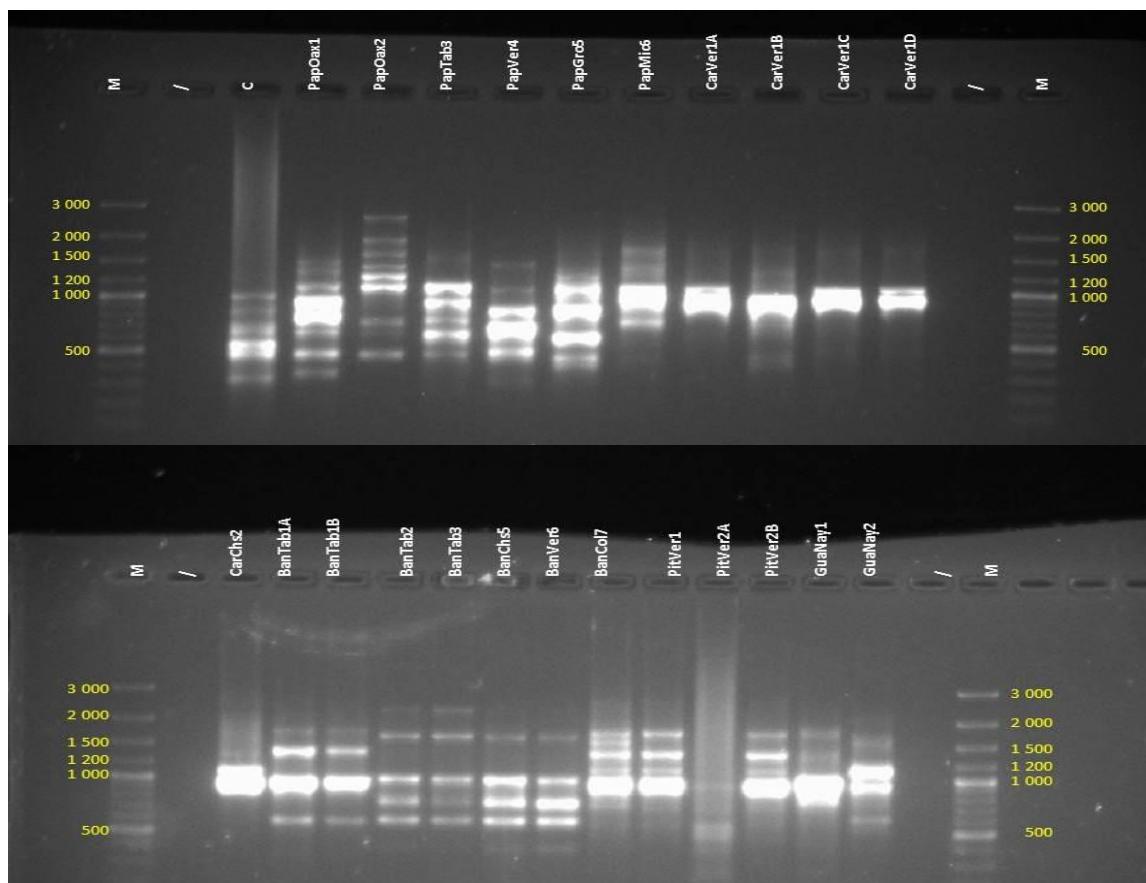


Figura 19. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 04 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

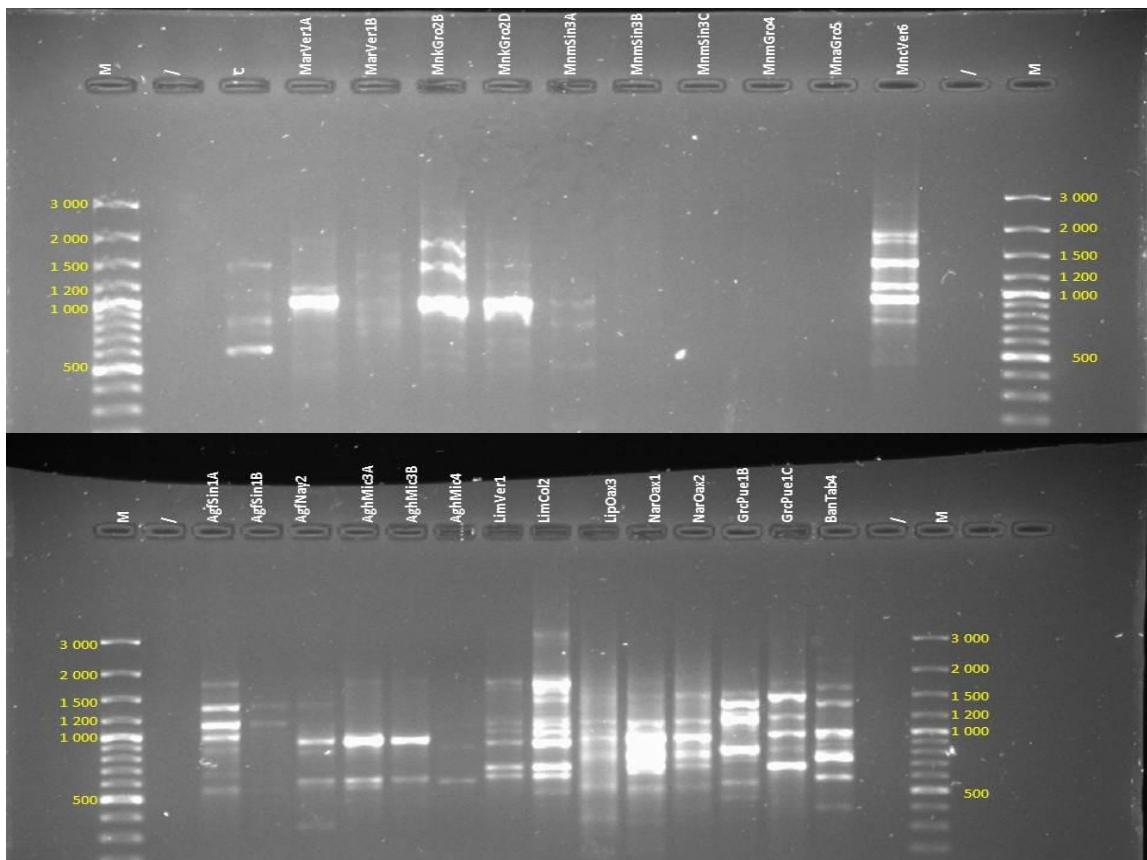


Figura 20. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 04 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mngo kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

### 3.6.5 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 05

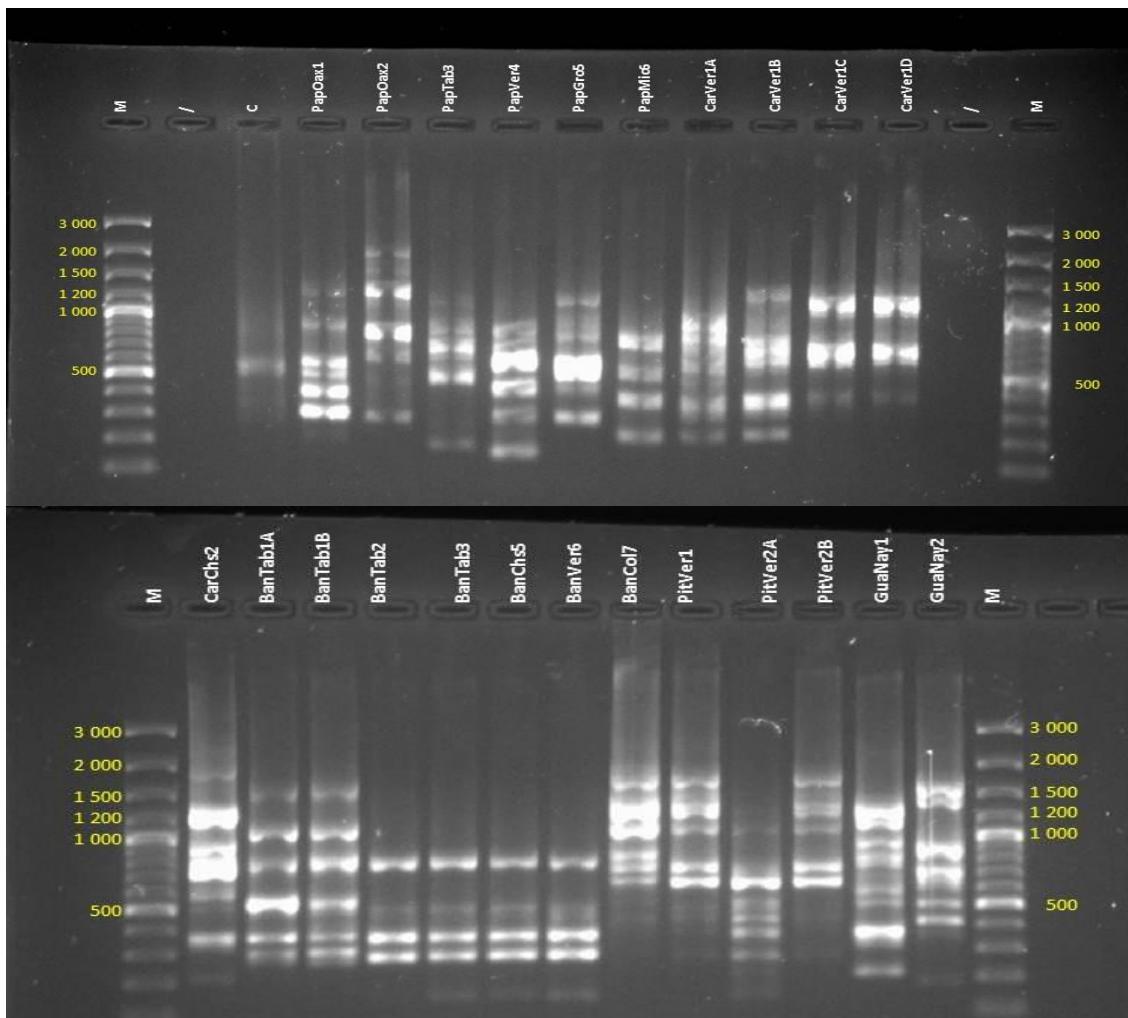


Figura 21. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 05 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

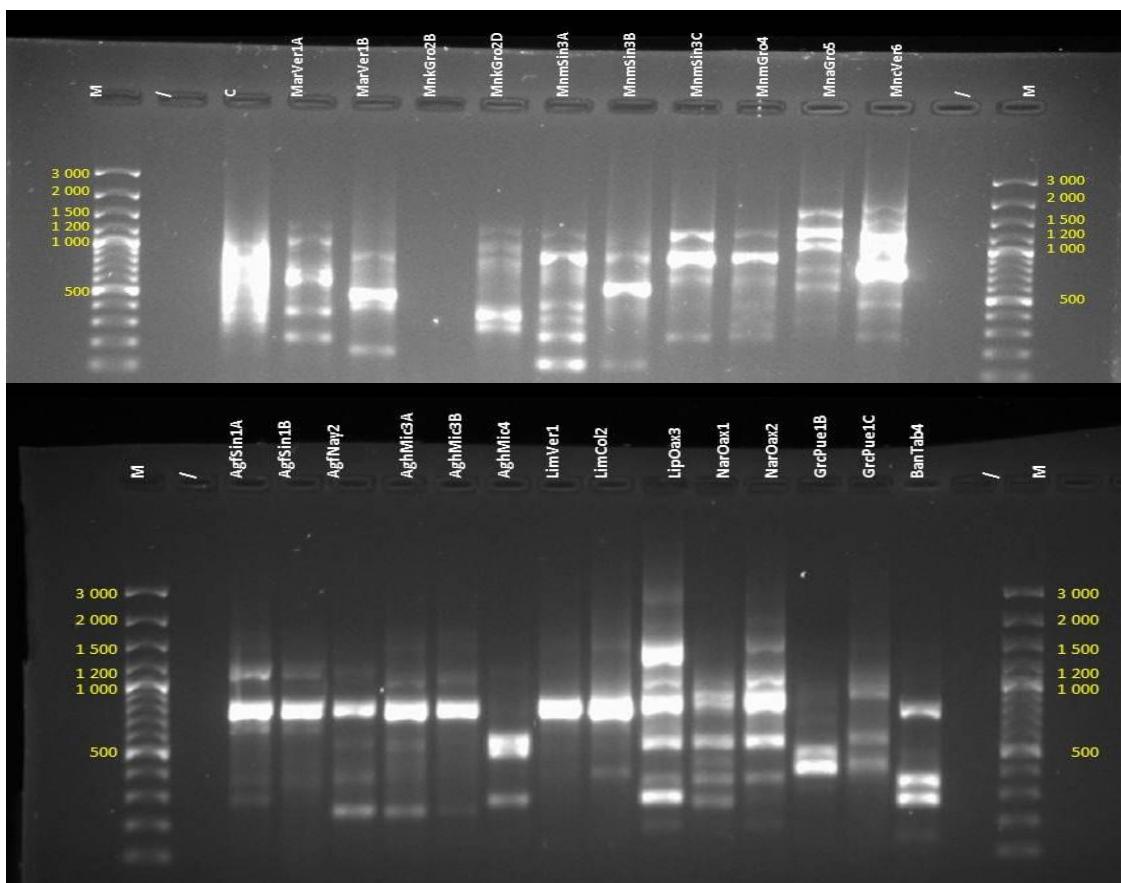


Figura 22. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 05 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mngo kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp ladder de Fermentas (M).

### 3.6.6 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 06

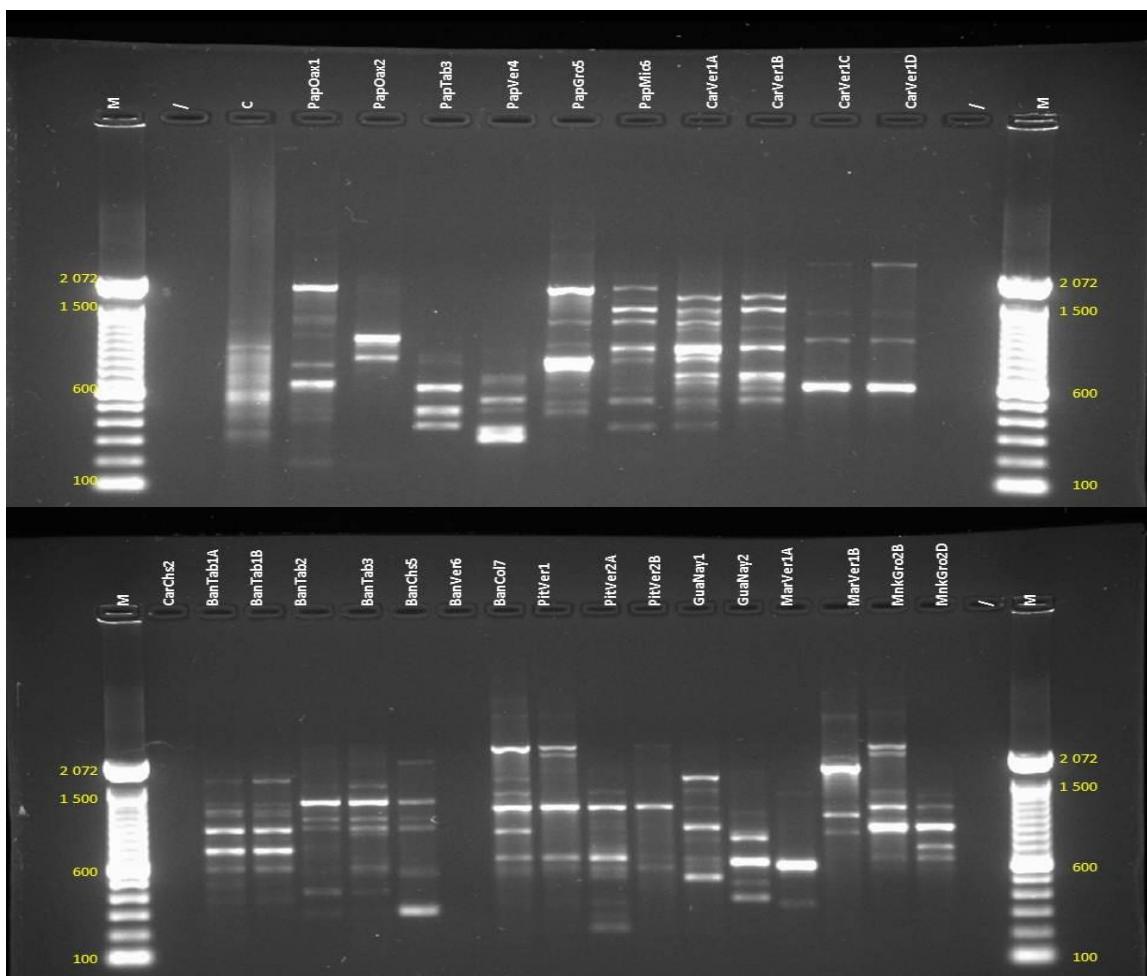


Figura 23. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 06 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2); maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D) y marcador molecular 100 bp landder de Invitrogen (M).

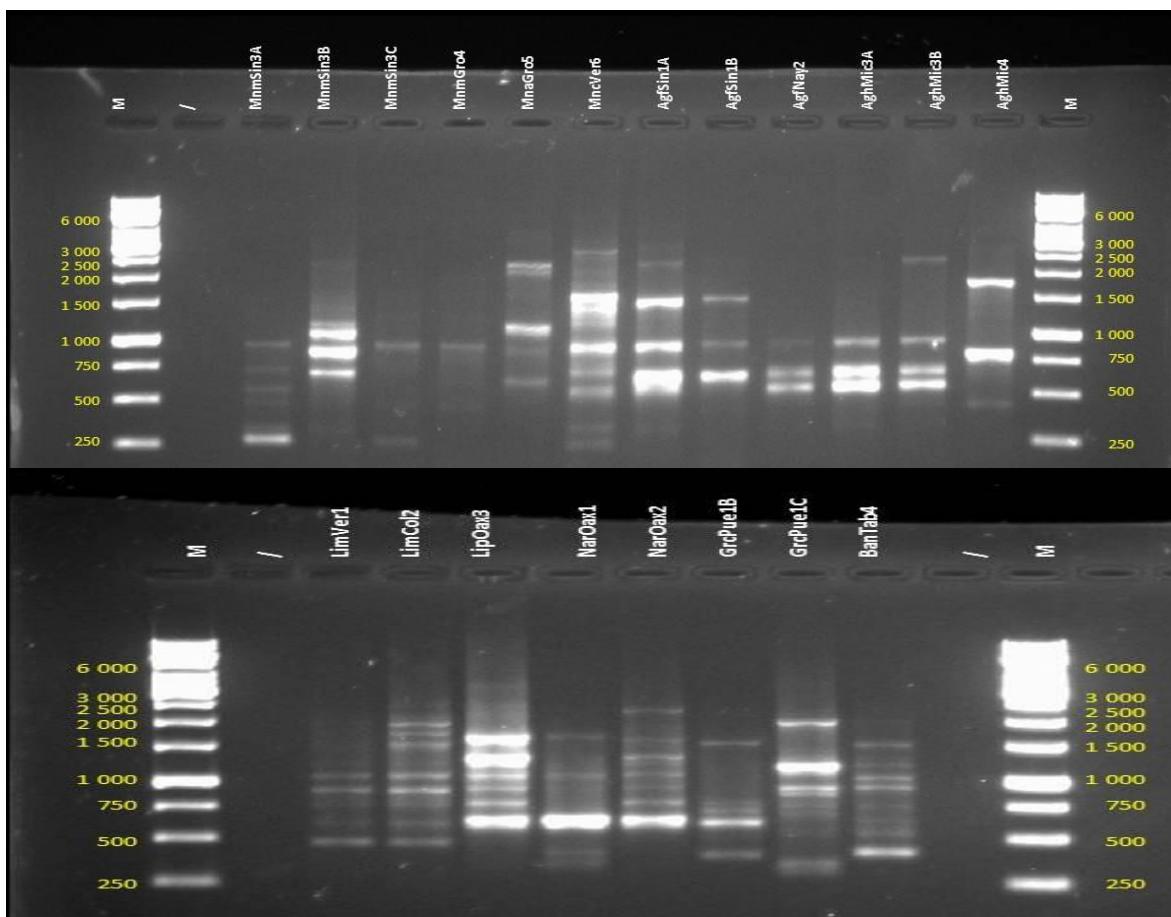


Figura 24. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 06 de aislados de *Colletotrichum* spp. de mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 1 Kb landder de Fermentas (M).

### 3.6.7 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 07

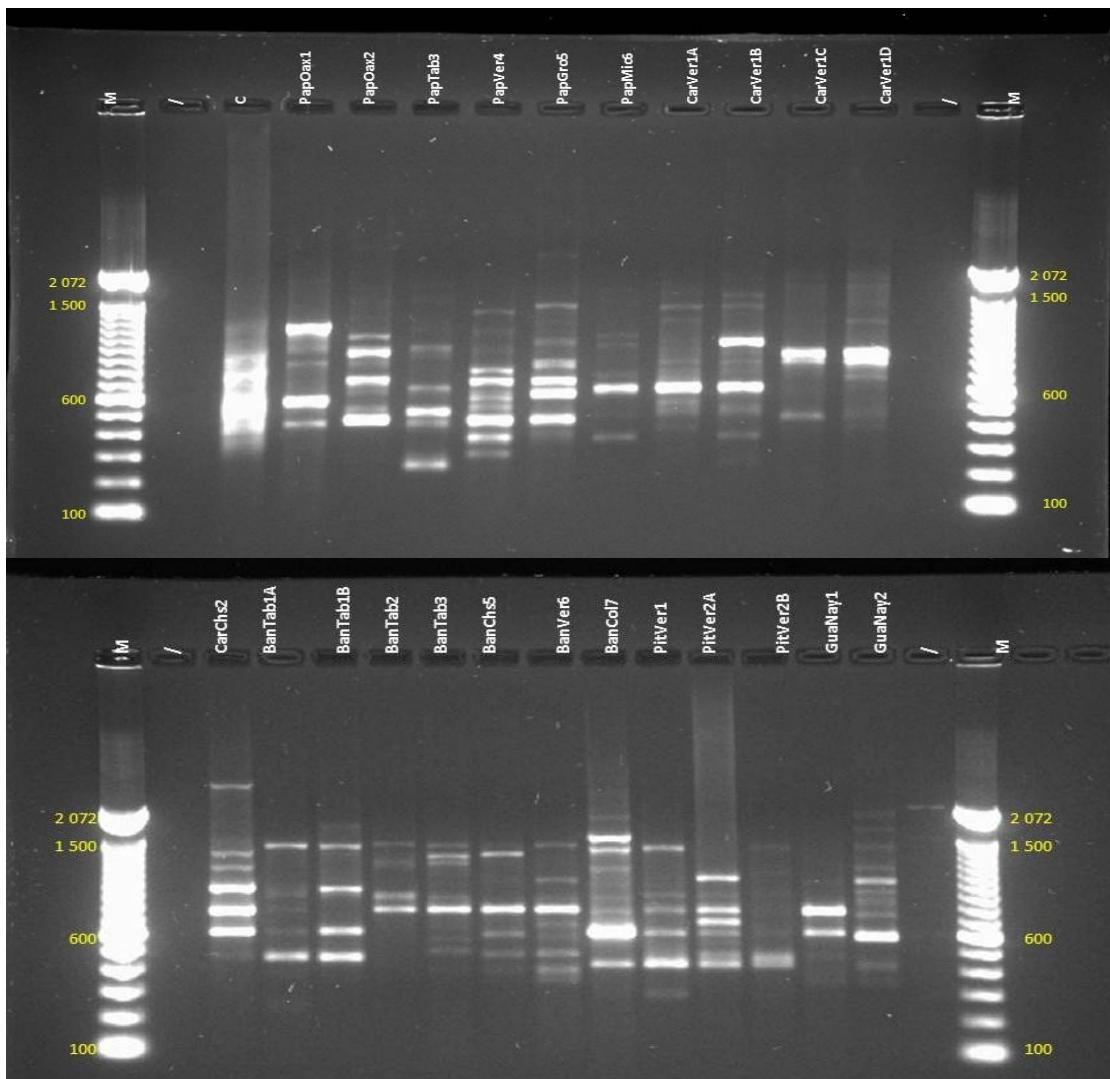


Figura 25. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 07 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y y marcador molecular 100 bp landdder de Invitrogen (M).

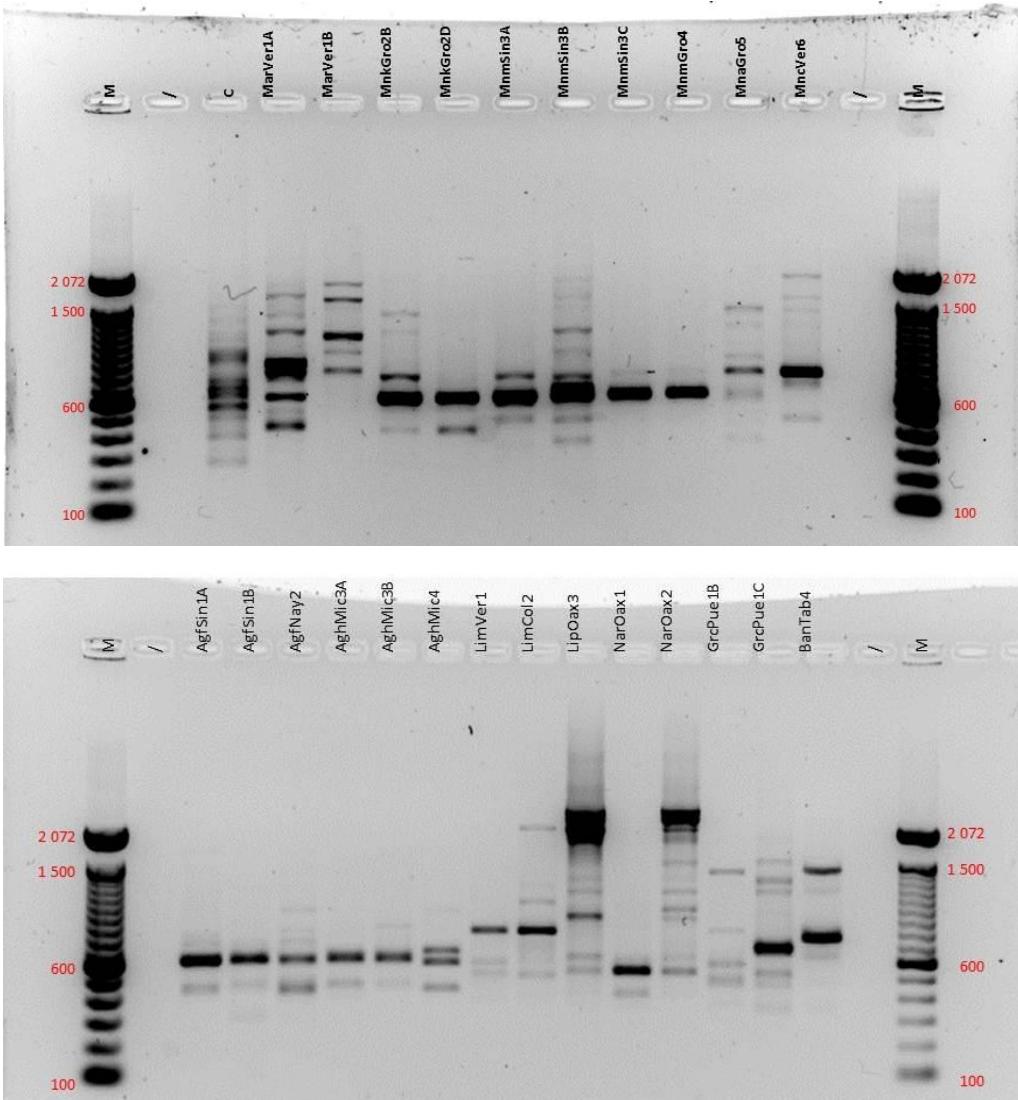


Figura 26. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 07 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A); maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Invitrogen (M).

### 3.6.8 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 08

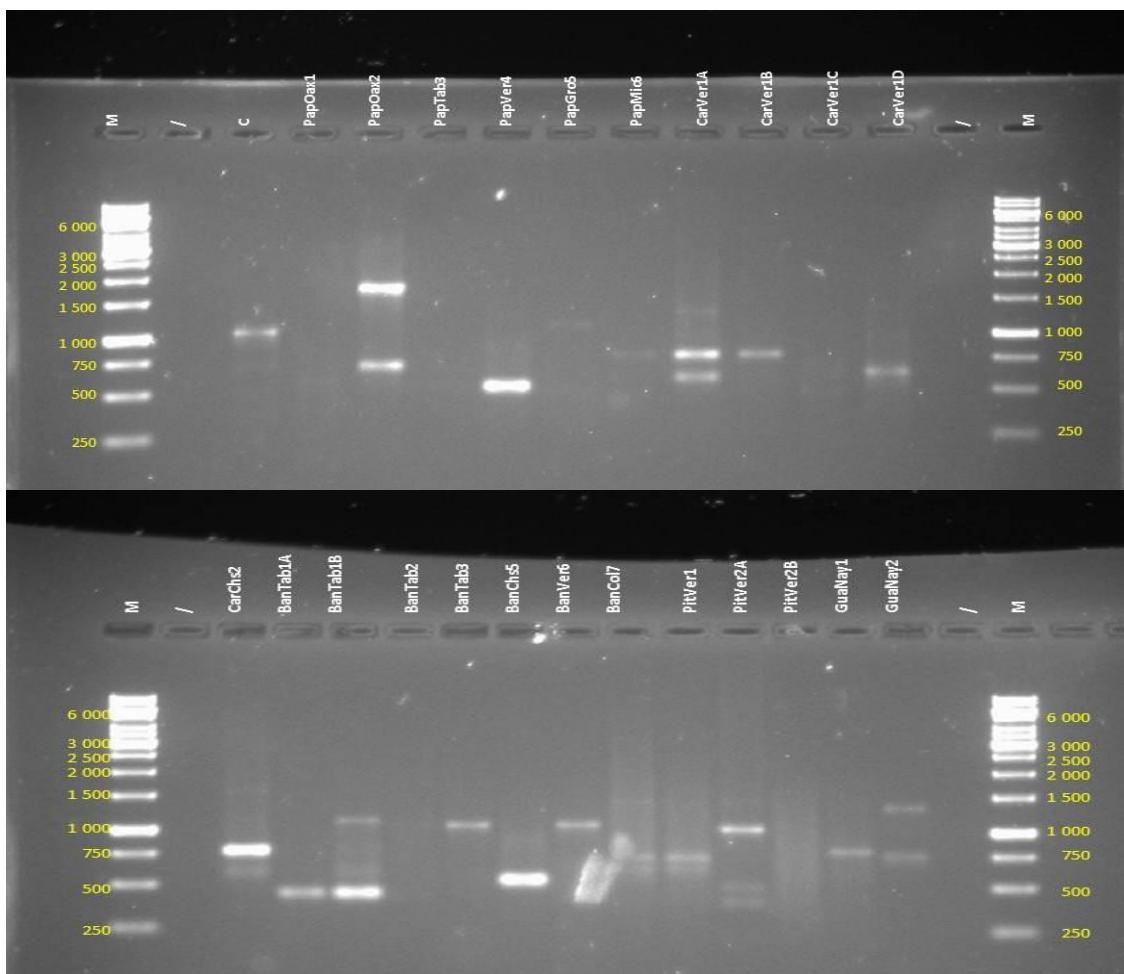


Figura 27. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 08 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 1 Kb landder de Fermentas (M).

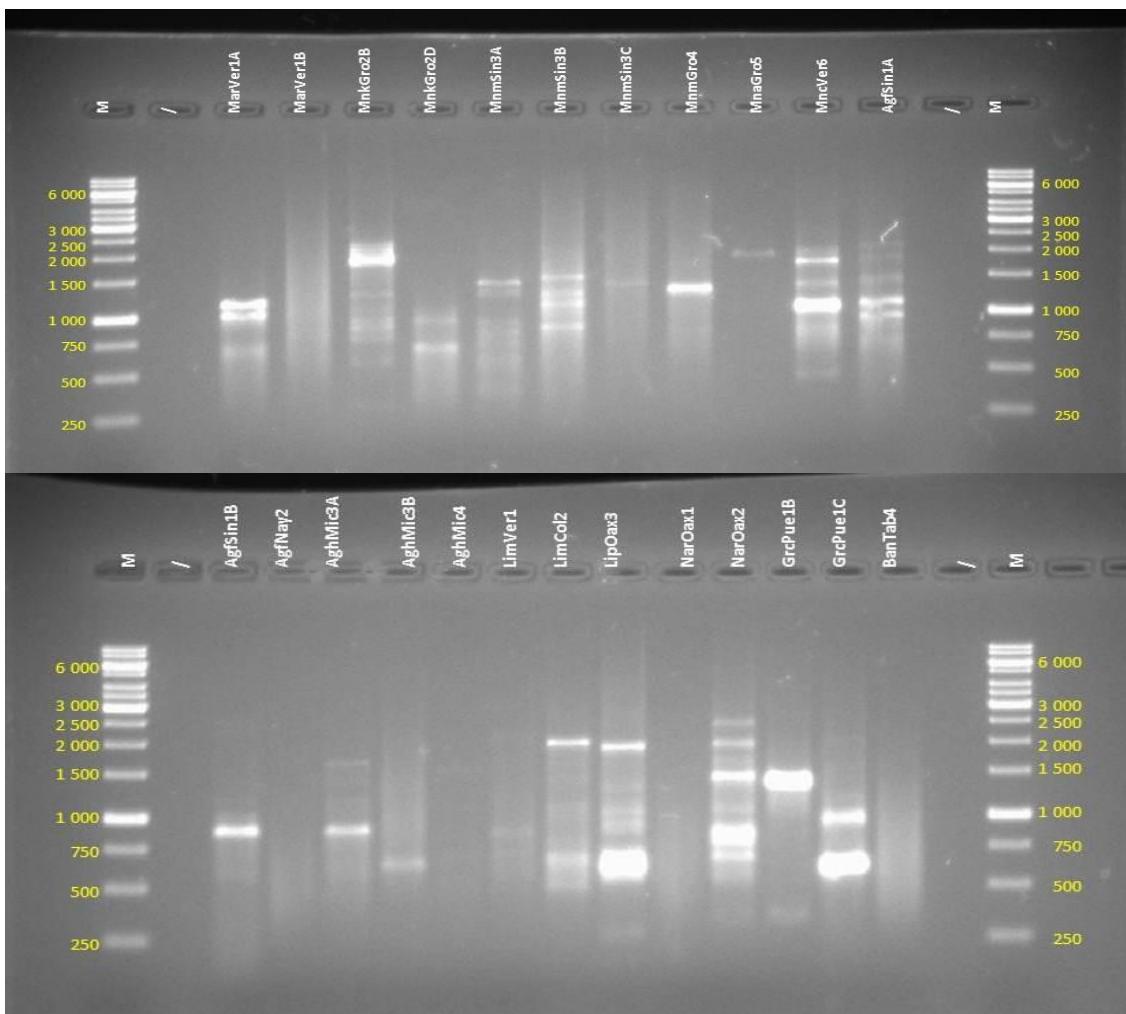


Figura 28. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPM 08 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A), maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mngo kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 1 Kb landder de Fermentas (M).

### 3.6.9 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPX 01

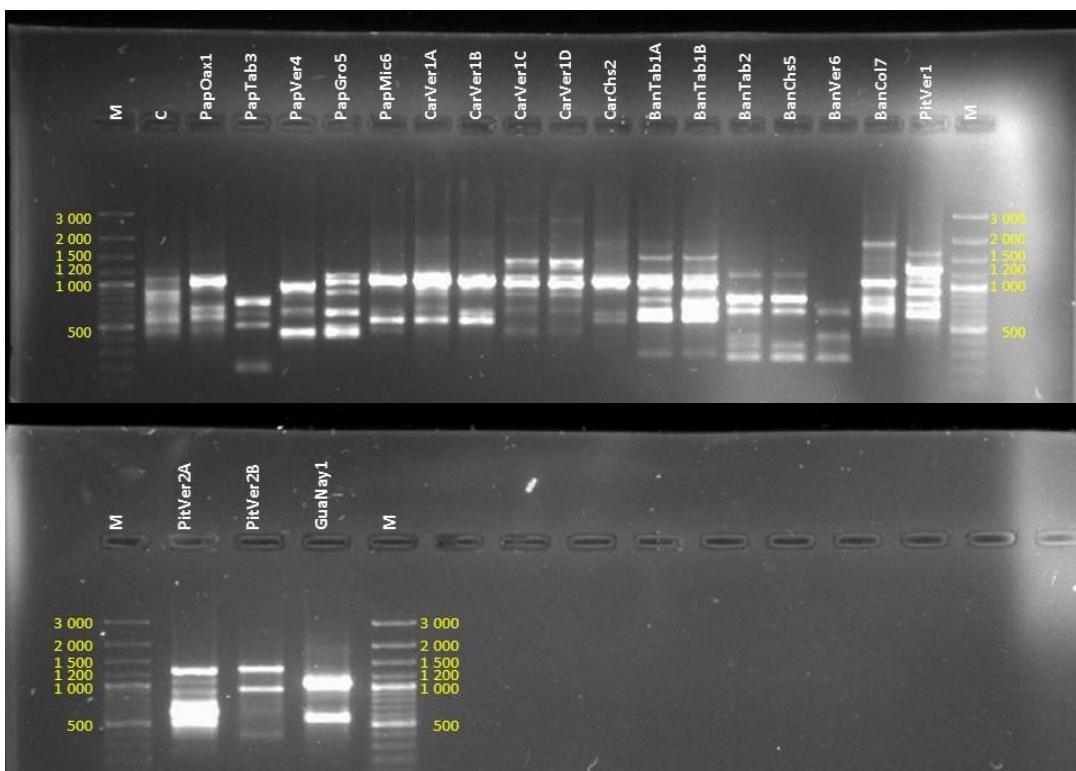


Figura 29. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPX 01 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); y marcador molecular 100 bp ladder de Fermentas (M).

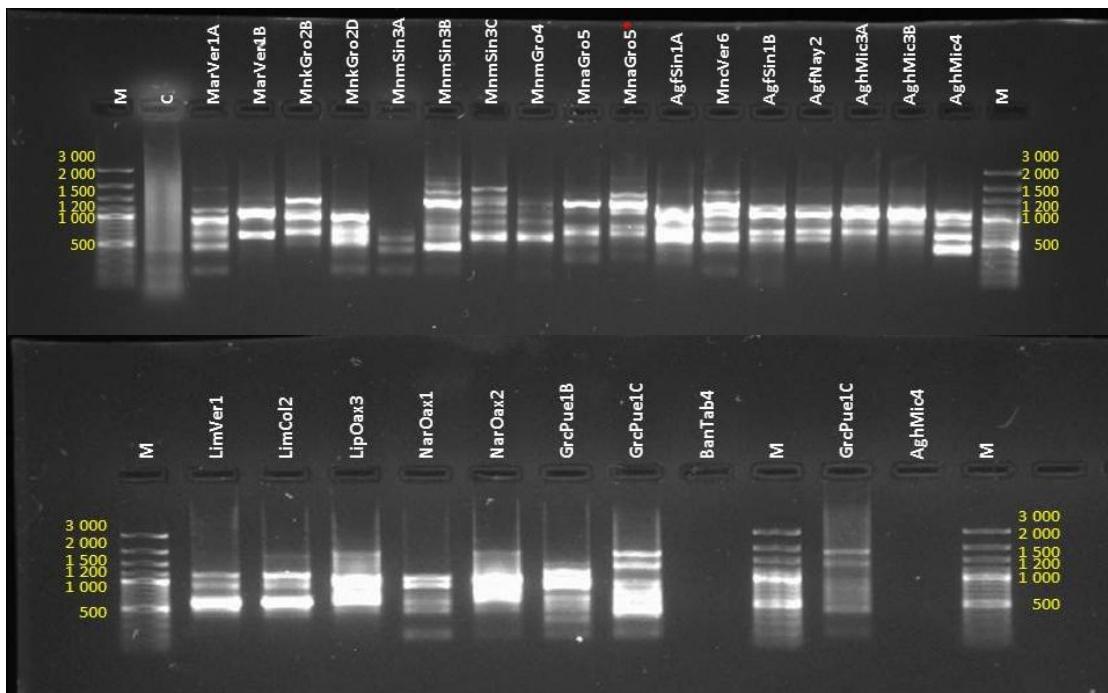


Figura 30. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPX 01 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A), maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

### 3.6.10 RAPD bandas polimórficas del iniciador OPM 13

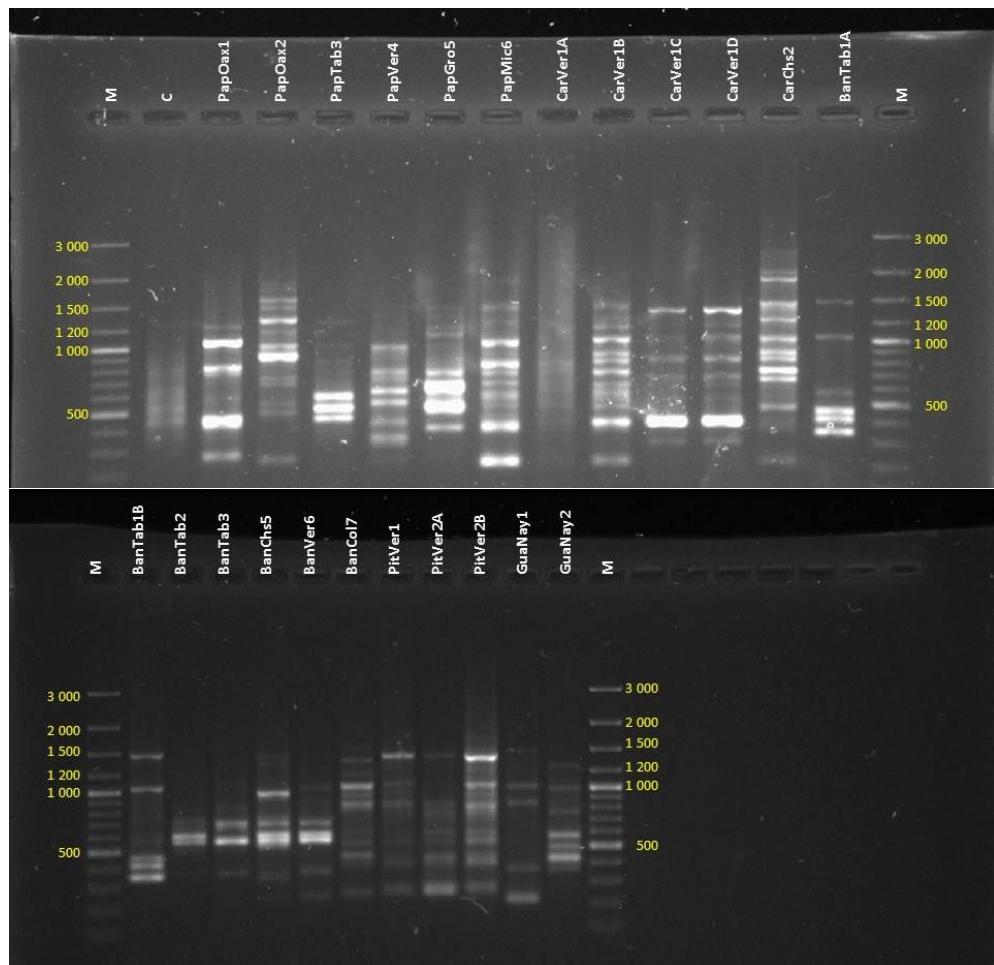


Figura 31. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPX 13 de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); ); guanábana de Nayarit (GuaNay2) y marcador molecular 100 bp landder de Fermentas (M).

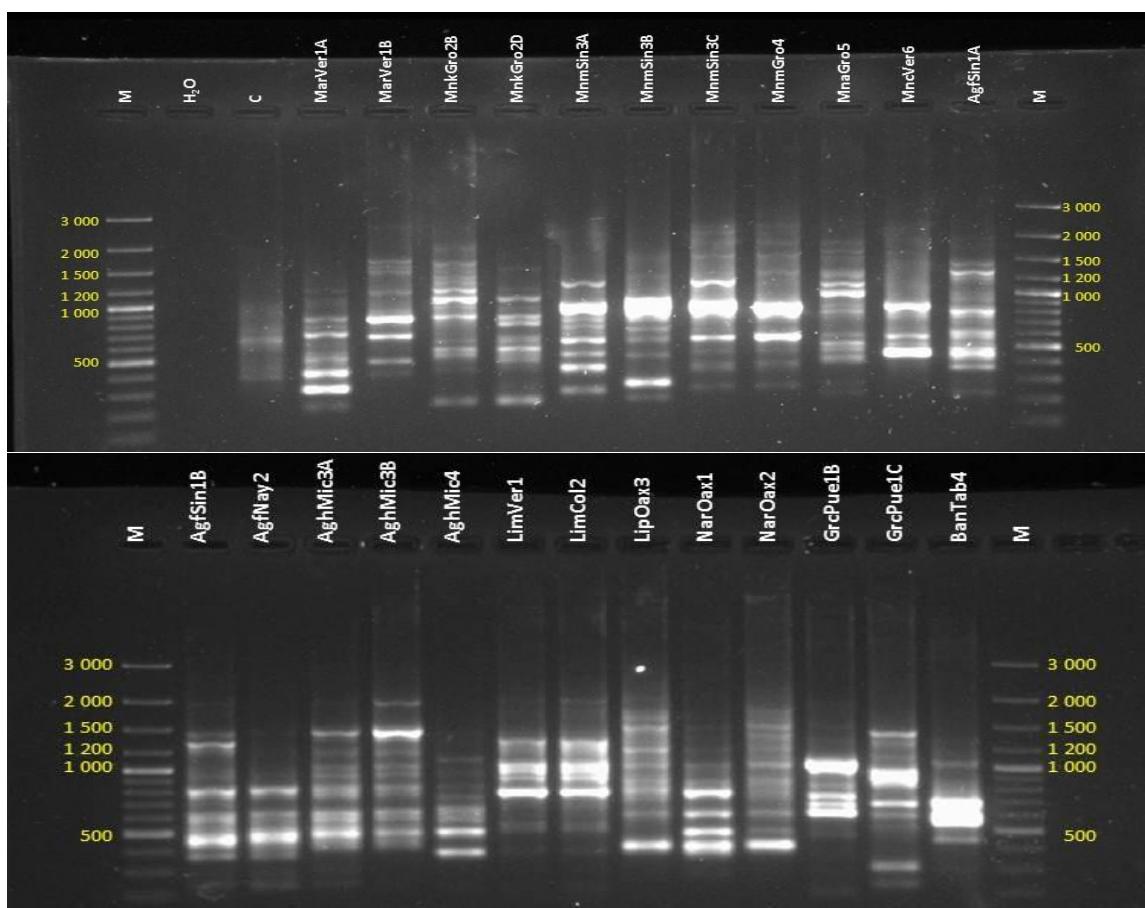


Figura 32. RAPD Patrón de bandas polimórficas con el iniciador OPX 13 de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1A), maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mngo kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp ladder de Fermentas (M).

### 3.7 Análisis de variabilidad

#### 3.7.1 Matriz binaria de comparación

Cuadro 11. Matriz binaria de comparación.

	PapOax1	PapOax2	PapTab3	PapVer4	PapGros5	PapMic6	CarVer1A	CarVer1B	CarVer1C	CarVer1D	CarChs2	BanTab1A	BanTab1B	BanTab2	BanTab3	BanChs5	BanVer6	BanCol7	PitVer1	PitVer2A	PitVer2B	GuaNay1	GuaNay2	MarVer1A
OPM1-01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM1-02	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1
OPM1-03	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0
OPM1-04	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM1-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0
OPM1-06	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
OPM1-07	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
OPM1-08	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
OPM1-09	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1
OPM1-10	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM1-11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
OPM1-12	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM1-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM1-14	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM1-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
OPM1-16	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
OPM1-17	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM1-18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1
OPM1-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPM1-20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1
OPM2-01	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM2-02	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
OPM2-03	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM2-04	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM2-05	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM2-06	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
OPM2-07	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1
OPM2-08	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
OPM2-09	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0
OPM2-10	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1
OPM2-11	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1
OPM2-12	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0
OPM2-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM2-14	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM2-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
OPM2-16	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM2-17	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM3-01	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
OPM3-02	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM3-03	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
OPM3-04	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM3-05	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM3-06	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM3-07	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
OPM3-08	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
OPM3-09	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
OPM3-10	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
OPM3-11	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
OPM3-12	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM3-13	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

Cuadro 11. Continuación.

	PapOax1	PapOax2	PapTab3	PapVer4	PapGro5	PapMic6	CarVer1A	CarVer1B	CarVer1C	CarVer1D	CarChs2	BanTab1A	BanTab1B	BanTab2	BanTab3	BanChs5	BanVer6	BanCol7	PitVer1	PitVer2A	PitVer2B	GuaNay1	GuaNay2	MarVer1A
OPM3-14	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM3-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM3-16	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1
OPM3-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
OPM3-18	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
OPM3-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
OPM3-20	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0
OPM3-21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
OPM3-22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
OPM4-01	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-02	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-03	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-04	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
OPM4-05	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0
OPM4-06	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM4-07	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-08	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM4-09	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
OPM4-10	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1
OPM4-11	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-12	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM4-13	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
OPM4-14	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
OPM4-15	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1
OPM4-16	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-17	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-18	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-19	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-20	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-01	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-02	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0
OPM5-03	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM5-04	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0
OPM5-05	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1
OPM5-06	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0
OPM5-07	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM5-08	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM5-09	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0
OPM5-10	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM5-11	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM5-12	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM5-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
OPM5-14	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
OPM5-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1
OPM5-16	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0
OPM5-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
OPM5-18	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM5-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-20	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1
OPM5-21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM6-01	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
OPM6-02	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0
OPM6-03	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-04	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM6-05	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-06	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Cuadro 11. Continuación.

	PapOax1	PapOax2	PapTab3	PapVer4	PapGro5	PapMic6	CarVer1A	CarVer1B	CarVer1C	CarVer1D	CarChs2	BanTab1A	BanTab1B	BanTab2	BanTab3	BanChs5	BanVer6	BanCol7	PitVer1	PitVer2A	PitVer2B	GuaNay1	GuaNay2	MarVer1A
OPM6-07	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM6-08	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
OPM6-09	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-10	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1
OPM6-11	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-12	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
OPM6-13	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM6-14	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-15	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
OPM6-16	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM6-17	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-18	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM6-19	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
OPM6-20	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
OPM6-21	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM6-22	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM6-23	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1
OPM6-24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
OPM6-25	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM7-01	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-02	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM7-03	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-04	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
OPM7-05	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-06	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
OPM7-07	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-08	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
OPM7-09	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM7-10	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
OPM7-11	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-12	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1
OPM7-13	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
OPM7-14	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1
OPM7-15	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0
OPM7-16	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM7-17	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-18	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
OPM7-19	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM7-20	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-22	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM8-01	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-02	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM8-03	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1
OPM8-04	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-05	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
OPM8-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-07	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-08	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-09	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1
OPM8-10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-11	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
OPM8-12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1

Cuadro 11. Continuación.

	PapOax1	PapOax2	PapTab3	PapVer4	PapGro5	PapMic6	CarVer1A	CarVer1B	CarVer1C	CarVer1D	CarChs2	BanTab1A	BanTab1B	BanTab2	BanTab3	BanChs5	BanVer6	BanCol7	PitVer1	PitVer2A	PitVer2B	GuaNay1	GuaNay2	MarVer1A
OPM8-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX1-01	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0
OPX1-02	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
OPX1-03	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
OPX1-04	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
OPX1-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPX1-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0
OPX1-07	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1
OPX1-08	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0
OPX1-09	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1
OPX1-10	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
OPX1-11	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1
OPX1-12	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0
OPX1-13	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
OPX1-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0
OPX1-15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPX13-01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0
OPX13-03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
OPX13-04	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-05	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPX13-06	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPX13-07	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
OPX13-08	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPX13-09	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
OPX13-10	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
OPX13-11	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPX13-12	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
OPX13-13	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-14	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPX13-15	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-16	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1
OPX13-17	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-18	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
OPX13-19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPX13-20	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

Cuadro 11. Continuación.

	MarVer1B	MnkGro2B	MnkGro2D	MnmSin3A	MnmSin3B	MnmSin3C	MnmGro4	MnaGro5	MncVer6	AgfSin1A	AgfSin1B	AghMic3A	AghMic3B	AghMic4	LimVer1	LimCol2	LipOax3	NarOax1	NarOax2	GrcPue1B	GrcPue1C	BanTab4
OPM1-01	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
OPM1-02	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
OPM1-03	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
OPM1-04	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1
OPM1-05	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1
OPM1-06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
OPM1-07	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0
OPM1-08	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0
OPM1-09	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM1-10	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1
OPM1-11	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1
OPM1-12	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
OPM1-13	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
OPM1-14	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0
OPM1-15	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
OPM1-16	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1
OPM1-17	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
OPM1-18	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM1-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM1-20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM2-01	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM2-02	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0
OPM2-03	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0
OPM2-04	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
OPM2-05	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM2-06	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1
OPM2-07	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0
OPM2-08	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM2-09	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1
OPM2-10	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1
OPM2-11	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
OPM2-12	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPM2-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0
OPM2-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0
OPM2-15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0
OPM2-16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0
OPM2-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
OPM3-01	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
OPM3-02	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0
OPM3-03	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1
OPM3-04	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
OPM3-05	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
OPM3-06	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM3-07	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM3-08	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
OPM3-09	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0
OPM3-10	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1
OPM3-11	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0
OPM3-12	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1
OPM3-13	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM3-14	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0
OPM3-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM3-16	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0
OPM3-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Cuadro 11. Continuación.

	MarVer1B	MnkGro2B	MnkGro2D	MnmSin3A	MnmSin3B	MnmSin3C	MnmGro4	MnaGro5	MncVer6	AgfSin1A	AgfSin1B	AghMic3A	AghMic3B	AghMic4	LimVer1	LimCol2	LipOax3	NarOax1	NarOax2	GrcPue1B	GrcPue1C	BanTab4
OPM3-18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM3-19	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM3-20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM3-21	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0
OPM3-22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-01	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM4-02	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-03	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0
OPM4-04	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
OPM4-05	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0
OPM4-06	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM4-07	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0
OPM4-08	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
OPM4-09	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-10	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM4-11	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1
OPM4-12	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
OPM4-13	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
OPM4-14	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
OPM4-15	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-16	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM4-17	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
OPM4-18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM4-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM4-20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
OPM5-01	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM5-02	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
OPM5-03	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0
OPM5-04	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM5-05	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-06	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0
OPM5-07	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM5-08	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM5-09	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-10	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM5-11	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM5-12	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM5-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPM5-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
OPM5-16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
OPM5-18	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
OPM5-20	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM5-21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM6-01	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
OPM6-02	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
OPM6-03	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
OPM6-04	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
OPM6-05	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
OPM6-06	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
OPM6-07	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM6-08	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0

Cuadro 11. Continuación.

	MarVer1B	MnkGro2B	MnkGro2D	MnmSin3A	MnmSin3B	MnmSin3C	MnmGro4	MnaGro5	MncVer6	AgfSin1A	AgfSin1B	AgfNay2	AghMic3A	AghMic3B	AghMic4	LimVer1	LimCol2	LipOax3	NarOax1	NarOax2	GrcPue1B	GrcPue1C	BanTab4	
OPM6-09	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1
OPM6-10	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPM6-11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0
OPM6-12	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM6-13	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1
OPM6-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
OPM6-15	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0
OPM6-16	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1
OPM6-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
OPM6-18	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
OPM6-19	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
OPM6-20	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
OPM6-21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-22	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
OPM6-23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-24	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM6-25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-01	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
OPM7-02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
OPM7-03	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0
OPM7-04	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0
OPM7-05	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
OPM7-06	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM7-07	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1
OPM7-08	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM7-09	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1
OPM7-10	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM7-11	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
OPM7-12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
OPM7-13	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1
OPM7-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM7-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-16	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM7-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0
OPM7-18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
OPM7-19	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0
OPM7-20	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM7-21	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM7-22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM8-01	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
OPM8-02	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
OPM8-03	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
OPM8-04	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-05	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
OPM8-06	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
OPM8-07	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-08	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
OPM8-09	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0
OPM8-11	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-12	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
OPM8-13	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPM8-14	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
OPM8-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Cuadro 11. Continuación.

	MarVer1B	MnkGro2B	MnkGro2D	MnmSin3A	MnmSin3B	MnmSin3C	MnmGro4	MnaGro5	MncVer6	AgfSin1A	AgfSin1B	AghMic3A	AghMic3B	AghMic4	LimVer1	LimCol2	LipOak3	NarOak1	NarOak2	GrcPue1B	GrcPue1C	BanTab4
OPM8-16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	
OPX1-01	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
OPX1-02	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	
OPX1-03	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	
OPX1-04	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	
OPX1-05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	
OPX1-06	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	
OPX1-07	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	
OPX1-08	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	
OPX1-09	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
OPX1-10	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
OPX1-11	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	
OPX1-12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	
OPX1-13	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
OPX1-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	
OPX1-15	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
OPX13-01	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	
OPX13-02	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	
OPX13-03	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	
OPX13-04	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	
OPX13-05	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	
OPX13-06	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	
OPX13-07	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
OPX13-08	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	
OPX13-09	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	
OPX13-10	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	
OPX13-11	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
OPX13-12	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
OPX13-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	
OPX13-14	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	
OPX13-15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	
OPX13-16	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	
OPX13-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	
OPX13-18	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
OPX13-19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	
OPX13-20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	

### 3.7.2 Matriz de distancia/similaridad

Cuadro 12. Matriz de resultados con distancias genéticas calculadas con frecuencias de fragmentos de ADN tipo RAPD's.

	PapOax1	PapOax2	PapTab3	PapVer4	PapGro5	PapMic6	CarVer1A	CarVer1B	CarVer1C	CarVer1D	CarChs2
PapOax1		0.2642	0.4632	0.4144	0.4259	0.3571	0.3967	0.3621	0.3762	0.3738	0.3130
PapOax2	0.2642		0.3218	0.3884	0.2800	0.3462	0.3363	0.2778	0.3011	0.3232	0.4112
PapTab3	0.4632	0.3218		0.4348	0.3820	0.4086	0.4118	0.4124	0.3415	0.2955	0.2917
PapVer4	0.4144	0.3884	0.4348		0.4762	0.4037	0.3898	0.4071	0.2857	0.2692	0.2857
PapGro5	0.4259	0.2800	0.3820	0.4762		0.4528	0.4348	0.4000	0.3579	0.3564	0.3486
PapMic6	0.3571	0.3462	0.4086	0.4037	0.4528		0.6555	0.6316	0.4444	0.4381	0.4956
CarVer1A	0.3967	0.3363	0.4118	0.3898	0.4348	0.6555		0.7805	0.5000	0.5263	0.4754
CarVer1B	0.3621	0.2778	0.4124	0.4071	0.4000	0.6316	0.7805		0.5437	0.5321	0.3932
CarVer1C	0.3762	0.3011	0.3415	0.2857	0.3579	0.4444	0.5000	0.5437		0.8936	0.2745
CarVer1D	0.3738	0.3232	0.2955	0.2692	0.3564	0.4381	0.5263	0.5321	0.8936		0.3148
CarChs2	0.3130	0.4112	0.2917	0.2857	0.3486	0.4956	0.4754	0.3932	0.2745	0.3148	
BanTab1A	0.3826	0.2430	0.3125	0.3750	0.3486	0.4248	0.4590	0.4103	0.2157	0.2778	0.3793
BanTab1B	0.2778	0.2400	0.2697	0.3429	0.3333	0.4528	0.4174	0.3818	0.2105	0.2376	0.3853
BanTab2	0.2970	0.3011	0.2683	0.3469	0.3579	0.4242	0.4074	0.4466	0.3409	0.3192	0.2745
BanTab3	0.3333	0.3192	0.2892	0.3434	0.3125	0.3600	0.3486	0.3654	0.2921	0.2737	0.2718
BanTab4	0.2524	0.2947	0.2857	0.3400	0.3299	0.3366	0.3455	0.3619	0.2222	0.2292	0.2308
BanChs5	0.2857	0.2680	0.2791	0.3726	0.4040	0.3884	0.3750	0.4299	0.2826	0.2449	0.2264
BanVer6	0.3333	0.4000	0.2689	0.3259	0.3636	0.3824	0.4828	0.4286	0.3680	0.4122	0.4029
BanCol7	0.3802	0.3540	0.2745	0.3051	0.3652	0.3698	0.3750	0.3415	0.3333	0.3684	0.4262
PitVer1	0.3419	0.3119	0.2245	0.2983	0.2883	0.3130	0.3548	0.3361	0.3077	0.3091	0.3220
PitVer2A	0.3462	0.3125	0.2353	0.2574	0.2857	0.3333	0.2883	0.2453	0.2637	0.3093	0.3619
PitVer2B	0.2983	0.2642	0.2737	0.2883	0.3333	0.3571	0.3636	0.3276	0.2772	0.3178	0.4522
GuaNay1	0.3677	0.3750	0.2906	0.4511	0.3846	0.3134	0.3636	0.3478	0.3577	0.4186	0.3066
GuaNay2	0.3571	0.3077	0.3441	0.3486	0.3019	0.3636	0.3698	0.3333	0.2424	0.2286	0.3540
MarVer1A	0.3238	0.2680	0.1628	0.2745	0.3030	0.3107	0.2143	0.2056	0.2609	0.2449	0.3208
MarVer1B	0.2951	0.3684	0.1942	0.3529	0.3103	0.4167	0.3721	0.3387	0.3119	0.3304	0.4065
MnkGro2B	0.3333	0.3600	0.3820	0.3810	0.3726	0.3962	0.4000	0.4364	0.3158	0.2970	0.3486
MnkGro2D	0.3540	0.3048	0.3617	0.3455	0.3365	0.3243	0.3000	0.3304	0.2600	0.2453	0.3333
MnmSin3A	0.2975	0.3894	0.3529	0.3220	0.2609	0.4034	0.3438	0.3089	0.2593	0.3158	0.3607
MnmSin3B	0.3636	0.2745	0.3297	0.3551	0.2692	0.3704	0.2906	0.2143	0.2268	0.2524	0.2703
MnmSin3C	0.3265	0.2667	0.3544	0.3158	0.3044	0.2917	0.2667	0.2000	0.3059	0.3077	0.2626
MnmGro4	0.3363	0.3429	0.2553	0.2909	0.2243	0.3964	0.3500	0.3478	0.3200	0.3396	0.3684
MnaGro5	0.2963	0.2992	0.3276	0.3485	0.2946	0.3759	0.3521	0.3358	0.1967	0.2344	0.3529
MncVer6	0.2581	0.2931	0.2857	0.3967	0.3729	0.3443	0.4122	0.3968	0.1982	0.2051	0.3040
AgfSin1A	0.2222	0.2600	0.3146	0.3810	0.2941	0.3019	0.3652	0.3091	0.1684	0.1782	0.3303
AgfSin1B	0.2642	0.2653	0.3678	0.4078	0.2800	0.2885	0.3009	0.3148	0.2151	0.2020	0.3178
AgfNay2	0.2569	0.2970	0.3111	0.3585	0.2524	0.3551	0.3448	0.2883	0.2083	0.2157	0.2909
AghMic3A	0.2330	0.2526	0.3095	0.3400	0.2474	0.3366	0.3636	0.3048	0.2222	0.2292	0.2692
AghMic3B	0.3077	0.1687	0.3333	0.3182	0.2824	0.2247	0.2653	0.3226	0.2821	0.2619	0.1957
AghMic4	0.4191	0.3093	0.3023	0.3333	0.3030	0.2913	0.3214	0.3551	0.3478	0.3265	0.2264
LimVer1	0.4733	0.3577	0.2500	0.2969	0.3200	0.2946	0.3623	0.3459	0.3390	0.3871	0.3030
LimCol2	0.3358	0.3411	0.2203	0.2537	0.3359	0.3407	0.3056	0.2158	0.2258	0.2769	0.3478
LipOax3	0.3833	0.3214	0.2574	0.3248	0.3509	0.2881	0.3150	0.2623	0.2804	0.2832	0.2810
NarOax1	0.3404	0.3308	0.2131	0.2609	0.2815	0.3309	0.3514	0.2238	0.2500	0.2985	0.3099
NarOax2	0.4299	0.2828	0.2500	0.3269	0.2970	0.4000	0.3684	0.3303	0.2553	0.2600	0.3519
GrcPue1B	0.3729	0.2909	0.2626	0.3304	0.3214	0.3103	0.4000	0.3333	0.2857	0.3243	0.3361
GrcPue1C	0.2991	0.2626	0.3182	0.3654	0.3762	0.3429	0.3509	0.3670	0.3192	0.3200	0.2593

Cuadro 12. Continuación.

	BanTab1A	BanTab1B	BanTab2	BanTab3	BanTab4	BanChs5	BanVer6	BanCol7	PitVer1	PitVer2A	PitVer2B
PapOax1	0.3826	0.2778	0.2970	0.3333	0.2524	0.2857	0.3333	0.3802	0.3419	0.3462	0.2983
PapOax2	0.2430	0.2400	0.3011	0.3192	0.2947	0.2680	0.4000	0.3540	0.3119	0.3125	0.2642
PapTab3	0.3125	0.2697	0.2683	0.2892	0.2857	0.2791	0.2689	0.2745	0.2245	0.2353	0.2737
PapVer4	0.3750	0.3429	0.3469	0.3434	0.3400	0.3726	0.3259	0.3051	0.2983	0.2574	0.2883
PapGro5	0.3486	0.3333	0.3579	0.3125	0.3299	0.4040	0.3636	0.3652	0.2883	0.2857	0.3333
PapMic6	0.4248	0.4528	0.4242	0.3600	0.3366	0.3884	0.3824	0.3698	0.3130	0.3333	0.3571
CarVer1A	0.4590	0.4174	0.4074	0.3486	0.3455	0.3750	0.4828	0.3750	0.3548	0.2883	0.3636
CarVer1B	0.4103	0.3818	0.4466	0.3654	0.3619	0.4299	0.4286	0.3415	0.3361	0.2453	0.3276
CarVer1C	0.2157	0.2105	0.3409	0.2921	0.2222	0.2826	0.3680	0.3333	0.3077	0.2637	0.2772
CarVer1D	0.2778	0.2376	0.3192	0.2737	0.2292	0.2449	0.4122	0.3684	0.3091	0.3093	0.3178
CarChs2	0.3793	0.3853	0.2745	0.2718	0.2308	0.2264	0.4029	0.4262	0.3220	0.3619	0.4522
BanTab1A		0.7706	0.4510	0.4272	0.4231	0.4151	0.3453	0.3443	0.3559	0.3048	0.3130
BanTab1B	0.7706		0.5263	0.4792	0.5155	0.4849	0.3485	0.3826	0.4144	0.2653	0.3519
BanTab2	0.4510	0.5263		0.8315	0.7111	0.7391	0.2880	0.3519	0.3462	0.2857	0.2772
BanTab3	0.4272	0.4792	0.8315		0.7033	0.7742	0.2540	0.3303	0.2857	0.2609	0.2549
BanTab4	0.4231	0.5155	0.7111	0.7033		0.7872	0.3150	0.3636	0.3774	0.2581	0.3495
BanChs5	0.4151	0.4849	0.7391	0.7742	0.7872		0.2636	0.3214	0.3333	0.2737	0.2857
BanVer6	0.3453	0.3485	0.2880	0.2540	0.3150	0.2636		0.7035	0.5106	0.5625	0.4928
BanCol7	0.3443	0.3826	0.3519	0.3303	0.3636	0.3214	0.7035		0.5807	0.6667	0.4793
PitVer1	0.3559	0.4144	0.3462	0.2857	0.3774	0.3333	0.5106	0.5807		0.5234	0.4957
PitVer2A	0.3048	0.2653	0.2857	0.2609	0.2581	0.2737	0.5625	0.6667	0.5234		0.5385
PitVer2B	0.3130	0.3519	0.2772	0.2549	0.3495	0.2857	0.4928	0.4793	0.4957	0.5385	
GuaNay1	0.4380	0.4308	0.3577	0.3710	0.3680	0.4095	0.5000	0.4476	0.4460	0.3968	0.3971
GuaNay2	0.4071	0.3774	0.2626	0.2600	0.2772	0.3301	0.4412	0.4034	0.4000	0.4510	0.4107
MarVer1A	0.3019	0.2828	0.1739	0.2151	0.2340	0.2708	0.3566	0.3929	0.3519	0.4211	0.3048
MarVer1B	0.2602	0.3103	0.1835	0.2000	0.2162	0.2478	0.5206	0.4496	0.3840	0.3571	0.3934
MnkGro2B	0.2202	0.2549	0.2316	0.1875	0.2268	0.2626	0.4849	0.5044	0.3964	0.3674	0.4444
MnkGro2D	0.2632	0.2991	0.2800	0.2772	0.3333	0.3077	0.3942	0.4000	0.4483	0.3495	0.3717
MnmSin3A	0.3934	0.4000	0.3333	0.3303	0.3455	0.3036	0.4000	0.3750	0.3226	0.3063	0.3306
MnmSin3B	0.3063	0.3462	0.2062	0.1837	0.2626	0.2574	0.4179	0.3761	0.3894	0.4200	0.2727
MnmSin3C	0.2424	0.2391	0.2118	0.1861	0.2759	0.2697	0.3279	0.3429	0.2970	0.3409	0.2653
MnmGro4	0.3333	0.3178	0.2600	0.2574	0.2941	0.3077	0.4088	0.4000	0.3448	0.4466	0.3363
MnaGro5	0.3382	0.2946	0.2131	0.2439	0.3065	0.2540	0.4277	0.3521	0.3478	0.3360	0.2815
MncVer6	0.3680	0.3220	0.2703	0.2679	0.3186	0.3304	0.4730	0.3817	0.3780	0.4035	0.4032
AgfSin1A	0.4037	0.3137	0.2105	0.2083	0.2474	0.2222	0.3485	0.2957	0.3423	0.3674	0.4074
AgfSin1B	0.4112	0.3200	0.2796	0.2766	0.2316	0.2474	0.2769	0.2832	0.3303	0.2917	0.3585
AgfNay2	0.3455	0.3495	0.1875	0.1856	0.2857	0.2400	0.3609	0.2759	0.3750	0.3232	0.3853
AghMic3A	0.3269	0.3299	0.1556	0.1539	0.2391	0.1915	0.3937	0.3091	0.3774	0.3441	0.3495
AghMic3B	0.2826	0.2824	0.3077	0.2532	0.2500	0.2927	0.2783	0.3265	0.2979	0.2716	0.2637
AghMic4	0.2642	0.2424	0.3261	0.3441	0.2340	0.3542	0.3721	0.3393	0.3333	0.2947	0.2667
LimVer1	0.2879	0.2880	0.3051	0.3193	0.2167	0.2951	0.4258	0.3913	0.3284	0.3306	0.3206
LimCol2	0.3623	0.3664	0.2903	0.3200	0.2381	0.2656	0.4721	0.4306	0.3714	0.3622	0.3650
LipOax3	0.3967	0.3684	0.3551	0.3333	0.3303	0.3604	0.3889	0.3780	0.3577	0.4182	0.3333
NarOax1	0.3944	0.3407	0.2656	0.2791	0.2615	0.2576	0.4606	0.4054	0.2778	0.3970	0.3546
NarOax2	0.3704	0.4158	0.4043	0.4421	0.3542	0.4082	0.3359	0.3684	0.3636	0.3093	0.3738
GrcPue1B	0.4370	0.4286	0.3429	0.3396	0.3551	0.3670	0.3521	0.3520	0.3967	0.2593	0.3220
GrcPue1C	0.3148	0.2574	0.3617	0.4000	0.3333	0.4082	0.3053	0.2807	0.3455	0.2268	0.3178

Cuadro 12. Continuación.

	GuaNay1	GuaNay2	MarVer1A	MarVer1B	MnkGro2B	MnkGro2D	MnmSin3A	MnmSin3B	MnmSin3C	MnmGro4
PapOax1	0.3677	0.3571	0.3238	0.2951	0.3333	0.3540	0.2975	0.3636	0.3265	0.3363
PapOax2	0.3750	0.3077	0.2680	0.3684	0.3600	0.3048	0.3894	0.2745	0.2667	0.3429
PapTab3	0.2906	0.3441	0.1628	0.1942	0.3820	0.3617	0.3529	0.3297	0.3544	0.2553
PapVer4	0.4511	0.3486	0.2745	0.3529	0.3810	0.3455	0.3220	0.3551	0.3158	0.2909
PapGro5	0.3846	0.3019	0.3030	0.3103	0.3726	0.3365	0.2609	0.2692	0.3044	0.2243
PapMic6	0.3134	0.3636	0.3107	0.4167	0.3962	0.3243	0.4034	0.3704	0.2917	0.3964
CarVer1A	0.3636	0.3698	0.2143	0.3721	0.4000	0.3000	0.3438	0.2906	0.2667	0.3500
CarVer1B	0.3478	0.3333	0.2056	0.3387	0.4364	0.3304	0.3089	0.2143	0.2000	0.3478
CarVer1C	0.3577	0.2424	0.2609	0.3119	0.3158	0.2600	0.2593	0.2268	0.3059	0.3200
CarVer1D	0.4186	0.2286	0.2449	0.3304	0.2970	0.2453	0.3158	0.2524	0.3077	0.3396
CarChs2	0.3066	0.3540	0.3208	0.4065	0.3486	0.3333	0.3607	0.2703	0.2626	0.3684
BanTab1A	0.4380	0.4071	0.3019	0.2602	0.2202	0.2632	0.3934	0.3063	0.2424	0.3333
BanTab1B	0.4308	0.3774	0.2828	0.3103	0.2549	0.2991	0.4000	0.3462	0.2391	0.3178
BanTab2	0.3577	0.2626	0.1739	0.1835	0.2316	0.2800	0.3333	0.2062	0.2118	0.2600
BanTab3	0.3710	0.2600	0.2151	0.2000	0.1875	0.2772	0.3303	0.1837	0.1861	0.2574
BanTab4	0.3680	0.2772	0.2340	0.2162	0.2268	0.3333	0.3455	0.2626	0.2759	0.2941
BanChs5	0.4095	0.3301	0.2708	0.2478	0.2626	0.3077	0.3036	0.2574	0.2697	0.3077
BanVer6	0.5000	0.4412	0.3566	0.5206	0.4849	0.3942	0.4000	0.4179	0.3279	0.4088
BanCol7	0.4476	0.4034	0.3929	0.4496	0.5044	0.4000	0.3750	0.3761	0.3429	0.4000
PitVer1	0.4460	0.4000	0.3519	0.3840	0.3964	0.4483	0.3226	0.3894	0.2970	0.3448
PitVer2A	0.3968	0.4510	0.4211	0.3571	0.3674	0.3495	0.3063	0.4200	0.3409	0.4466
PitVer2B	0.3971	0.4107	0.3048	0.3934	0.4444	0.3717	0.3306	0.2727	0.2653	0.3363
GuaNay1		0.4179	0.3150	0.3472	0.3846	0.3852	0.4476	0.3333	0.3000	0.3259
GuaNay2	0.4179		0.4466	0.4167	0.4906	0.4324	0.4034	0.5185	0.4375	0.4144
MarVer1A	0.3150	0.4466		0.4602	0.2828	0.3846	0.4821	0.4555	0.3820	0.4039
MarVer1B	0.3472	0.4167	0.4602		0.6379	0.4132	0.4031	0.4746	0.3585	0.5124
MnkGro2B	0.3846	0.4906	0.2828	0.6379		0.5047	0.3652	0.3846	0.4130	0.4486
MnkGro2D	0.3852	0.4324	0.3846	0.4132	0.5047		0.5167	0.5872	0.5567	0.4107
MnmSin3A	0.4476	0.4034	0.4821	0.4031	0.3652	0.5167		0.5470	0.4191	0.5000
MnmSin3B	0.3333	0.5185	0.4555	0.4746	0.3846	0.5872	0.5470		0.7660	0.5688
MnmSin3C	0.3000	0.4375	0.3820	0.3585	0.4130	0.5567	0.4191	0.7660		0.5155
MnmGro4	0.3259	0.4144	0.4039	0.5124	0.4486	0.4107	0.5000	0.5688	0.5155	
MnaGro5	0.3694	0.4361	0.4286	0.4895	0.3876	0.4925	0.5211	0.5191	0.4706	0.5970
MncVer6	0.3836	0.4918	0.4174	0.4394	0.4407	0.4390	0.4275	0.4167	0.3704	0.5529
AgfSin1A	0.2923	0.4151	0.3838	0.2931	0.3726	0.3551	0.3826	0.4231	0.3913	0.4299
AgfSin1B	0.3125	0.4615	0.3299	0.3158	0.4000	0.3619	0.3186	0.3529	0.3556	0.4000
AgfNay2	0.2748	0.4486	0.4000	0.3761	0.3689	0.4074	0.4310	0.5143	0.5161	0.4630
AghMic3A	0.2880	0.4158	0.3617	0.3604	0.3711	0.3726	0.3818	0.4444	0.4598	0.4510
AghMic3B	0.2832	0.3146	0.2439	0.2626	0.3529	0.3111	0.2449	0.2069	0.3200	0.2444
AghMic4	0.3780	0.3495	0.4583	0.3186	0.4040	0.3654	0.4107	0.3366	0.2921	0.3077
LimVer1	0.4183	0.3411	0.4590	0.4604	0.3680	0.3077	0.4348	0.3622	0.2957	0.3539
LimCol2	0.4403	0.3704	0.4219	0.4138	0.3053	0.3088	0.4861	0.4211	0.3141	0.3824
LipOax3	0.4225	0.4068	0.4324	0.3125	0.3684	0.2857	0.3937	0.3448	0.2885	0.3529
NarOax1	0.4295	0.3885	0.4849	0.3893	0.3259	0.2714	0.4730	0.3942	0.3360	0.4000
NarOax2	0.3721	0.3619	0.3469	0.3652	0.3168	0.3585	0.3333	0.2913	0.2198	0.2453
GrcPue1B	0.4714	0.3276	0.3670	0.4444	0.3393	0.3761	0.4480	0.3509	0.3137	0.3419
GrcPue1C	0.4961	0.2857	0.2245	0.2087	0.2970	0.2830	0.2632	0.2330	0.2637	0.1698

Cuadro 12. Continuación.

	MnaGro5	MncVer6	AgfSin1A	AgfSin1B	AgfNay2	AghMic3A	AghMic3B	AghMic4	LimVer1	LimCol2	LipOax3
PapOax1	0.2963	0.2581	0.2222	0.2642	0.2569	0.2330	0.3077	0.4191	0.4733	0.3358	0.3833
PapOax2	0.2992	0.2931	0.2600	0.2653	0.2970	0.2526	0.1687	0.3093	0.3577	0.3411	0.3214
PapTab3	0.3276	0.2857	0.3146	0.3678	0.3111	0.3095	0.3333	0.3023	0.2500	0.2203	0.2574
PapVer4	0.3485	0.3967	0.3810	0.4078	0.3585	0.3400	0.3182	0.3333	0.2969	0.2537	0.3248
PapGro5	0.2946	0.3729	0.2941	0.2800	0.2524	0.2474	0.2824	0.3030	0.3200	0.3359	0.3509
PapMic6	0.3759	0.3443	0.3019	0.2885	0.3551	0.3366	0.2247	0.2913	0.2946	0.3407	0.2881
CarVer1A	0.3521	0.4122	0.3652	0.3009	0.3448	0.3636	0.2653	0.3214	0.3623	0.3056	0.3150
CarVer1B	0.3358	0.3968	0.3091	0.3148	0.2883	0.3048	0.3226	0.3551	0.3459	0.2158	0.2623
CarVer1C	0.1967	0.1982	0.1684	0.2151	0.2083	0.2222	0.2821	0.3478	0.3390	0.2258	0.2804
CarVer1D	0.2344	0.2051	0.1782	0.2020	0.2157	0.2292	0.2619	0.3265	0.3871	0.2769	0.2832
CarChs2	0.3529	0.3040	0.3303	0.3178	0.2909	0.2692	0.1957	0.2264	0.3030	0.3478	0.2810
BanTab1A	0.3382	0.3680	0.4037	0.4112	0.3455	0.3269	0.2826	0.2642	0.2879	0.3623	0.3967
BanTab1B	0.2946	0.3220	0.3137	0.3200	0.3495	0.3299	0.2824	0.2424	0.2880	0.3664	0.3684
BanTab2	0.2131	0.2703	0.2105	0.2796	0.1875	0.1556	0.3077	0.3261	0.3051	0.2903	0.3551
BanTab3	0.2439	0.2679	0.2083	0.2766	0.1856	0.1539	0.2532	0.3441	0.3193	0.3200	0.3333
BanTab4	0.3065	0.3186	0.2474	0.2316	0.2857	0.2391	0.2500	0.2340	0.2167	0.2381	0.3303
BanChs5	0.2540	0.3304	0.2222	0.2474	0.2400	0.1915	0.2927	0.3542	0.2951	0.2656	0.3604
BanVer6	0.4277	0.4730	0.3485	0.2769	0.3609	0.3937	0.2783	0.3721	0.4258	0.4721	0.3889
BanCol7	0.3521	0.3817	0.2957	0.2832	0.2759	0.3091	0.3265	0.3393	0.3913	0.4306	0.3780
PitVer1	0.3478	0.3780	0.3423	0.3303	0.3750	0.3774	0.2979	0.3333	0.3284	0.3714	0.3577
PitVer2A	0.3360	0.4035	0.3674	0.2917	0.3232	0.3441	0.2716	0.2947	0.3306	0.3622	0.4182
PitVer2B	0.2815	0.4032	0.4074	0.3585	0.3853	0.3495	0.2637	0.2667	0.3206	0.3650	0.3333
GuaNay1	0.3694	0.3836	0.2923	0.3125	0.2748	0.2880	0.2832	0.3780	0.4183	0.4403	0.4225
GuaNay2	0.4361	0.4918	0.4151	0.4615	0.4486	0.4158	0.3146	0.3495	0.3411	0.3704	0.4068
MarVer1A	0.4286	0.4174	0.3838	0.3299	0.4000	0.3617	0.2439	0.4583	0.4590	0.4219	0.4324
MarVer1B	0.4895	0.4394	0.2931	0.3158	0.3761	0.3604	0.2626	0.3186	0.4604	0.4138	0.3125
MnkGro2B	0.3876	0.4407	0.3726	0.4000	0.3689	0.3711	0.3529	0.4040	0.3680	0.3053	0.3684
MnkGro2D	0.4925	0.4390	0.3551	0.3619	0.4074	0.3726	0.3111	0.3654	0.3077	0.3088	0.2857
MnmSin3A	0.5211	0.4275	0.3826	0.3186	0.4310	0.3818	0.2449	0.4107	0.4348	0.4861	0.3937
MnmSin3B	0.5191	0.4167	0.4231	0.3529	0.5143	0.4444	0.2069	0.3366	0.3622	0.4211	0.3448
MnmSin3C	0.4706	0.3704	0.3913	0.3556	0.5161	0.4598	0.3200	0.2921	0.2957	0.3141	0.2885
MnmGro4	0.5970	0.5529	0.4299	0.4000	0.4630	0.4510	0.2444	0.3077	0.3539	0.3824	0.3529
MnaGro5	0.5655	0.4806	0.4724	0.5692	0.5000	0.2500	0.2698	0.3553	0.4304	0.3830	
MncVer6	0.5655		0.7288	0.5862	0.5714	0.5487	0.2772	0.3478	0.3830	0.3946	0.3692
AgfSin1A	0.4806	0.7288		0.7400	0.6990	0.6392	0.3765	0.3030	0.3360	0.3664	0.3509
AgfSin1B	0.4724	0.5862	0.7400		0.7327	0.6947	0.4337	0.3711	0.3252	0.3101	0.3571
AgfNay2	0.5692	0.5714	0.6990	0.7327		0.8776	0.3721	0.3400	0.3651	0.3485	0.3826
AghMic3A	0.5000	0.5487	0.6392	0.6947	0.8776		0.4000	0.3192	0.3500	0.3175	0.3303
AghMic3B	0.2500	0.2772	0.3765	0.4337	0.3721	0.4000		0.3415	0.3333	0.3333	0.3918
AghMic4	0.2698	0.3478	0.3030	0.3711	0.3400	0.3192	0.3415		0.7869	0.5156	0.5405
LimVer1	0.3553	0.3830	0.3360	0.3252	0.3651	0.3500	0.3333	0.7869		0.5844	0.5110
LimCol2	0.4304	0.3946	0.3664	0.3101	0.3485	0.3175	0.3333	0.5156	0.5844		0.6434
LipOax3	0.3830	0.3692	0.3509	0.3571	0.3826	0.3303	0.3918	0.5405	0.5110	0.6434	
NarOax1	0.3704	0.4106	0.3556	0.3008	0.3529	0.3385	0.2542	0.4546	0.5317	0.7561	0.6803
NarOax2	0.2969	0.3419	0.2970	0.3434	0.2941	0.2500	0.2619	0.4082	0.3871	0.3846	0.3540
GrcPue1B	0.4317	0.3438	0.3214	0.3818	0.3540	0.2991	0.2105	0.4037	0.4444	0.4255	0.3871
GrcPue1C	0.2656	0.2906	0.2970	0.3434	0.2745	0.2708	0.3571	0.4082	0.3387	0.3539	0.3540

Cuadro 12. Continuación.

	NarOax1	NarOax2	GrcPue1B	GrcPue1C
PapOax1	0.3404	0.4299	0.3729	0.2991
PapOax2	0.3308	0.2828	0.2909	0.2626
PapTab3	0.2131	0.2500	0.2626	0.3182
PapVer4	0.2609	0.3269	0.3304	0.3654
PapGro5	0.2815	0.2970	0.3214	0.3762
PapMic6	0.3309	0.4000	0.3103	0.3429
CarVer1A	0.3514	0.3684	0.4000	0.3509
CarVer1B	0.2238	0.3303	0.3333	0.3670
CarVer1C	0.2500	0.2553	0.2857	0.3192
CarVer1D	0.2985	0.2600	0.3243	0.3200
CarChs2	0.3099	0.3519	0.3361	0.2593
BanTab1A	0.3944	0.3704	0.4370	0.3148
BanTab1B	0.3407	0.4158	0.4286	0.2574
BanTab2	0.2656	0.4043	0.3429	0.3617
BanTab3	0.2791	0.4421	0.3396	0.4000
BanTab4	0.2615	0.3542	0.3551	0.3333
BanChs5	0.2576	0.4082	0.3670	0.4082
BanVer6	0.4606	0.3359	0.3521	0.3053
BanCol7	0.4054	0.3684	0.3520	0.2807
PitVer1	0.2778	0.3636	0.3967	0.3455
PitVer2A	0.3970	0.3093	0.2593	0.2268
PitVer2B	0.3546	0.3738	0.3220	0.3178
GuaNay1	0.4295	0.3721	0.4714	0.4961
GuaNay2	0.3885	0.3619	0.3276	0.2857
MarVer1A	0.4849	0.3469	0.3670	0.2245
MarVer1B	0.3893	0.3652	0.4444	0.2087
MnkGro2B	0.3259	0.3168	0.3393	0.2970
MnkGro2D	0.2714	0.3585	0.3761	0.2830
MnmSin3A	0.4730	0.3333	0.4480	0.2632
MnmSin3B	0.3942	0.2913	0.3509	0.2330
MnmSin3C	0.3360	0.2198	0.3137	0.2637
MnmGro4	0.4000	0.2453	0.3419	0.1698
MnaGro5	0.3704	0.2969	0.4317	0.2656
MncVer6	0.4106	0.3419	0.3438	0.2906
AgfSin1A	0.3556	0.2970	0.3214	0.2970
AgfSin1B	0.3008	0.3434	0.3818	0.3434
AgfNay2	0.3529	0.2941	0.3540	0.2745
AghMic3A	0.3385	0.2500	0.2991	0.2708
AghMic3B	0.2542	0.2619	0.2105	0.3571
AghMic4	0.4546	0.4082	0.4037	0.4082
LimVer1	0.5317	0.3871	0.4444	0.3387
LimCol2	0.7561	0.3846	0.4255	0.3539
LipOax3	0.6803	0.3540	0.3871	0.3540
NarOax1		0.3582	0.4138	0.2687
NarOax2	0.3582		0.4865	0.3800
GrcPue1B	0.4138	0.4865		0.3604
GrcPue1C	0.2687	0.3800	0.3604	

### 3.7.3 Dendograma

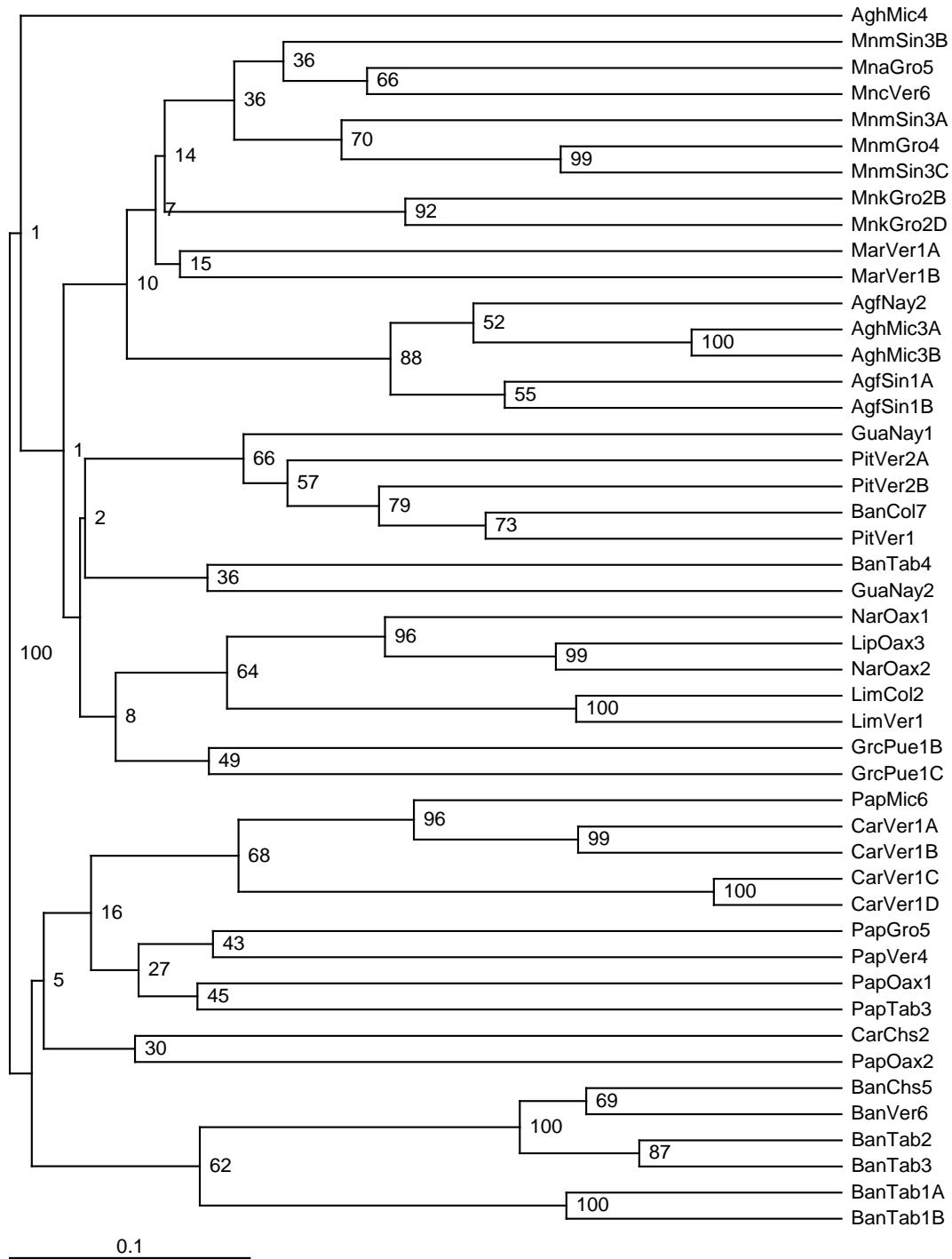


Figura 33. Dendrograma con análisis de agrupamiento UPGMA 1,000 repeticiones Bootstrap a partir de RAPD en cepas de *Colletotrichum* spp aislados de diferentes frutos de diferentes estados de México. Los números de las bifurcaciones representan los valores probabilidades.

### 3.8 Resultados de amplificación ITS

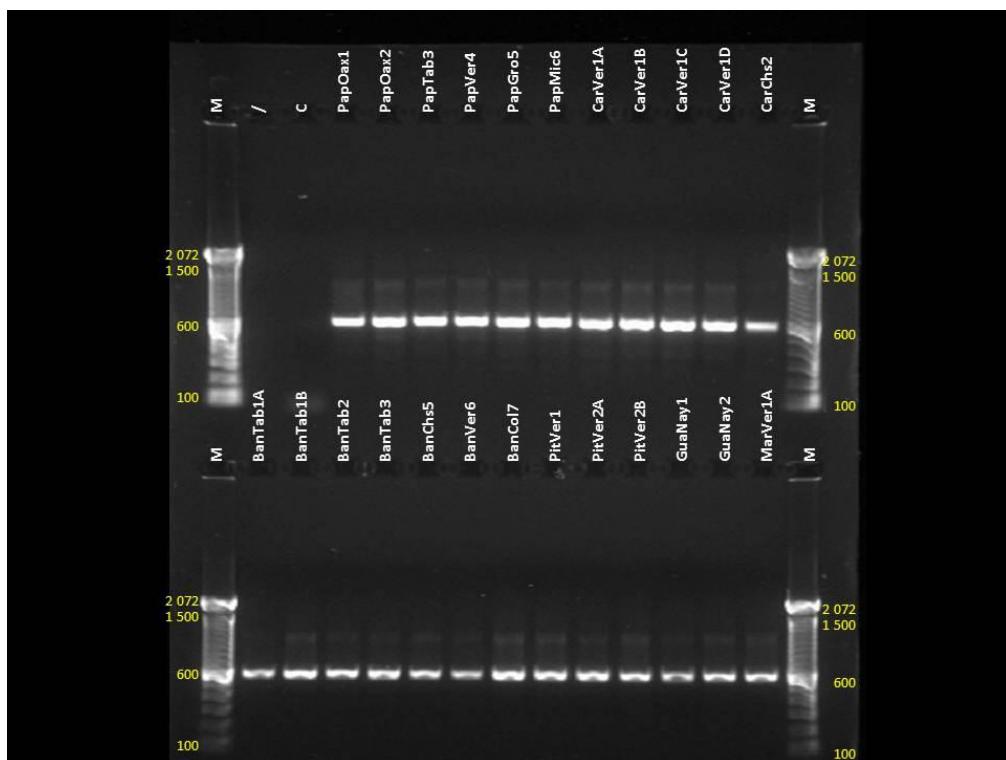


Figura 34. Visualización del producto de la amplificación de ITS de aislados de *Colletotrichum* spp. de papaya de Oaxaca (PapOax1); papaya de Oaxaca (PapOax2); papaya de Tabasco (PapTab3); papaya de Veracruz (PapVer4); papaya de Guerrero (PapGro5); papaya de Michoacán (PapMic6); carambolo de Veracruz (CarVer1A); carambolo de Veracruz (CarVer1B); carambolo de Veracruz (CarVer1C); carambolo de Veracruz (CarVer1D); carambolo de Chiapas (CarChs2); banano de Tabasco (BanTab1A); banano de Tabasco (BanTab1B); banano de Tabasco (BanTab2); banano de Tabasco (BanTab3); banano de Chiapas (BanChs5); banano de Veracruz (BanVer6); banano de Colima (BanCol7); pitahaya de Veracruz (PitVer1); pitahaya de Veracruz (PitVer2A); pitahaya de Veracruz (PitVer2B); guanábana de Nayarit (GuaNay1); guanábana de Nayarit (GuaNay2); maracuyá de Veracruz (MarVer1A) y marcador molecular 100 bp ladder de Invitrogen (M).

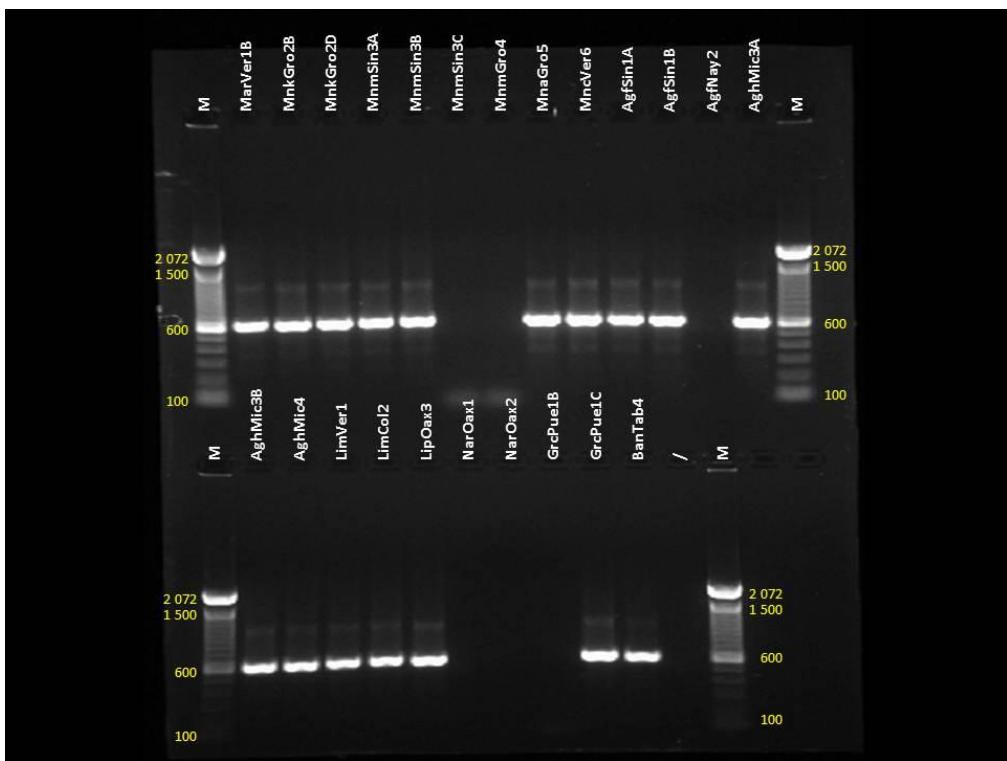


Figura 35. Visualizacion del producto de la amplificacion de ITS de aislados de *Colletotrichum* spp. de maracuyá de Veracruz (MarVer1B); mango kent de Guerrero (MnkGro2B); mango kent de Guerrero (MnkGro2D); mango manila de Sinaloa (MnmSin3A); mango manila de Sinaloa (MnmSin3B); mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); mango ataulfo de Guerrero (MnaGro5); mango corriente de Veracruz (MncVer6); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1A); aguacate fuerte de Sinaloa (AgfSin1B); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); aguacate hass de Michoacán (AghMic3A); aguacate hass de Michoacán (AghMic3B); aguacate hass de Michoacán (AghMic4); limón mexicano de Veracruz (LimVer1); limón mexicano de Colima (LimCol2); limón persa de Oaxaca (LipOax3); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); granada china de Puebla (GrcPue1C); banano de Tabasco (BanTab4) y marcador molecular 100 bp landder de Invitrogen (M).

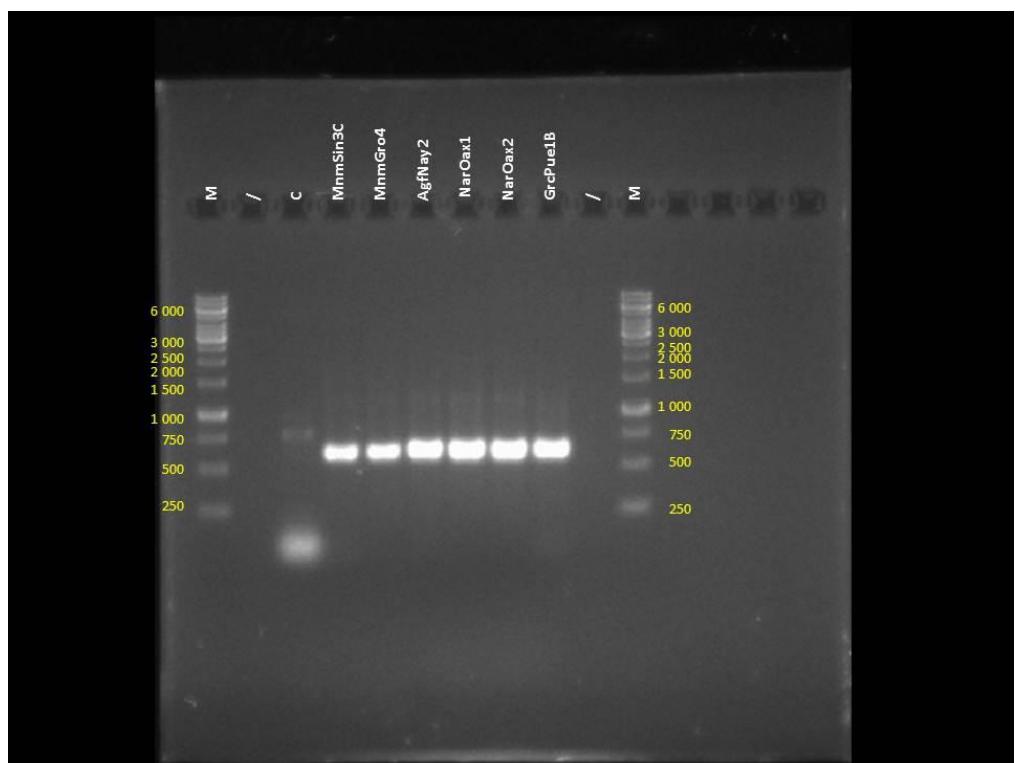


Figura 36. Visualizacion del producto de la amplificacion de ITS de aislados de *Colletotrichum* spp. de mango manila de Sinaloa (MnmSin3C); mango manila de Guerrero (MnmGro4); aguacate fuerte de Nayarit (AgfNay2); naranja de Oaxaca (NarOax1); naranja de Oaxaca (NarOax2); granada china de Puebla (GrcPue1B); y marcador molecular 100 bp landder de Invitrogen (M).

### 3.9 Comparación de las secuencias en el Nacional Center for Biotechnology Information (NCBI)

#### 3.9.1 Aislado de papaya procedente del estado de Oaxaca (PapOax1)

##### 3.9.1.1 Secuencia edita

```
GGGGATTCACCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGGGTTACGGCAAGA  
GTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCGGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCA  
GAGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGG  
CGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTAT  
CGCATTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTT  
TTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCC  
TCCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCGCGAGACCCCGAGAGTCGCGGAGACCCT  
ACCCGCCGAAACAACACTGTAGGTATGTCACAAAGGGGTGTAGAGAGTAAACTC  
TCTAATGAGCCCTCGCTGGTTCTCCCCCGGAGACC
```

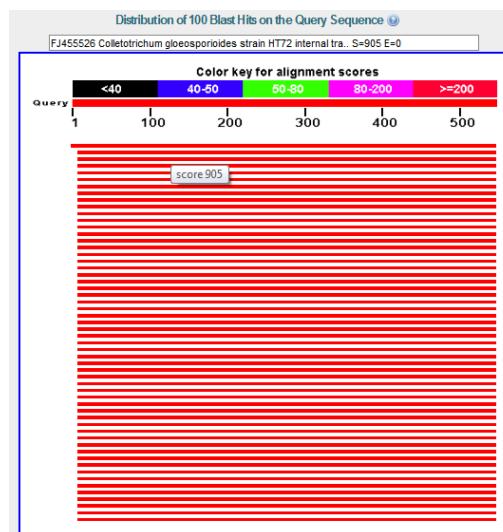


Figura 37. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapOax1.

### 3.9.1.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS FJ455526 585 bp DNA linear PLN 16-DEC-2008

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain HT72 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION FJ455526

VERSION FJ455526.1 GI:217316069

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*  
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tcttggtcca attagaggaa gtaaaagtgc taacaaggtc tccgttggtg aaccagcgga  
61 gggatcatta ctgagttac gctctacaac ccttgtgaa cataacctaca actgttgctt  
121 cggcgggttag ggtctccgcg accctccgg cctccgcct cggggcgggt cggcgcccc  
181 cggaggataa ccaaactctg atttaacgcac gttcttctg agtggtacaa gcaaataatc  
241 aaaacttta acaacggatc tcttggttct ggcattcgatg aagaacgcag cgaaatgcga  
301 taagtaatgt gaattgcaga attcagtgaa tcatcgaatc tttgaacgca cattgcgcc  
361 gccagcattc tggcgggcat gcctgtcga gcgtcatttc aaccctcaag ctctgcttgg  
421 tggtggggcc ctacagccga tgttaggcct caaaggtagt ggcggaccct cccggagcc  
481 ccttgcgtta gtaactttac gtctcgact gggatccgga gggactctg ccgtaaaacc  
541 ccccaatttt ccaaagggtga cctcggatca gtagatcccc acttg

```

Score = 905 bits (490), Expect = 0.0
Identities = 527/545 (97%), Gaps = 1/545 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1   GGGGATTCACTGATCCGGGTACCCCTTGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCC 60
Sbjct 580  GGGGA-CTACTGATCCGGGTACCCCTTGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCC 522
Query 61   CTCCGGATCCCGATGGCAGACGTTAAAGTTACTACCCAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGC 120
Sbjct 521  CTCCGGATCCCGATGGCAGACGTTAAAGTTACTACCCAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGC 462
Query 121  CACTACCTTGGGGCTTACATCGGTCTAGGGCCCCAACACCAACCGAACCTTGAGGGT 180
Sbjct 461  CACTACCTTGGGGCTTACATCGGTCTAGGGCCCCAACACCAACGAGACCTTGAGGGT 402
Query 181  TGAAATGACGGCTCGAACAGGGATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCCAATGTGGCTTCAA 240
Sbjct 401  TGAAATGACGGCTCGAACAGGGATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCCAATGTGGCTTCAA 342
Query 241  AGATTCGATGAAITCACTGAAITCTGAAITTCACAAATTCACTTATCCGATTTCCGTGGCT 300
Sbjct 341  AGATTCGATGAAITCACTGAAITCTGAAITTCACAAATTCACTTATCCGATTTCCGTGGCT 282
Query 301  TCATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGAAATTGTTGTACAC 360
Sbjct 281  TCATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGAAATTGTTGTACAC 222
Query 361  TCAGAGAAAAGCTCGTTAAATCAGAGTTGTTATCCTCCGGCGGCCAACCCGCCCG 420
Sbjct 221  TCAGAGAAAAGCTCGTTAAATCAGAGTTGTTATCCTCCGGCGGCCAACCCGCCCG 162
Query 421  GAGGGCGAGACCCCGAGAGTCGCGGGAGACCTTACCGCCAAACACACTGTAGGTAT 480
Sbjct 161  GAGGGCGAGACCCCGAGAGTCGCGGGAGACCTTACCGCCAAACAGTGTAGGTAT 102
Query 481  GTTCACAAGGGGTGTAGAGGTTAAACTCTCTTAATGAGCCCTCCGTGGTTCTCCCCGG 540
Sbjct 101  GTTCACAAGGGGTGTAGAGGCTAAACTCAGTAATGATCCCTCCGTGGTTCACCAACGG 42
Query 541  AGACC 545
Sbjct 41   AGACC 37

```

Figura 38. Mapa de alineamiento del aislado PapOax1.

### 3.9.2 Aislado de papaya procedente del estado de Oaxaca (PapOax2)

#### 3.9.2.1 Secuencia edita

```
CCTGATCCGAGGTACCTGATAAAATTGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCCTCCGA  
TCCCAGTGCAGGGTGGTATGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCAC  
TGTATTCGGGCCTACGGAAGCCGTAGGGCCCCACCGCCAAGCGGTGCTTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTGCG  
TGC GTT CTT CAT CGAT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AG AC GT CG TT GCA AT AG AG T T TAG GT CC GG CG CG GT  
GGGGCGCGCCGAGAAGGCGGCTCCGGCGCCGGAGCTGGCTCCGGCTGCCGCCG  
AGGCAACGTTGAGGTATGTTACAAAGGGTTATAAGGAGCGGTAACTCGATAATG  
ATCCCTCCGCTGGTTACCCACGGAGACCTGTTACGATTTACTCCAATAAGGGA  
G
```

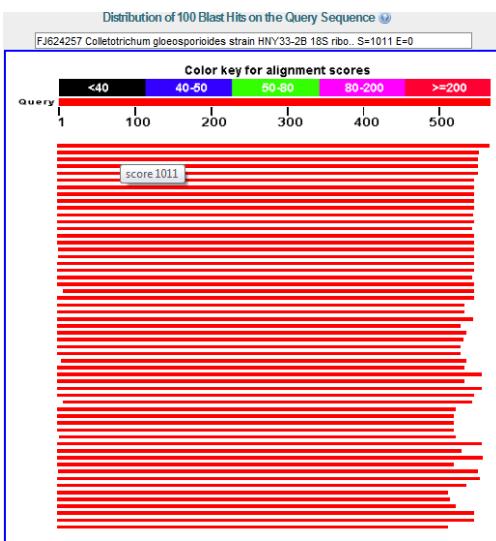


Figura 39. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapOax2.

### 3.9.2.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS FJ624257 573 bp DNA linear PLN 14-FEB-2009

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain HNY33-2B 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION FJ624257

VERSION FJ624257.1 GI:223016901

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 cttgctcccg ttagaggaag taaaagtctt aacaagggtct ccgttgtga accagcggag  
61 ggatcattat cgagttaccg ctccttataa cccttgta acataacctca aacgttgcct  
121 cggcggcag ccggagccca gctccggcgc ccggagccgc ttctcggcg cgccccaccc  
181 gccggcggac cactaaactc tattgcaacg acgtctcttc tgagtggtaac aagcaaataa  
241 tcaaaaacttt taacaacgga tctcttggtt ctggcatcga tgaagaacgc agcggaaatgc  
301 gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tctttgaacg cacattgcgc  
361 ccggcagcat tctgggggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccctca agcaccgctt  
421 ggcttgggg ccctacggct tccgtaggcc ccgaaataca gtggcggacc ctccggagc

481 ctcccttgcg tagtaacata ccacctcgca ctgggatccg gagggactcc tgccgtaaaa

541 ccccccaatt tatcaaggtg acctcggatc agg

Score = 1011 bits (547), Expect = 0.0 Identities = 563/570 (99%), Gaps = 3/570 (1%) Strand=Plus/Minus	
Query 1	CTCTGATCCGAGGTACCCCTGATAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCTCCGGATCC 60
Sbjct 573	CTCTGATCCGAGGTACCCCTGATAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCTCCGGATCC 514
Query 61	CAGTGCAGGGTGGTATGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCGGGAGGGTCCGCCACTGTATT 120
Sbjct 513	CAGTGCAGGGTGGTATGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCGGGAGGGTCCGCCACTGTATT 454
Query 121	CGGGGCCCTACGGAAGCCGTAGGGCCCCCACGCCCAAGCGGTGCTTGAGGGTCAAATGAC 180
Sbjct 453	CGGGGCCCTACGGAAGCCGTAGGG-CCCCCAACCCCAAGCGGTGCTTGAGGGTCAAATGAC 395
Query 181	GCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCCAATGTGCGTTCAAAGATTGAT 240
Sbjct 394	GCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGTGCGGCCAATGTGCGTTCAAAGATTGAT 335
Query 241	GAATTCACTGAATTCTGCAATTCAACATTACTTATGCAATTGGCTGGTTCCTCATCGATG 300
Sbjct 334	GAATTCACTGAATTCTGCAATTCAACATTACTTATGCAATTGGCTGGTTCCTCATCGATG 275
Query 301	CCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGTACCAACTCAGAACAG 360
Sbjct 274	CCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGTACCAACTCAGAACAG 215
Query 361	ACGTGTTGCAATTAGAGTTAGTGGTCCGGCGGGTGGGGCGCCCGAGAACGGCGCT 420
Sbjct 214	ACGTGTTGCAATTAGAGTTAGTGGTCCGGCGGGTGGGGCGCCCGAGAACGGCGCT 155
Query 421	CCGGGCCGCCGAGCTGGCTCCGGCTGCCGCCAGGGCAACGGTTGAGGTATGTTACAA 480
Sbjct 154	CCGGGCCGCCGAGCTGGCTCCGGCTGCCGCCAGGGCAACGGTTGAGGTATGTTACAA 95
Query 481	AGGGTTATAAGGAGCGGTAACTCGATAATGATCCCTCCCTGGTACCCACGGAGACCT 540
Sbjct 94	AGGGTTATAAGGAGCGGTAACTCGATAATGATCCCTCCCTGGTACCCACGGAGACCT 35
Query 541	TGTTACGA-TTTACTTCCAATTA-GGGAG 568
Sbjct 34	TGTTACGA-TTTACTTCCAATTAACGGGAG 5

Figura 40. Mapa de alineamiento del aislado PapOax2.

### 3.9.3 Aislado de Aislado de papaya procedente del estado de Tabasco (PapTab3)

#### 3.9.3.1 Secuencia edita

```
CGGGGATTCACCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGA  
GTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGGTGGTATGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTGTATTCGGGGCCTACGGAAGCCGTAGGGCCCCAACGCCAACG  
GGTGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGG  
GCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTT  
ATCGCATTGCGCTCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAG  
TTTGATTATTGCTTGTGCCACTCAGAACAGACGTCGTTAAATAGAGTTGGTGGT  
CCGCCGGCGGTGGGGCGCGCCGAGACGGCGCTCCGGCGACGGAGCTAGGCTCC  
GGCTGCCCGCCGAGGCAACGTTGGGTATGTTCACAAAGGGTTATAAGGAGCGGT  
AACTCGATAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGCTTT
```

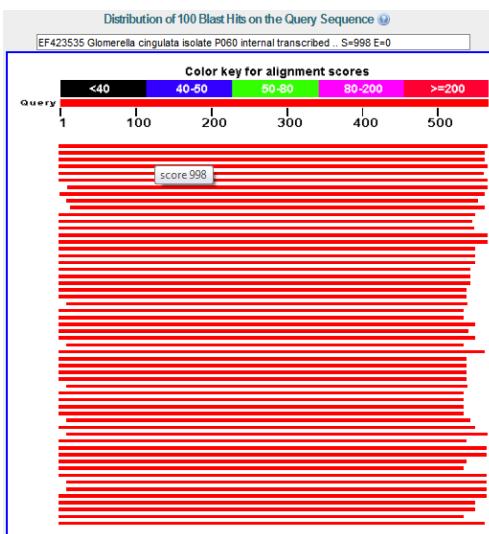


Figura 41. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapTab3.

#### 3.9.3.2 Datos de la secuencia de alineacion

LOCUS EF423535 604 bp DNA linear PLN 30-MAR-2007

DEFINITION Glomerella cingulata isolate P060 internal transcribed spacer 1,

partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION EF423535

VERSION EF423535.1 GI:126131224

KEYWORDS .

SOURCE Glomerella cingulata

ORGANISM *Glomerella cingulata*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tggatgtaaa agtcgtaaca aggtctccgt tggtgaacca gcggagggat cattatcgag  
61 ttaccgcgcc ttataaccct ttgtgaacat accccaaacg ttgcctcgcc gggcagccgg  
121 agcctagetc cgtcgcccg agccgcccgtc tcggcgcgcc ccacccgccc gcggaccacc  
181 aaactctatt taaacgacgt ctcttctgag tggcacaagg aaataatcaa aactttaac  
241 aacggatctc ttggttctgg catcgatgaa gaacgcagcg aaatgcgata agtaatgtga  
301 attgcagaat tcagtgaatc atcgaatctt tgaacgcaca ttgcgccccgc cagcattctg  
361 gccccatgc ctgtcgagc gtcattcaa ccctaagca ccgcttggcg ttggggccct  
421 acggcttccg taggccccga aatacagtgg cggaccctcc cggagcctcc ttgcgttagt  
481 aacataaccac ctgcactgg gatccggagg gactcctgcc gtaaaacccc ccaatttcc  
541 aaagggttgac ctggatcag gtaggaatac ccgctgaact taagcatatc aataagcgga  
601 ggaa

```

Score = 998 bits (540), Expect = 0.0
Identities = 559/567 (99%), Gaps = 5/567 (1%)
Strands=Plus/Minus

Query 1 CGGGGATTC-ACCTGATCCGAGGTC-ACCTTGGAAAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGA 57
Sbjct 573 CGGGTATTCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGA 514

Query 58 GTCCCTCGGATCCCAGTCGGAGGTGTATGTTACTACCAAGGGAGCTCCGGAGGGT 117
Sbjct 513 GTCCCTCGGATCCCAGTCGGAGGTGTATGTTACTACCAAGGGAGCTCCGGAGGGT 454

Query 118 CGGCCACTGTATTICGGGCCCTACGAAAGCCGTAGGCCCCAAAGGCCAACGGGTGCTTG 177
Sbjct 453 CGGCCACTGTATTICGGGCCCTACGAAAGCCGTAGGCCCCAAAGGCCAACGGGTGCTTG 395

Query 178 AGGGTTGAATGACGCTCGAACAGGCAATGCCGCCAAGAATGCTGGCGGGCGCAATGTGCG 237
Sbjct 394 AGGGTTGAATGACGCTCGAACAGGCAATGCCGCCAAGAATGCTGGCGGGCGCAATGTGCG 335

Query 238 TTCAAAGATTGATGAAITCACTGAATCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGC 297
Sbjct 334 TTCAAAGATTGATGAAITCACTGAATCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGC 275

Query 298 GTTCTTCATCGATGCCGAAACCAAGGATCGTGTCTAAAGTTTGATTATTTCCTGT 357
Sbjct 274 GTTCTTCATCGATGCCGAAACCAAGGATCGTGTCTAAAGTTTGATTATTTCCTGT 215

Query 358 GCCACTCAGAGAGACGTCGTAAATAGAGTTTGTTGGTGTCCGCCGGGGTGGGGCG 417
Sbjct 214 GCCACTCAGAGAGACGTCGTAAATAGAGTTTGTTGGTGTCCGCCGGGGTGGGGCG 185

Query 418 CGGAGACGGGGCTCCGGCGACGGAGCTAGCTCCGGCTGCCGCCAGGGCAACGTTTG 477
Sbjct 154 CGGAGACGGGGCTCCGGCGACGGAGCTAGCTCCGGCTGCCGCCAGGGCAACGTTTG 95

Query 478 GGGTATGTTACAAAGGGTTATAAGGACCGTAACTCGATAATGATCCCTCGCTGGTTC 537
Sbjct 94 GGGTATGTTACAAAGGGTTATAAGGACCGTAACTCGATAATGATCCCTCGCTGGTTC 35

Query 538 ACCAACGGAGACCTTGTTACG-CTTTT 563
Sbjct 34 ACCAACGGAGACCTTGTTACGACTTT 8

```

Figura 42. Mapa de alineamiento del aislado PapTab3.

### 3.9.4 Aislado de papaya procedente del estado de Veracruz (PapVer4)

#### 3.9.4.1 Secuencia edita

```
CCTGATCCGAGGTACCTGATAAAATTGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCCTCCGA  
TCCCAGTGCAGGGTGGTATGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCAC  
TGTATTCGGGCCTACCGAACGCCGTAGGGCCCCAACGCCAAGCGGTGCTGAGGG  
TTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGCG  
TTCAGAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTGCT  
GCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGATTATTG  
CTTGTACCACTCAGAAGAGACGTCGTTGCAATAGAGTTAGTGGTCCGCCGGCGGT  
GGGGCGCGCCGAGAACGGCGCTCCGGCGCCGGAGCTGGCTCCGGCTGCCGCCG  
AGGCAACGTTGAGGTATGTCACAAAGGGTTATAAGGAGCGGTAACTCGATAATG  
ATCCCTCCGCTGGTACCAACGGAGACCTGATACGACTTTACTTCC
```

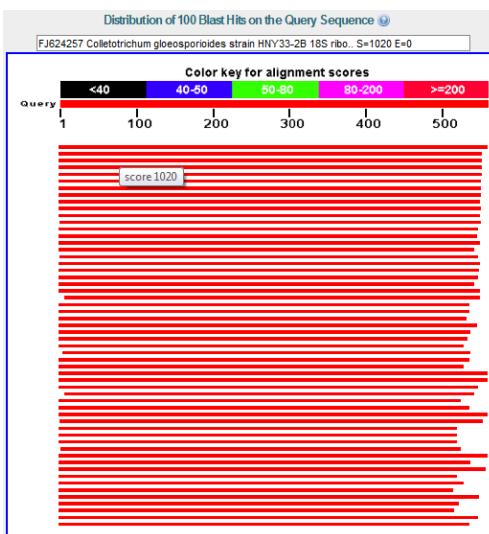


Figura 43. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapVer4.

#### 3.9.4.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS FJ624257 573 bp DNA linear PLN 14-FEB-2009

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain HNY33-2B 18S ribosomal RNA

gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION FJ624257

VERSION FJ624257.1 GI:223016901

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 cttgctcccg ttagaggaag taaaagtctt aacaaggctt ccgttgta accagcggag  
61 ggatcattat cgagttaccg ctccattataa cccttgta acatacctca aacgttgct  
121 cggcggcag ccggagcca gctccggcgc ccggagccgc ttctcggcg cgccccaccc  
181 gccggcggac cactaaactc tattgcaacg acgtctcttc tgagtggta aagcaaataa  
241 tcaaaacttt taacaacgga tctcttgtt ctggcatcga tgaagaacgc agcggaaatgc  
301 gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tcttgaacg cacattgcgc  
361 ccggcagcat tctggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccctca agcaccgc  
421 ggctttgggg ccctacggct tccgtaggcc ccgaaataca gtggcggacc ctccggagc  
481 ctccattgcg tagtaacata ccacctcgca ctggatccg gagggactcc tgccgtaaaa  
541 cccccaatt tatcaagggtg acctcggtc agg

```

Score = 990 bits (536), Expect = 0.0
Identitites = 541/543 (99%), Gaps = 1/543 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1 CTTGATATAATTGGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCTCCGGATCCAGTCGGAGGTGTAT 60
Sbjct 557 CTTGATATAATTGGGGGGTTTACGGCAGGAGTCCTCCGGATCCAGTCGGAGGTGTAT 498
Query 61 GTTACTACGCCAACGGAGGCCTCCGGAGGGTCCGCACACTGTATTTCGGGGCTACGGAAAC 120
Sbjct 497 GTTACTACGCCAACGGAGGCCTCCGGAGGGTCCGCACACTGTATTTCGGGGCTACGGAAAC 438
Query 121 OCTAGGGCCCCAACGCCAACGGGTCTTGGGCTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCC 180
Sbjct 437 CGTAGGGCCCCAACGCCAACGGGTCTTGGGCTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCC 378
Query 181 CGCCAGAAATGCTGGCGGGCCCAAATGCTGGCTTCAAGAATTCGAATATTCACTGAAATTCTGC 240
Sbjct 377 CGCCAGAAATGCTGGCGGGCCCAAATGCTGGCTTCAAGAATTCGAATATTCACTGAAATTCTGC 318
Query 241 AATTACAACTACTTAACTGCAATTTCCTGGGTCTTCATCGATGCCAACCAAGAGATCC 300
Sbjct 317 AATTACAACTACTTAACTGCAATTTCCTGGGTCTTCATCGATGCCAACCAAGAGATCC 258
Query 301 GTTGTAAAAGTTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAAGAGACGTCTTGCATAGAG 360
Sbjct 257 GTTGTAAAAGTTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAAGAGACGTCTTGCATAGAG 198
Query 361 TTAACTGGTCGCCGGCGGGTGCGGGCCGGCCAGAACGGCGGGCTCCGGGGCGGGAGCTGG 420
Sbjct 197 TTAACTGGTCGCCGGCGGGTGCGGGCCGGCCAGAACGGCGGGCTCCGGGGCGGGAGCTGG 138
Query 421 GCTCCGGCTTGTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG 480
Sbjct 137 GCTCCGGCTTGTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG 78
Query 481 TAATCGATAATGATCCCTCGCTGGTACCAACGGAGACCTTGATACGACTTTTACT 540
Sbjct 77 TAATCGATAATGATCCCTCGCTGGTACCAACGGAGACCTTGATACGACTTTTACT 19
Query 541 TCC 543
Sbjct 18 TCC 16

```

Figura 44. Mapa de alineamiento del aislado PapVer4.

### 3.9.5 Aislado de papaya procedente del estado de Guerrero (PapGro5)

#### 3.9.5.1 Secuencia edita

```
TGGATCTCCTGATCCGAGGTACCTTGAAATTGGGGGTTTCGGCAAGAGTCCCTCC  
GGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGC  
CACTACCTTGAGGGCCTACGTCAGCGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAAGCTTG  
AGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCAATG  
TGC GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTTATCGCATT  
CGCTGC GTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGATTA  
TTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGGC  
GGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCTGCCCG  
CCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTAA  
TGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGCTTTTTCTCCA
```

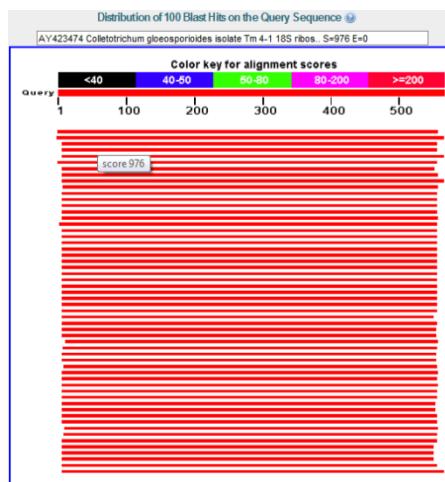


Figura 45. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapGro5.

#### 3.9.5.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY423474 567 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate Tm 4-1 18S ribosomal RNA

gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY423474

VERSION AY423474.1 GI:37732209

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tggaagtaaa aaagtctgaa caaggctcc gttggtaac cagcggaggg atcattactg  
61 agtttacgct ctacaaccct ttgtgaacat acctataact gttgcttcgg cgggcagggt  
121 ctccgtgacc ctcccggect cccgcccccg ggcgggtcgg cgcccgccgg aggataacca  
181 aactctgatt taacgacggt tcttctgagt ggtacaagca aataatcaa acttttaaca  
241 acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtgaa  
301 ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat tgcgcccggc agcattctgg  
361 cgggcattcc tgttcgagcg tcattcaac cctcaagctc tgcttgggt tggggcccta  
421 cagctgatgt aggcctcaa aggttagtgcc ggaccctccc ggagcctcct ttgcgtagta  
481 actttacgtc tcgcactggg atccggaggg actcttgccg taaaaccccc aattttccaa  
541 aggttgacct cggatcagga gaatcca

```

Score = 976 bits (528), Expect = 0.0
Identities = 556/568 (98%), Gaps = 7/568 (1%)
Strands=Plus/Minus

Query 1    TGGATCTCTGAICCGAGGT-ACCTTGG--AATGGGGTTT-CGGCAAGRGTC 54
Sbjct 567  TGGATCTCTGAICCGAGGTAACTTGGAAAATGGGGTTTACGGCAAGRGTC 508
Query 55   TCCGGATCCCAGTGGAGACGTAAGTTACTACGCCAAGGGGCTCCGGAGGGTCCGC 114
Sbjct 507  TCCGGATCCCAGTGGAGACGTAAGTTACTACGCCAAGGGGCTCCGGAGGGTCCGC 448
Query 115  ACTACCTTGAGGGCTTACGTCAGCGTGAAGGGCCCCAACACCAAACGAGAACGTTGGGT 174
Sbjct 447  ACTACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAACGAG-ACTTGAGGGT 389
Query 175  TGAAATGACGCTCGAACAGGCAITGCCGCGAACATGCTGGGGGGCGCAATGTC 234
Sbjct 388  TGAAATGACGCTCGAACAGGCAITGCCGCGAACATGCTGGGGGGCGCAATGTC 329
Query 235  AGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACTATTCTGCAATTCTGCGTTCT 294
Sbjct 328  AGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACTATTCTGCAATTCTGCGTTCT 269
Query 295  TCATCGATGCCAGAACGAGATCGTGTAAAGTTGATAATTGCTGTACAC 354
Sbjct 268  TCATCGATGCCAGAACGAGATCGTGTAAAGTTGATAATTGCTGTACAC 209
Query 355  TCAGAAAGAAACGTGTTAAATCAGAGTTTGGTATCTCTCCGGCGGGCGGACCCGGCG 414
Sbjct 201  TCAGAAAGAAACGTGTTAAATCAGAGTTTGGTATCTCTCCGGCGGGCGGACCCGGCG 149
Query 415  GGCGCGGGAGGCCGGAGGGTCAGGGAGACCTGCCGGCGAGCACAGTTATGGTAT 474
Sbjct 148  GGCGCGGGAGGCCGGAGGGTCAGGGAGACCTGCCGGCGAGCACAGTTATGGTAT 89
Query 475  GTTACAAAGGGTTGTAGACGCTAAACTCAGTAAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGG 534
Sbjct 88   GTTACAAAGGGTTGTAGACGCTAAACTCAGTAAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGG 29
Query 535  AGACCTTGTACGCTtttttttCTICCA 562
Sbjct 28   AGACCTTGTACGACTTTTACTICCA 1

```

Figura 46. Mapa de alineamiento del aislado PapGro5.

### 3.9.6 Aislado de papaya procedente del estado de PapMic6

#### 3.9.6.1 Secuencia edita

```
GATTCACCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCC  
TCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTC  
CGCCACTACCTTGAGGCCATCACAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTT  
GAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAAT  
GTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATT  
TCGCTCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGATT  
ATTGCTGTACCCTCAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGG  
CGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCCTACCC  
GCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTA  
ATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACTTCC
```

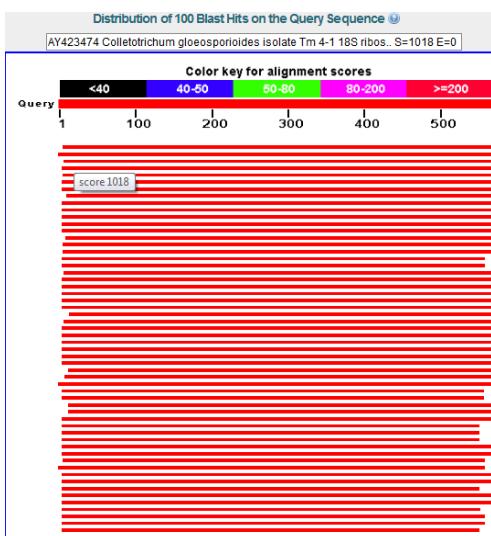


Figura 47. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PapMic6.

#### 3.9.6.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY423474 567 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate Tm 4-1 18S ribosomal RNA

gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY423474

VERSION AY423474.1 GI:37732209

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tggaagtaaa aaagtctgaa caaggctcc gttggtaac cagcggaggg atcattactg  
61 agtttacgct ctacaaccct ttgtgaacat acctataact gttgcttcgg cgggcagggt  
121 ctccgtgacc ctcccggect cccgcccccg ggcgggtcgg cgcccgccgg aggataacca  
181 aactctgatt taacgacggt tcttctgagt ggtacaagca aataatcaa acttttaaca  
241 acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtgaa  
301 ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat tgcgcccggc agcattctgg  
361 cgggcattcc tgttcgagcg tcattcaac cctcaagctc tgcttgggt tggggcccta  
421 cagctgatgt aggcctcaa aggttagtgcc ggaccctccc ggagcctcct ttgcgtagta  
481 actttacgtc tcgcactggg atccggaggg actcttgccg taaaaccccc aattttccaa  
541 aggttgacct cggatcagga gaatcca

```

Score = 1018 bits (551), Expect = 0.0
Identities = 560/564 (99%), Gaps = 1/564 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1   GATTCACCTGAACTGGAGGTG-ACCTTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCRAAGAGTCCCTC  59
Sbjct 565  GATTCCTCGAATCCGAGGTCAACCTTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCRAAGAGTCCCTC  506
Query 60  CGGATCCCAGTGCAGACGTAAGTITACTACGCAAAGGGGCTCCGGGAGGGTCCGCCAC  119
Sbjct 505  CGGAICCCAGTGCAGACGTAAGTITACTACGCAAAGGGGCTCCGGGAGGGTCCGCCAC  446
Query 120 TACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAAGCAGAACCTTGAGGGTTGA  179
Sbjct 445  TACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAAGCAGAACCTTGAGGGTTGA  386
Query 180 AATGAGGTGAGACGGCATGGCCCGCAGAAATCTGGCGGGCGCAAATGTGGTCAAGA  239
Sbjct 385  AATGAGGTGAGACGGCATGGCCCGCAGAAATCTGGCGGGCGCAAATGTGGTCAAGA  326
Query 240 TTCAATGATTCACITGAATCTIGCAATTACATTACTTAACTGCAATTCTGCGTTC  299
Sbjct 325  TTCAATGATTCACITGAATCTIGCAATTACATTACTTAACTGCAATTCTGCGTTC  266
Query 300 TCGATGCCAGAACCAAGAGATCGTTTAAGGTTTGAATTATTCCTGTACCACTCA  359
Sbjct 265  TCGATGCCAGAACCAAGAGATCGTTTAAGGTTTGAATTATTCCTGTACCACTCA  206
Query 360 GAGAAACGTCATAATCAGAGTTGGTTAACTCTCCGGCGCGCGAACCCGGCGGG  419
Sbjct 205  GAGAAACGTCATAATCAGAGTTGGTTAACTCTCCGGCGCGCGAACCCGGCGGG  146
Query 420 GCGGGAGGCCGGAGGGTACGGAGACCTAACCCGGAGAGAACAGTTATGGTATTT  479
Sbjct 145  GCGGGAGGCCGGAGGGTACGGAGACCTAACCCGGAGAGAACAGTTATGGTATTT  86
Query 480 CACAAGGGTGTAGAGCTAAACTCTAGTAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGGAGA  539
Sbjct 85   CACAAGGGTGTAGAGCTAAACTCTAGTAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGGAGA  26
Query 540 CCTTGTACGAtttttttACTTCC  563
Sbjct 25   CCTTGTACGACCTTTTACTTCC  2

```

Figura 48. Mapa de alineamiento del aislado PapOax2 PapMic6.

### 3.9.7 Aislado de carambolo procedente del estado de Veracruz (CarVer1A)

#### 3.9.7.1 Secuencia edita

```
TTCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTC  
CCTCCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGAGGG  
TCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGAGGGCCCCAACACCAAGCAGAG  
CTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGC  
AATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGC  
ATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTG  
ATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCC  
GGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCTAC  
CCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAG  
TAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC
```

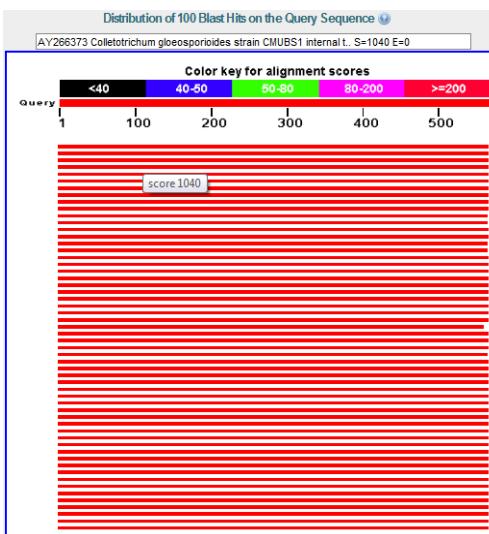


Figura 49. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado CarVer1A.

#### 3.9.7.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266373 599 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain CMUBS1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266373

VERSION AY266373.1 GI:31789236

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggtatc attactgagt  
61 ttacgctcta caaccctttg tgaacataacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgtgaccctc ccggcctccc gcccccgggc gggtcggcgc ccgcccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggtaa acaagcaaat aatcaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggtttgg gcccctacag  
421 ctgatgttagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctccggaa gcctcccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactggatc cgagggact ctggccgtaa aacccccaat tttccaaag  
541 gttgacactcg gatcaggtag gaatacccgca tgaacttaag catatcaata agcggagga

```

Score = 1040 bits (563), Expect = 0.0
Identities = 563/563 (100%), Gaps = 0/563 (0%)
Strands=Plus/Minus

Query 1    TTCTTACCTGATCCAGGTCAACCTTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCT 60
Sbjct 563  TTCTTACCTGATCCAGGTCAACCTTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCT 504
Query 61   CCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAGTTACTACCSAAAGGAGGCTCCGGGGAGGTCGCCA 120
Sbjct 503  CCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAGTTACTACCGCAAGGGCTCCGGGGAGGTCGCCA 444
Query 121  CTACCTTGTAGGGCTTACATCACTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGACGCTTGAGGGT 180
Sbjct 443  CTACCTTGTAGGGCTTACATCACTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGACGCTTGAGGGT 384
Query 181   AAATGAGCGTGCAGAGCATGCCGCCAGAATGCTGGGGGGGGCAATGTGGTCAAG 240
Sbjct 383  AAATGAGCGTGCAGAGCATGCCGCCAGAATGCTGGGGGGGGCAATGTGGTCAAG 324
Query 241   ATTCGAIAITCACTGAATTCGCAATTCACTTACATTCGATTTCTGCGCTGCTTC 300
Sbjct 323  ATTCGAIAITCACTGAATTCGCAATTCACTTACATTCGATTTCTGCGCTGCTTC 264
Query 301   ATCGATCCAGAACCAAGAGATCCGGTTGTTAAAGTTTGTATTATTTGCTGTTACACTC 360
Sbjct 263  ATCGATCCAGAACCAAGAGATCCGGTTGTTAAAGTTTGTATTATTTGCTGTTACACTC 204
Query 361   AGAGAAAAGTCCTAAATCAGAGTTGGTTATCCCTCCGGGGGGGGGACCCGGGGGG 420
Sbjct 203  AGAGAAAAGTCCTAAATCAGAGTTGGTTATCCCTCCGGGGGGGGGACCCGGGGGG 144
Query 421   GGCGGGAGGCCGGGGGGTACCGGAGACCTACCCGCCAAGCACAGTTATAGGTATGT 480
Sbjct 143  GGCGGGAGGCCGGGGGGTACCGGAGACCTACCCGCCAAGCACAGTTATAGGTATGT 84
Query 481   TCACAAAAGGGTGTAGAGCGTAACCTAGTAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGGAG 540
Sbjct 83   TCACAAAAGGGTGTAGAGCGTAACCTAGTAATGATCCCTCCGCTGGTACCAACGGAG 24
Query 541   ACCTTGTATACTTACTTCC 563
Sbjct 23   ACCTTGTATACTTACTTCC 1

```

Figura 50. Mapa de alineamiento del aislado CarVer1A.

### 3.9.8 Aislado de carambolo procedente del estado de Veracruz (CarVer1C)

#### 3.9.8.1 Secuencia edita

```
ACCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTTCGC  
TGC GTT CTT CAT CGAT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AA AC GT CG TT AA AT CAG AG TT GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC GACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCTACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTC
```

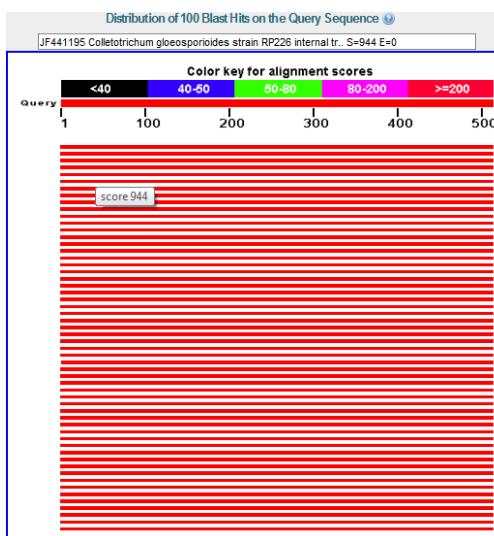


Figura 51. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado CarVer1C.

### 3.9.8.2 Secuencia edita

LOCUS JF441195 567 bp DNA linear PLN 14-SEP-2011

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain RP226 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION JF441195

VERSION JF441195.1 GI:345843194

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 tcgtaacaag gtctccgttg gtgaaccagc ggagggatca ttactgagtt tacgcttat  
61 aacccttgtt gaacataacct ataactgttg cttcgccggg tagggtctcc gtgaccctcc  
121 cggcctcccg cccccgggag ggtcgccgcc cgccggagga taaccaaact ctgatttaac  
181 gacgttctt ctgagtggta caagcaaata atcaaaactt ttaacaacgg atctcttgg  
241 tctggcatcg atgaagaacg cagcgaaatg cgataagtaa tgtgaattgc agaattcagt  
301 gaatcatcga atcttgaac gcacattgcg cccgccagca ttctggccggg catgcctgtt  
361 cgagcgtcat ttcaaccctc aagctctgtc tggtgtggg gccctacagc tgatgttaggc  
421 cctcaaaggat agtggcggac cctccggag cctccttgc gtagtaactt tacgtctcgc  
481 actggatcc ggagggactc ttgccgtaaa acccccaatt ttccaaaggat tgacctcgga

## 541 tcaggttagga atacccgctg aacttaa

```
Score = 944 bits (511), Expect = 0.0
Identities = 514/515 (99%), Gaps = 1/515 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1  ACCTGATCCGAGGTC-ACCTTGGAAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT  59
Sbjct 546  ACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT  487
Query 60  CCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAAGGCTCCGGAGGGTCCCACTACCT  119
Sbjct 486  CCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAAGGCTCCGGAGGGTCCCACTACCT  427
Query 120  TTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA  179
Sbjct 426  TTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA  367
Query 180  CGCTCGAACAGCAATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCCAATGTGCGTTCAAAGATTGCA  239
Sbjct 366  CGCTCGAACAGCAATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCCAATGTGCGTTCAAAGATTGCA  307
Query 240  TGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTAACATTACTATGCAATTGCGTGCCTTCATCGAT  299
Sbjct 306  TGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTAACATTACTATGCAATTGCGTGCCTTCATCGAT  247
Query 300  GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTATTGCTTGACCACTCAGAAAGA  359
Sbjct 246  GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTATTGCTTGACCACTCAGAAAGA  187
Query 360  AACGTCGTTAAATCAGAGTTGGITATCTCCGGGGCGGCCGACCCGCCGGGGCGGG  419
Sbjct 186  AACGTCGTTAAATCAGAGTTGGITATCTCCGGGGCGGCCGACCCGCCGGGGCGGG  127
Query 420  AGCCCCGGAGGGTCAAGAGACCTACCCGCCAACCAACACTTATAGTTATTCACAA  479
Sbjct 126  AGCCCCGGAGGGTCAAGAGACCTACCCGCCAACCAACACTTATAGTTATTCACAA  67
Query 480  AGGGTTATAAGACGTAAACTCAGTAATGATCCCTC  514
Sbjct 66   AGGGTTATAAGACGTAAACTCAGTAATGATCCCTC  32
```

Figura 52. Mapa de alineamiento del aislado CarVer1C.

### 3.9.9 Aislado de carambolo procedente del estado de Chiapas (CarChs2)

#### 3.9.9.1 Secuencia edita

TGGTATTCTCCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAG  
TCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAG  
GGTCCGCCACTACCTTGAGGGCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCC  
ACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTC  
AGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACTTCC  
A

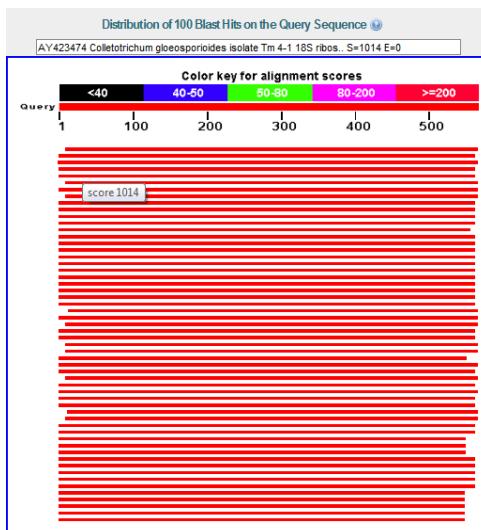


Figura 53. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado CarChs2.

### 3.9.9.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY423474 567 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate Tm 4-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY423474

VERSION AY423474.1 GI:37732209

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM [\*Colletotrichum gloeosporioides\*](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tggaagtaaa aaagtctaa caaggtctcc gttggtaac cagcggagg atcattactg  
61 agtttacgct ctacaaccct ttgtgaacat acctataact gttgcttcgg cgggcagggt  
121 ctccgtgacc ctcccgccct cccgcccccg ggcgggtcgg cgcccgccgg aggataacca  
181 aactctgatt taacgacgtt tcttctgagt ggtacaagca aataatcaa acttttaaca  
241 acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtgaa  
301 ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat tgcgcccgcc agcattctgg  
361 cgggcatgcc tggcgagcgt tcattcaac cctcaagctc tgcttggtgt tggggcccta  
421 cagctgatgt agggcctcaa aggttagtgcc ggaccctccc ggagcctcct ttgcgtagta

481 acttacgtc tcgcactggg atccggaggg actcttgccg taaaacccc aatttccaa

541 aggttacctt cgatcaggaaatccca

```
Score = 1014 bits (549),  Expect = 0.0
Identities = 564/570 (99%), Gaps = 5/570 (1%)
Strand=Plus/Minus

Query  1  TGGTATTCCTGATCCGAGTC-ACCTTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTC  59
|||||||TGGTATTCCTGATCCGAGTC-ACCTTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTC 510
Sbjct  567  TGG-ATTCTCCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATT-GGGGGTTTACGGCAAGAGTC
Query  60  CCTCCCGATCCAGTCCGAGAGCTAAAGTTACAGCAGAAAGGGGCTCCGGAGGGTCCG 119
|||||||CCTCCCGATCCAGTCCGAGAGCTAAAGTTACAGCAGAAAGGGGCTCCGGAGGGTCCG
Sbjct  509  CCTCCCGATCCAGTCCGAGAGCTAAAGTTACAGCAGAAAGGGGCTCCGGAGGGTCCG 450
Query  120 CCACATACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG 179
|||||||CCACATACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG
Sbjct  449  CCACATACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG 390
Query  180 TTGAAATGAGGCTGACAGGCATGCCGGCCAGAATCTGCCGGGCCAAATGTGCCCTCA 239
|||||||TTGAAATGAGGCTGACAGGCATGCCGGCCAGAATCTGCCGGGCCAAATGTGCCCTCA
Sbjct  389  TTGAAATGAGGCTGACAGGCATGCCGGCCAGAATCTGCCGGGCCAAATGTGCCCTCA 330
Query  240 AAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTAATCTATCGCATTTGCTGGTTC 299
|||||||AAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTAATCTATCGCATTTGCTGGTTC
Sbjct  329  AAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTAATCTATCGCATTTGCTGGTTC 270
Query  300 TTATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTAAAGTTGATTATTCGTTGACCA 359
|||||||TTATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTAAAGTTGATTATTCGTTGACCA
Sbjct  269  TTATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTAAAGTTGATTATTCGTTGACCA 210
Query  360 CTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGITATCTCCGGCGGGCGCACCCGCC 419
|||||||CTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGITATCTCCGGCGGGCGCACCCGCC
Sbjct  209 CTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGITATCTCCGGCGGGCGCACCCGCC 150
Query  420 GGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCTAACCCGCCCGAACCAAAGTATAAGTA 479
|||||||GGGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCTAACCCGCCCGAACCAAAGTATAAGTA
Sbjct  149 GGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCTAACCCGCCCGAACCAAAGTATAAGTA 90
Query  480 TGTTCAACAAGGGTTGAGACGTTAAACTCGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACG 539
|||||||TGTTCAACAAGGGTTGAGACGTTAAACTCGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACG
Sbjct  89  TGTTCAACAAGGGTTGAGACGTTAAACTCGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACG 30
Query  540 GAGACCTTGTACCA-TTTTTTACTTCCA 568
|||||||GAGACCTTGTACCA-TTTTTTACTTCCA
Sbjct  29  GAGACCTTGTACGACTTTTACTTCCA 1
```

Figura 54. Mapa de alineamiento del aislado CarChs2.

### 3.9.10 Aislado de banano procedente del estado de Tabasco (BanTab1A)

#### 3.9.10.1 Secuencia edita

```
GGGTATTACTCCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGA  
GTCCCTCGGATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCA  
GAGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGG  
CGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTAT  
CGCATTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTT  
TTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCC  
TCCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCAGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCC  
TACCCGCCGAAGCAACAGTTATAGGTATGTCACAAAGGGTTATAGACGTAAACT  
CAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTAAATTTTT
```

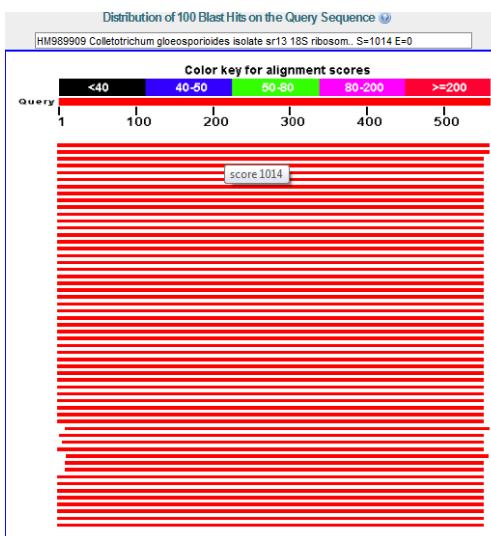


Figura 55. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado BanTab1A.

### 3.9.10.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM989909 579 bp DNA linear PLN 17-AUG-2010

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate sr13 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA gene, complete sequence.

ACCESSION HM989909

VERSION HM989909.1 GI:302651850

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM [\*Colletotrichum gloeosporioides\*](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 aaaaaatgt acaaggctc cgttgtgaa ccagcgagg gatcattact gagttacgc  
61 tctataaccc ttgtgaaca tacctataac tggcttcg gcggtaggg tctccgcac  
121 cctccggcc tccgcctcc gggcggtcg gcccgcg gaggataacc aaactctgat  
181 ttaacgacgt ttctctgag tggtacaagc aaataatcaa aactttaac aacggatctc  
241 ttggctctgg catcgatgaa gaacgcagcg aaatgcgata agtaatgtga attgcagaat  
301 tcagtgaatc atcgaatctt tgaacgcaca ttgcgcgc cagcattctg gcggcatgc  
361 ctgttcgagc gtcattcaa ccctaagct ctgcttggtg ttggccct acagctgatg  
421 taggcctca aaggtagtgg cggaccctcc cggagcctcc ttgcgttagt aactttacgt  
481 ctgcactgg gatccggagg gactctgcc gtaaaacccc ccaatttcc aaaggttgac

541 ctcggatcag gtaggaatac ccgctgaact taagcatat

```
Score = 1014 bits (549),  Expect = 0.0
Identities = 558/562 (99%),  Gaps = 2/562 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1   GGGTATTACT-CCTGAICCGAGGTC-ACCTTTGGAAAAAATGGGGGGTTTACGGCAAGAG  58
Sbjct 562  GGGTATTCTTACCTGATCCGAGGTAAACCTTTGGAAAAAATGGGGGGTTTACGGCAAGAG  503
Query 59  TCCCTCGGATCCCCGTGCGAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCGGGAGGGTC  118
Sbjct 502  TCCCTCGGATCCCCGTGCGAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCGGGAGGGTC  443
Query 119 CGCCCACTACCTTTGAGGGCCTAACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAG 178
Sbjct 442 CGCCCACTACCTTTGAGGGCCTAACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAG 383
Query 179 CGTGAATGAACTCGAACGCGATCCCCCGAACAGAATGCTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG 238
Sbjct 382 CGTGAATGACCGCTCGAACGCGATCCCCCGAACAGAATGCTGGGGGGGGGGGGGGGGGG 323
Query 239 CAAAGATTCGATGATTCACTGAATCTGCAATTACATTAATCTATCGCAATTCTGCCTGGGT 298
Sbjct 322 CAAAGATTCGATGATTCACTGAATCTGCAATTACATTAATCTATCGCAATTCTGCCTGGGT 263
Query 299 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCGTGTAAAGTTTGTAAATTTGCTTGAC 358
Sbjct 262 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCGTGTAAAGTTTGTAAATTTGCTTGAC 203
Query 359 CACTCAGAAAGRAACCTCGTTAAATCAGAGTTGGTTACCTCCGGGGGGGGGGGGGGGG 418
Sbjct 202 CACTCAGAAAGRAACCTCGTTAAATCAGAGTTGGTTACCTCCGGGGGGGGGGGGGGGG 143
Query 419 CCGGAGCGGGAGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG 478
Sbjct 142 CCGGAGCGGGAGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG 83
Query 479 TAGGTACAAAGGGTATAGACGCTTAACTCGTAATGATCCCCTCGCTGGTTACCAA 538
Sbjct 82 TAGGTACAAAGGGTATAGACGCTTAACTCGTAATGATCCCCTCGCTGGTTACCAA 23
Query 539 CGGAGACCTTGTTAAATTTTT 560
Sbjct 22 CGGAGACCTTGTTAAATTTTT 1
```

Figura 56. Mapa de alineamiento del aislado BanTab1A.

### 3.9.11 Aislado de banano procedente del estado de Tabasco (BanTab1B)

#### 3.9.11.1 Secuencia edita

```
ATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTC  
CCTCCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGAGGG  
TCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAG  
CTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGC  
AATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGC  
ATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTG  
ATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCC  
GGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCAGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCCTAC  
CCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAG  
TAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACTTCC
```

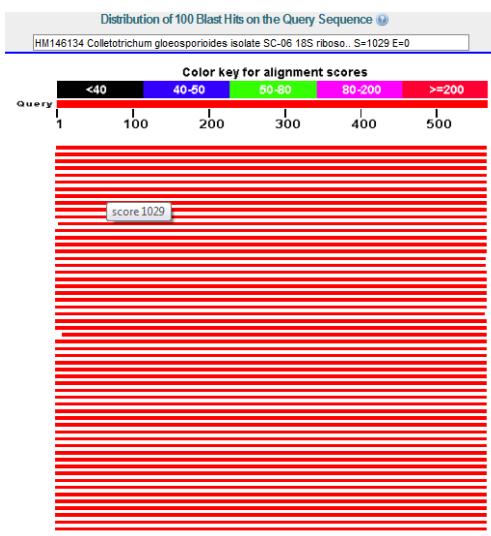


Figura 57. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado BanTab1B.

#### 3.9.11.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM146134 600 bp DNA linear PLN 20-JUN-2010

**DEFINITION** *Colletotrichum gloeosporioides* isolate SC-06 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

**ACCESSION** HM146134

**VERSION** HM146134.1 GI:298353210

**KEYWORDS** .

**SOURCE** *Colletotrichum gloeosporioides*

**ORGANISM** [\*Colletotrichum gloeosporioides\*](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tggaagtaaa agtcgtaca aaggctccgt tggtaacca gcggagggat cattactgag  
61 tttagctct ataacccttt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg ggttagggct  
121 ccgcgaccct cccggctcc cgccctccggg cgggtcggcg cccgcggag gataaccaa  
181 ctctgattta acgacgttc ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaaaac ttttaacaac  
241 ggatctctg gttctggcat cgatgaagaa cgcagcgaaa tgcgataagt aatgtgaatt  
301 gcagaattca gtgaatcatc gaatcttga acgcacattg cgccgcag cattctggcg  
361 ggcatgcctg ttcgagcgtc attcaaccc tcaagctctg cttgggttg gggccctaca  
421 gctgatgttag gccctcaaag gtagtggcgg accctccgg agcctcctt gcttagtaac  
481 tttagtctc gcactggat ccggagggac tcttgcgtt aaacccccca atttccaaa  
541 ggttgacctc ggatcaggta ggaatacccg ctgaactaa gcatatcaat aagcggagga

Score = 1023 bits (557),	Expect = 0.0	
Identities = 562/564 (99%),	Gaps = 1/564 (0%)	
Strand=Plus/Minus		
Query 1	ATT-CTACCTGATCCGGAGGTCAACCCTTGGAAAAATTGGGGGGTTTACGCCAAGAGTCCC	59
Sbjct 565	TCTCCATACCGTGGAGGTCAACCCTTGGAAAAATTGGGGGGTTTACGCCAAGAGTCCC	506
Query 60	TCCGGATCCTAACCTGGAGGTCAACCCTTGGAAAAATTGGGGGGTTTACGCCAAGAGTCCC	119
Sbjct 505	TCCGGATCCTAACGTGGAGGTAAAGTTACTACCCAAAGGGGGCTCCGGAGGGTCCGCC	446
Query 120	ACTACCTTTGGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCACAGCTTGGGGT	179
Sbjct 445	ACTACCTTTGGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCACAGCTTGGGGT	386
Query 180	GAATAGGCGCTGACACAGGCACTGGCCGCGAGATGCTGGGGGGGGCAATGTGGTCAA	239
Sbjct 385	GAATAGGCGCTGACACAGGCACTGGCCGCGAGATGCTGGGGGGGGCAATGTGGTCAA	326
Query 240	GATTCGATGATTCACTGAATTCGAACTACCATTAATTCGATTTCTGCCTGGTTCT	295
Sbjct 325	GATTCGATGATTCACTGAATTCGAACTACCATTAATTCGATTTCTGCCTGGTTCT	266
Query 300	CATCGATGCCGAAAACCAAGATCTGGTTATGAAATTGTGTTGATTTGCTGTGATTACCT	300
Sbjct 265	CATCGATGCCGAAAACCAAGATCTGGTTGATTTGCTGTGATTACCT	206
Query 360	CAGAAAGAACCGTCGTTAAACAGAGTTGGTTATCTCCGGGGCGCCGACCCGGCGCG	419
Sbjct 205	CAGAAAGAACCGTCGTTAAACAGAGTTGGTTATCTCCGGGGCGCCGACCCGGCGCG	146
Query 420	AGCGGGGAGGGCGGGAGGGTCCGGCGAGAACCTACCCGGCGGAAGAACACAGTTATGGTATG	479
Sbjct 145	AGCGGGGAGGGCGGGAGGGTCCGGCGAGAACCTACCCGGCGGAAGAACACAGTTATGGTATG	86
Query 480	TTCACAAAGGGTATAGCGCTTAAACTCTAGTAAATGATCCCTCGCTGGTICACCAACGGA	535
Sbjct 85	TTCACAAAGGGTATAGCGCTTAAACTCTAGTAAATGATCCCTCGCTGGTICACCAACGGA	26
Query 540	GACCTTACGATGATTCTTACCTTCC	563
Sbjct 25	GACCTTACGATGACTTACCTTCC	2

Figura 58. Mapa de alineamiento del aislado BanTab1B.

### 3.9.12 Aislado de banano procedente del estado de Tabasco (BanTab2)

#### 3.9.12.1 Secuencia edita

```
CCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCTGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTTCGC  
TGC GTT CTT CAT CGAT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AA AC GT CGT TAA AT CAG AG TT GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC GACCCGCCGGGGCGGGGGCCGGGAGGGTCACGGGACCCTACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTGCAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTTGT
```

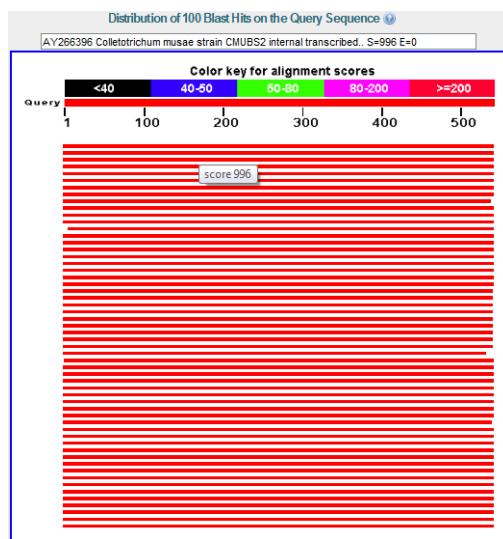


Figura 59. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado BanTab2.

#### 3.9.12.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266396 599 bp DNA linear PLN 16-JUN-2003

DEFINITION *Colletotrichum musae* strain CMUBS2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266396

VERSION AY266396.1 GI:31789259

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum musae*

ORGANISM [\*Colletotrichum musae\*](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
mitosporic Glomerellaceae; *Colletotrichum*.

1 ggaagtaaaa gtcgtaccaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctctg caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtccc  
121 cgtgaccctc ccggcccccc gccccgggc gggtcgccgc ccgccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggt acaagcaaat aatcaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttggaa cgcacattgc gcccggcage attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttggtgttgg ggccctacag  
421 cagatgttagg ccctcaaagg tagtggcgg ccctccggc gcctcccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactggatc cggagggact cttgcccgtaa aacccccaat tttccaaag  
541 gttgacctcg gatcaggtag gaataccgc tgaacttaag catatcaata agcggagga

```

Score = 996 bits (539), Expect = 0.0
Identities = 542/543 (99%), Gaps = 1/543 (0%)
Strand=Plus/-Minus
Query 1 CCTGATCCGAGGTC-ACCTTTGGAAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT 59
Sbjct 557 CCTGATCCGAGGTCACCTTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT 498
Query 60 CCCAGTGCGAGACGTAAGGTACTACGCCAAAGGGAGCTCCGGAGGGTCCGCCACTACCT 119
Sbjct 497 CCCAGTGCGAGCCTAAGGTACTACGCCAAAGGGAGCTCCGGAGGGTCCGCCACTACCT 438
Query 120 TTGAGGGCCTACATCTGCTGTAGGGCCCCAACACCCAGCAGACCTTGAGGGTTGAATGA 179
Sbjct 437 TTGAGGGCCTACATCTGCTGTAGGGCCCCAACACCCAGCAGACCTTGAGGGTTGAATGA 378
Query 180 CGCTCGAACAGCATGCCCGCAAGATGCTGCGGGCGCAATGTGGCTTAAAGATTCGA 239
Sbjct 377 CGCTCGAACAGCATGCCCGCAAGATGCTGCGGGCGCAATGTGGCTTAAAGATTCGA 318
Query 240 TGAITCACTGAATTCTGCAATTCAACATTCTATGCCATTGGCTGGTCTTCATCGAT 299
Sbjct 317 TGAITCACTGAATTCTGCAATTCAACATTCTATGCCATTGGCTGGTCTTCATCGAT 258
Query 300 GGCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGTAAATTTGCTTGTACCACTCAGAGA 359
Sbjct 257 GGCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGTAAATTTGCTTGTACCACTCAGAGA 198
Query 360 AACCTCGTTAAATCAGACCTTGGTTATCCCGCGCGCGCCACCGCGCGCGCGCGCGCG 419
Sbjct 197 AACCTCGTTAAATCAGACCTTGGTTATCCCGCGCGCGCCACCGCGCGCGCGCGCG 138
Query 420 gggCCGGAGGGTCAGGGGACCCCTACCCCGCGAAACGAAACAGTTAGGTATGTTCAACA 479
Sbjct 137 GGCGCGGGAGGGTCAGGGGACCCCTACCCCGCGAAACGAAACAGTTAGGTATGTTCAACA 78
Query 480 AGGGTTGCGAGCCTAAAACTCAAGTTATGATCCCTCGGCTGGTTACCAACGGAGACCTTG 539
Sbjct 77 AGGGTTGCGAGCCTAAAACTCAAGTTATGATCCCTCGGCTGGTTACCAACGGAGACCTTG 18
Query 540 TTA 542
Sbjct 17 TTA 15

```

Figura 60. Mapa de alineamiento del aislado BanTab2.

### 3.9.13 Aislado de banano procedente del estado de Tabasco (BanTab4)

#### 3.9.13.1 Secuencia edita

```
GGGATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGA  
GTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCTGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTCAAATCAGAGTTGGTTATCC  
TCCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGGGCCGGAGGGTCACGGGACCC  
TACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTGCAGAGCGTAAACT  
CAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGATTGTTACTTCC
```

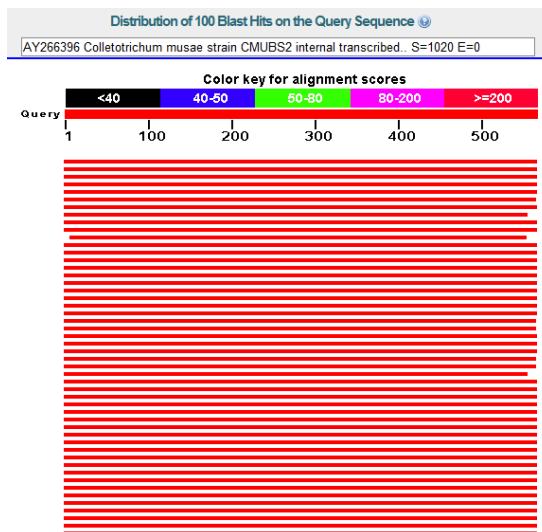


Figura 61. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado BanTab4.

#### 3.9.13.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266396 599 bp DNA linear PLN 16-JUN-2003

DEFINITION *Colletotrichum musae* strain CMUBS2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266396

VERSION AY266396.1 GI:31789259

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum musae*

ORGANISM *Colletotrichum musae*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
mitosporic Glomerellaceae; *Colletotrichum*.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctctg caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggccc  
121 cgtgaccctc ccggcccccc gcccccgggc gggtcggcgc ccgccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggc acaagcaaat aatcaaact ttacaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggtgtgg ggcctacag  
421 cagatgttagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctccggc gcctccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactggatc cgagggact ctggccgtaa aacccccaat tttccaaag  
541 gttgacactcg gatcaggtag gaatacccg tgaacttaag catatcaata agcggagga

Score = 1020 bits (552),	Expect = 0.0	
Identities = 563/568 (99%),	Gaps = 2/568 (0%)	
Strand=Plus/Minus		
Query 1	GGG-AAT-CTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATGGGGGGTTTACGGCAGAG	58
Sbjct 563	GGGGTATTCCTACCTGCGGAGGCTAACCTTGGAAAATGGGGGGTTTACGGCAGAG	509
Query 59	TCCCCCTCGGAATCCCAGTCGAGGAGCTAAAGTGTACCCAAAGGAGCTCCGGAGGGTC	118
Sbjct 508	TCCCCCTCGGAATCCCAGTCGAGGAGCTAAAGTGTACCCAAAGGAGCTCCGGAGGGTC	449
Query 119	CGGCCACTACCTTGGAGGCCCTAACCTCGCTTGGGGCCAAACACCAAGCAGAGCTTGG	178
Sbjct 448	CGCCRACTACCTTGGAGGCCCTAACCTCGCTTGGGGCCAAACACCAAGCAGAGCTTGG	389
Query 179	GGTTGAAATGAGCGTCGAAAGCGGCATGGCCGCCAAGATGCTGGCGGCCAATGTCGGT	238
Sbjct 388	GGTTGAAATGAGCGTCGAAAGCGGCATGGCCGCCAAGATGCTGGCGGCCAATGTCGGT	329
Query 239	CAAGATTCGATGATTCAGTAACTGCAATTCACTTACCTTACCTGATTCGCGT	298
Sbjct 328	CAAGATTCGATGATTCAGTAACTGCAATTCACTTACCTTACCTGATTCGCGT	269
Query 299	TCTTCATCGATGCCGACAAAGAGATCGCTGGTTAAAGTITTTGATAATTTCGTCGAT	58
Sbjct 268	TCTTCATCGATGCCGACAAAGAGATCGCTGGTTAAAGTITTTGATAATTTCGTCGAT	209
Query 359	CACTCAGAGAACCTGCTCAAATCAGATTTGCTTATCTCGCGCGGGCGCCGACCCCG	418
Sbjct 208	CACTCAGAGAACCTGCTTAAATCAGATTTGCTTATCTCGCGCGGGCGCCGACCCCG	149
Query 419	CGGG	478
Sbjct 148	CGGG	89
Query 479	TATCTGAGAAGGGCTTGGGGGGCTTAACTGAGTATGCTCGCTGGGGGGGGGGGGGG	538
Sbjct 88	TATCTGAGAAGGGCTTGGGGGGCTTAACTGAGTATGCTCGCTGGGGGGGGGGGGGG	29
Query 539	CGGGAGCATTTGTTACGATTTGTTACCTTC	566
Sbjct 28	CGGGAGCATTTGTTACGATTTGTTACCTTC	1

Figura 62. Mapa de alineamiento del aislado BanTab4.

### 3.9.14 Aislado de banano procedente del estado de Tabasco (BanCol7)

#### 3.9.14.1 Secuencia edita

```
ACCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGAGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTGCG  
TGC GTT CTT CAT CGAT GCC AGA ACCA AGA GAG ATCC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AGA AA AC GT CGT TAA AT CAG AG TT GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC GACCCGCCGGAGGCAGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCCTACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTTGT
```

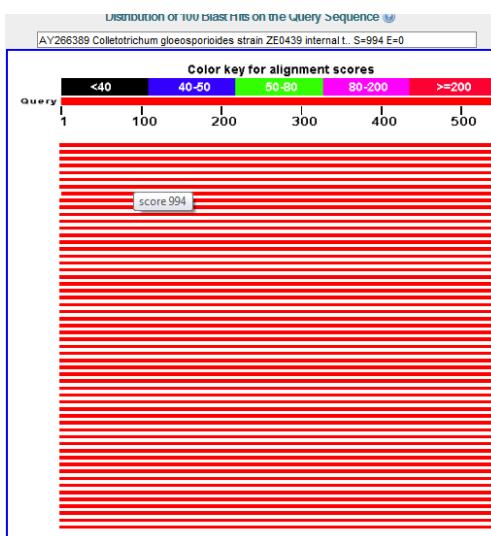


Figura 63. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado BanCol7.

#### 3.9.14.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389

598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaccaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacataacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgccccgggataaccac  
181 tctgattaa cgacgttct tctgagtggc acaagcaaat aatcaaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttggaa cgcacattgc gcccgccagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttggtgttgg ggccctacag  
421 ctgatgttagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgga gcctccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggact cttgccgtaa aaccccaat ttccaagg  
541 ttgacacctgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

	Score = 994 bits (538), Expect = 0.0 Identities = 541/542 (99%), Gaps = 1/542 (0%) Strand=Plus/Minus	
Query 1	ACCTGATCCGGAGTC-ACCTTGGAAAATTGGGGGTITTAACGCCAAGAGTCCTCCGGAT	59
Sbjct 557	ACCTGATCCGGAGTC-ACCTTGGAAAATTGGGGGTITTAACGCCAAGAGTCCTCCGGAT	498
Query 60	CCAGCTGGAGGAGCTAAAGTTACTACGCCAACAGGGCTCCAGAGGGTCCGCCACTACCT	498
Sbjct 497	CCAGCTGGAGGAGCTAAAGTTACTACGCCAACAGGGCTCCAGAGGGTCCGCCACTACCT	438
Query 120	TTCAGGGCTCATACAGCTGTAGGGCCCAACACCAAAGCAGGGCTTGAGGGTTGAATGA	179
Sbjct 437	TTCAGGGCTCATACAGCTGTAGGGCCCAACACCAAAGCAGGGCTTGAGGGTTGAATGA	378
Query 180	CGCTCGAACAGGCATGGCCCCCAAGATACTGGCTGGCCGCCAATGCGCTCAAAAGATTCG	239
Sbjct 377	CGCTCGAACAGGCATGGCCCCCAAGATACTGGCTGGCCGCCAATGCGCTCAAAAGATTCG	318
Query 240	TGATTCTCGATTAATCGCAATTCACTTACCTTACCTGCAATTCTCTTCATCGAT	299
Sbjct 317	TGATTCTCGATTAATCGCAATTCACTTACCTTACCTGCAATTCTCTTCATCGAT	258
Query 300	GCCAAAGAACAGGAGATCCGTGTTAAAAGTTGTTGATTATTCCTGTACCACTCAGAGAA	359
Sbjct 257	GCCAAAGAACAGGAGATCCGTGTTAAAAGTTGTTGATTATTCCTGTACCACTCAGAGAA	198
Query 360	ARCGTCGTATAATCGAGCTTGGCTTAATCTCGCGCCGGCCCGAACCCCGCGAGCGG	419
Sbjct 197	ARCGTCGTATAATCGAGCTTGGCTTAATCTCGCGCCGGCCCGAACCCCGCGAGCGG	138
Query 420	AGCCCGGGAGGGTCTCGCGAACCTTACCCGGCCGAAGCAACAGTTATAGTGTGTCACAA	479
Sbjct 137	AGCCCGGGAGGGTCTCGCGAACCTTACCCGGCCGAAGCAACAGTTATAGTGTGTCACAA	78
Query 480	AGGGTTGTAGAGCGTAAACTCTAGTAACTCTCGCTGTGTTACGCCAGGAGACCTTG	539
Sbjct 77	AGGGTTGTAGAGCGTAAACTCTAGTAACTCTCGCTGTGTTACGCCAGGAGACCTTG	18
Query 540	TT 541 	
Sbjct 17	TT 16	

Figura 64. Mapa de alineamiento del aislado BanCol7.

### 3.9.15 Aislado de pitahaya procedente del estado de Veracruz (PitVer1)

#### 3.9.15.1 Secuencia edita

```
GGGATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAG  
TCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGAGAG  
GGTCCGCCACTACCTTGAGGGCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCAGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCC  
ACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTC  
AGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGACTTTACTTCC
```

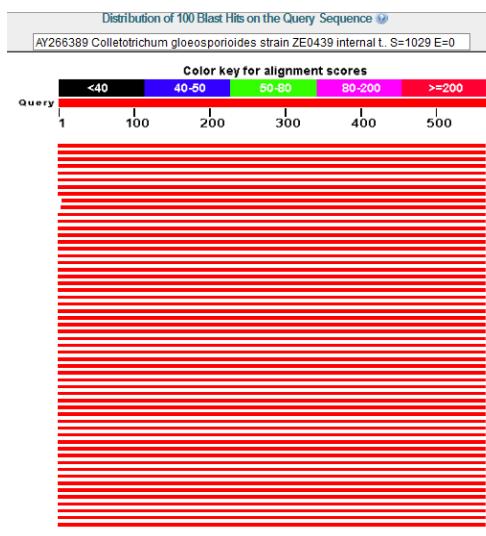


Figura 65. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PitVer1.

#### 3.9.15.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389 598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggtatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgcccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggtaa acaagcaaat aatcaaaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggttgtgg ggcctacag  
421 ctgatgtagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgaa gcctcccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggact ctggccgtaa aaccccaat ttccaaagg  
541 ttgacacctgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

```

Score = 1029 bits (557), Expect = 0.0
Identities = 565/568 (99%), Gaps = 3/568 (1%)
Strand=Plus/Minus
Query 1   GGG-ATT-CTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT 58
Sbjct 567  GGGTATTCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT 508
Query 59   CCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCC 118
Sbjct 507  CCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCC 448
Query 119  GCCACTACCTTGGGGCCTACATCACGCTGTAGGGCCCCAACCCAAGCAGGCCCTGAGG 178
Sbjct 447  GCCACTACCTTGGGGCCTACATCACGCTGTAGGGCCCCAACCCAAGCAGGCCCTGAGG 388
Query 179  GTTGAATGACCGCTCGAACAGCGATGCCGGCCAGAATGCTGGGGGCCAAATGTGGCTTC 238
Sbjct 387  GTTGAATGACCGCTCGAACAGCGATGCCGGCCAGAATGCTGGGGGCCAAATGTGGCTTC 328
Query 239  AAAAGATTCGATGATCTACTGAATTCGCAATTACATTAATGCAATTTCGCTCGGT 298
Sbjct 327  AAAAGATTCGATGATCTACTGAATTCGCAATTACATTAATGCAATTTCGCTCGGT 268
Query 299  CTTCATCGATGCCAGAACCGAAAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGACC 358
Sbjct 267  CTTCATCGATGCCAGAACCGAAAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGACC 208
Query 359  ACTCAGAGAACCGCTTAAATCGAGTTTGCTTATCCCGCGGCCCGACCGCC 418
Sbjct 207  ACTCAGAGAACCGCTTAAATCGAGTTTGCTTATCCCGCGGCCCGACCGCC 148
Query 419  CGGAGCGGGAGGCCGGAGGGTCCCGAGACCTAACCGCCGAAGCAACAGTTATAGGT 478
Sbjct 147  CGGAGCGGGAGGCCGGAGGGTCCCGAGACCTAACCGCCGAAGCAACAGTTATAGGT 88
Query 479  ATGTTACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAGTAATGATCCTCCGCTGGTACCCAC 538
Sbjct 87   ATGTTACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAGTAATGATCCTCCGCTGGTACCCAC 28
Query 539  GGAGACCTTGTACGACTTTTACITCC 566
Sbjct 27   GGAGACCTTGTACGACTTTTACITCC 1

```

Figura 66. Mapa de alineamiento del aislado PitVer1.

### 3.9.16 Aislado de pitahaya procedente del estado de Veracruz (PitVer2A)

#### 3.9.16.1 Secuencia edita

```
ACCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGAGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTTCGC  
TGC GTT CTT CAT CG AT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AA AC GT CG TT AA AT CAG AG TT GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC G ACC CG CC CG GAG GC GGG AGG CC GGG AGG GT CG CG GAG ACC CT ACC CG CC GA  
AG CA AC AG TT AT AG GT AT GT TC AC AA AG GG TT GT AG AG CG TA A ACT CAG TA AT G AT  
CC CT CC CG CT GG TT CA CC AAC GG AG AC CT GT TA AG AT TTT T ACT T CC
```

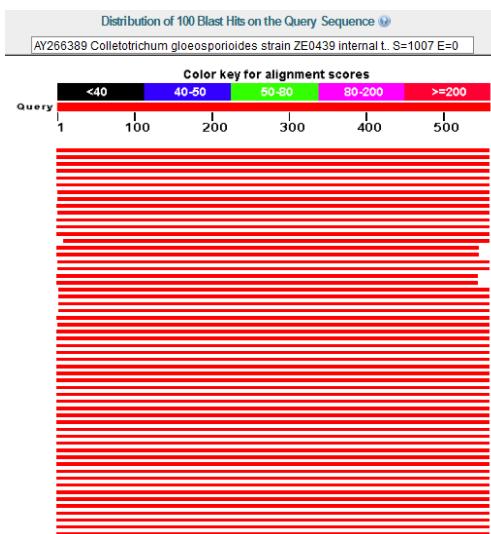


Figura 67. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado PitVer2A.

### 3.9.16.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389 598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggc acaagcaaat aatcaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccgccagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca tttcaaccct caagctctgc ttgggtttgg gcccctacag  
421 ctgatgttgg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgga gcctcccttg cgttagtaact  
481 ttacgtctcg cactggatc cggaggact cttgcccgtaa aaccccaat ttccaaagg

541 ttgacctcgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

```
Score = 1007 bits (545), Expect = 0.0
Identities = 554/558 (99%), Gaps = 2/558 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1  ACCIGATCCGAGGTC-ACCTTGGAAAATGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT  59
Sbjct 557  ACCIGATCCGAGGTCACCTTGGAAAATGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGAT  498
Query 60 CCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCCGCACTACCT  119
Sbjct 497 CCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCCGCACTACCT  438
Query 120 TTGAGGGCCTAACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA  179
Sbjct 437 TTGAGGGCCTAACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA  378
Query 180 CCCTCGAACACCCATGCCCGCCCAATCTCGCCCTCAAAAGATTGCG  239
Sbjct 377 CGCTCGAACAGGCAAGCCCGCAATGCGGGGCCAATGCGTTCAAAGATTGCG  318
Query 240 TGAITTCAGTAATCTCGAACATCACATTACTATCGCATTTGCGTGGTCTTCATCGAT  299
Sbjct 317 TGAITTCAGTAATCTCGAACATCACATTACTATCGCATTTGCGTGGTCTTCATCGAT  258
Query 300 GCGAGAACCAAGAGATCGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGA  359
Sbjct 257 GCGAGAACCAAGAGATCGTTAAAGTTTGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGA  198
Query 360 AACCTCGTTAAATCAGACTTGTATCCCGCGGCCCGACCGCCGGAGGCCGG  419
Sbjct 197 AACCTCGTTAAATCAGACTTGTATCCCGCGGCCCGACCGCCGGAGGCCGG  138
Query 420 AGGCCGGAGGGTCCCGAGACCCCTACCCGCCGAAGCAACAGTTATAGTTATCGAACAA  479
Sbjct 137 AGGCCGGAGGGTCCCGAGACCCCTACCCGCCGAAGCAACAGTTATAGTTATCGAACAA  78
Query 480 AGGGTTGTAAGCGTAAACCTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTACCAAACGGAGCCITG  539
Sbjct 77 AGGGTTGTAAGCGTAAACCTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTACCAAACGGAGCCITG  18
Query 540 TTAAAGATTTTACTTCC  557
Sbjct 17 TTACGACTTTT-ACTTCC  1
```

Figura 68. Mapa de alineamiento del aislado PitVer2A.

### 3.9.17 Aislado de guanábana procedente del estado de Nayarit (GuaNay1)

#### 3.9.17.1 Secuencia edita

```
CGGGGATTCACCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAG  
TCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAG  
GGTCCGCCACTACCTTGAGGGCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCC  
ACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTC  
AGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGCTTTAACTTCC
```

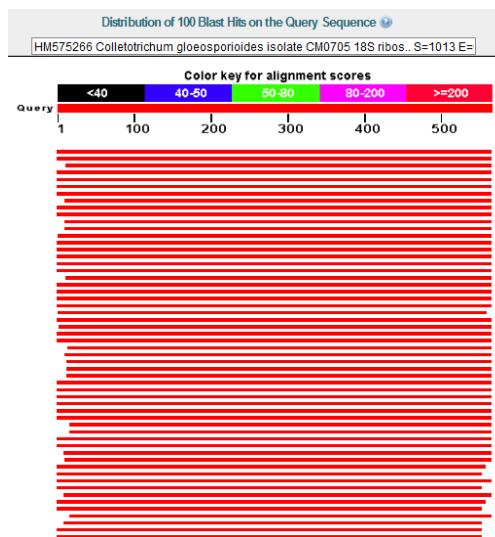


Figura 69. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado GuaNay1.

#### 3.9.17.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM575266 598 bp DNA linear PLN 27-SEP-2010

**DEFINITION** *Colletotrichum gloeosporioides* isolate CM0705 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

**ACCESSION** HM575266

**VERSION** HM575266.1 GI:307603177

**KEYWORDS** .

**SOURCE** *Colletotrichum gloeosporioides*

**ORGANISM** *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

**ORIGIN**

1 ggaagtaaaa gtcgtAACAA ggtctccgtt ggtGAACCAG cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggctc  
121 cgtgaccctc ccggcctccc gccccgggc gggtcggcgc ccggcggagg ataaccaaac  
181 tctgattaa cgacgTTCT tctgagtgg acaagcaaAT aatcaaAact tttaacaacg  
241 gatctctgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaAT gcgataagTA atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccGCCAGC attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggtttgg ggccctacag  
421 ctgatgtagg ccctcaaagg tagtggcgg aCCtccggga gcctccTTG cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactggatc cggagggact cttgccgtaa aaccccaat ttccaaagg  
541 ttgacctcgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

	Score = 1013 bits (548)	Expect = 0.0
Identities	= 563/569 (95%), Gaps = 5/569 (1%)	
Strand=Plus/Minus		
Query 1	CGGGGATT-C-ACCTGTACCCGAGTC-ACCTTGCAGAAATTGGGTTTATGCCAAGAG	57
Sbjct 568	CGGGTAACTCTAACGTAACGGGTTAACCTTGGAAAATTGGGTTTATGCCAAGAG	509
Query 58	TCCCTCCGGATCCCACTGGAGACGCTAAAGTACTACCCAAAGGAGCTCCGGAGGGC	117
Sbjct 508	TCCCTCCGGATCCCACTGGAGACGCTAAAGTACTACCCAAAGGAGCTCCGGAGGGC	449
Query 118	CCCGACTACCTTTGAGGCCATACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAGCAGACCTGG	177
Sbjct 448	CCCGACTACCTTTGAGGCCATACATCAGCTGTAGGGCCCAAACACCAAGCAGACCTGG	389
Query 178	GGTGAAATGAGCTGCAAGCAGCATGCCCGCAAGATCTGGCCGCAATGTGGCT	237
Sbjct 388	GGTGAAATGAGCTGCAAGCAGCATGCCCGCAAGATCTGGCCGCAATGTGGCT	329
Query 238	CAAAGATTCGATGATTCAGTGAATCTGCATCACATTACTATGCCAATTGGCTGGCT	297
Sbjct 328	CAAAGATTCGATGATTCAGTGAATCTGCATCACATTACTATGCCAATTGGCTGGCT	269
Query 298	TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGGTTGTTAAAGTTGATTATTTGGTGTAC	357
Sbjct 268	TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGGTTGTTAAAGTTGATTATTTGGTGTAC	209
Query 358	CACTCGAGAAACGCTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCTCGGCCGGGGCCGACCCCC	417
Sbjct 208	CACTCGAGAAACGCTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCTCGGCCGGGGCCGACCCCC	149
Query 418	CCGGGGCCGGAGGCCGGGGAGGGTCACCGGAGACCCCTACCCCGGAGCAACAGTTTATAGG	477
Sbjct 148	CCGGGGCCGGAGGCCGGGGAGGGTCACCGGAGACCCCTACCCCGGAGCAACAGTTTATAGG	89
Query 478	TATGTCACAAAAGGGTTGAGCGCTAAACTGATAATGATCTCCGCTGGTTACCAA	537
Sbjct 88	TATGTCACAAAAGGGTTGAGCGCTAAACTGATAATGATCTCCGCTGGTTACCAA	29
Query 538	CGGGACCTTGTTCAGC-CTTTAACCTTC	565
Sbjct 28	CGGGACCTTGTTCAGCATTTC-CITTC	1

Figura 70. Mapa de alineamiento del aislado GuaNay1.

### 3.9.18 Aislado de guanábana procedente del estado de Nayarit GuaNay2

#### 3.9.18.1 Secuencia edita

```
CGGGCATTCTCCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGGTTTACGGCAGGA  
GTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGGTGGTATGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTGTATTCGGGGCCTACGGAAGCCGTAGGGCCCCAACGCCAAGCG  
GTGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGG  
CGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTAT  
CGCATTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTT  
TTGATTATTGCTGTGCCACTCAGAAGAGACGTCGTTAAATAGAGTTGGTGGTC  
CGCCGGCGGGTGGGCGCGCCGAGACGGCGGCTCCGGCGACGGAGCTAGGCTCCG  
GCTGCCGCCGAGGCAACGTTGGGTATGTTACAAAGGGTTATAAGGAGCGGTA  
ACTCGATAATGATCCCTCCGCTGGTCACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACT  
TC
```

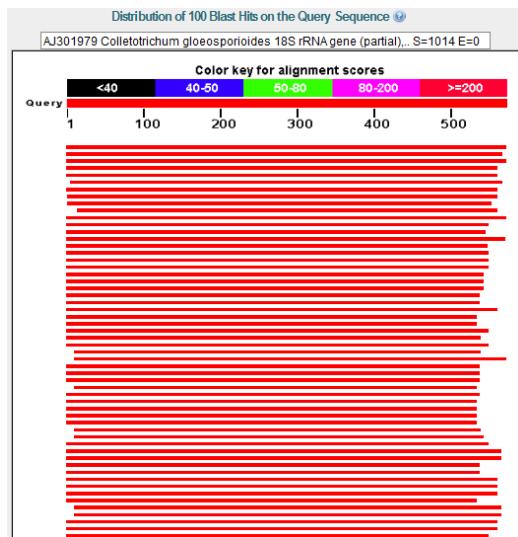


Figura 71. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado GuaNay2.

### 3.9.18.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AJ301979 1489 bp DNA linear PLN 30-OCT-2002

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 71367.

ACCESSION AJ301979

VERSION AJ301979.1 GI:17426680

KEYWORDS 18S ribosomal RNA; 18S rRNA gene; 28S ribosomal RNA; 28S rRNA gene;

5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.

SOURCE *Glomerella cingulata*

ORGANISM [Glomerella cingulata](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggtctgtat gcccttagat gttctggcc gcacgcgcgt tacactgaca gagccagcga  
61 gtactccctt ggccggaagg tccggtaat ctgttaaac tctgtcgatc tggggataga  
121 gcattgcaat tattgtctt caacgaggaa tccctagtaa gcgcaagtca tcagcttgcg  
181 ttgattacgt ccctgccctt tgtacacacc gcccgtcgct actaccgatt gaatggctca  
241 gtgaggctt cgactggct cagagaggtg ggcaactacc actcagagcc ggaaagttat  
301 ccaaactcggtt tcatttagag gaagtaaaaag tcgtaacaag gtctccgttg gtgaaccagc  
361 ggaggatca ttatcgagtt accgctcctt ataacccttt gtgaacatac cccaaacgtt

421 gcctcggcgg gcagccggag cccagctcg tcgcccggag ccgcgcgttc ggcgcgc  
481 acccgccggc ggaccaccaa actctattta aacgacgtct cttctgatgt gcacaagcaa  
541 ataatcaaaa cttaacaa cgatctttt gttctggca tcgatgaaga acgcagcgaa  
601 atgcgataag taatgtaat tgcagaattc agtgaatcat cgaatttt aacgcacatt  
661 ggcggccca gcattctggc gggcatgcct gttcgagcgt cattcaacc ctcaaggcacc  
721 gcttggcggtt gggccctac ggcttccgta ggccccgaaa tacagtggcg gaccctcccg  
781 gagcctcattt tgcgttagaa cataccacct cgcactggg tccggaggga ctccgtccgt  
841 aaaacccccc aatttccaa agttgaccc cgatcaggta aggaataccc gctgaactta  
901 agcatatcaa taagcggagg aaaagaaacc aacaggattt gcctcagtaa cggcgagtga  
961 agcgccaaca gctaaatattt gaaatctggc ccccccggc cgagttgtaa ttgcagagg  
1021 atgctttgg cgccgtgcct tccgagttcc ctggAACGGG acgccataga gggtgagagc  
1081 cccgtacgg tggacaccaa gcctgtgtaa agctcctcg acgagtcgag tagttggga  
1141 atgctgtca aaatggagg tatatttctt ctaaagctaa ataccggcca gagaccgata  
1201 gcgcacaagt agagtgtatcg aaagatgaaa agcacttga aaagagggtt aaacagcacc  
1261 tgaaattgtt aaaagggaaag cgcttgtac cagacttgcg cccggtaat cacccagctc  
1321 tcgcggctgg ggcacttgc cggctcaggc cagcatcagc tcgcccgtgg ggacaaaagc  
1381 ttccggaaacg tagctctttt cggggagtgt tatagcccg tgcacaatac cttccggcgg  
1441 gctgaggtac gcgcgtccca aggatgtgg cgtaatggc atcagcgac

```

Score = 1014 bits (549), Expect = 0.0
Identities = 560/572 (99%), Gaps = 4/572 (1%)
Sstrand=Plus/Minus

Query  1  CGGGCATTCCT-CCTTGATCCGAGGTC-ACCTTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGA  57
Sbjct  891  CGGGTATTCCTTACCTGATCCGAGGTCACCTTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAGGA  832
Query  58  GTCCCTCCGATGCCACTGGCGAGCTGTAACTTACTACGCAAAGZAGCGCTCCGGAGGGT  117
Sbjct  831  GTCCCTCCGATCCCACTGGCGAGCTGTAACTTACTACGCAAAGZAGCGCTCCGGAGGGT  772
Query  118  CGGCCACTGTATTTCGGGGCTACGGAAAGCCGTAGGGCCCCAACGCCAAGCGGTGCTGA  177
Sbjct  771  CGGCCACTGTATTTCGGGGCTACGGAAAGCCGTAGGGCCCCAACGCCAAGCGGTGCTGA  712
Query  178  GGTTGAAATGACGCTGAAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGGGCCCAATGTGGCT  237
Sbjct  711  GGTTGAAATGACGCTGAAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGGGCCCAATGTGGCT  652
Query  238  TCAAAAGATTGATGATTCACTGAATCTGCAATTCAATTACTTATCGCAATTGCTGG  297
Sbjct  651  TCAAAAGATTGATGATTCACTGAATCTGCAATTCAATTACTTATCGCAATTGCTGG  592
Query  298  TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTATTTCCTTG  357
Sbjct  591  TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTATTTCCTTG  532
Query  358  CCACTGAGAGAGAGCTGTTAAATAAGAGTTGGCTCCCOGCGGCTGGGGCCCC  417
Sbjct  531  CCACTGAGAGAGAGCTGTTAAATAAGAGTTGGCTCCGCGGGCTGGGGCCCC  472
Query  418  CGAGACGGCCGGCTCCGGGGAGGGAGCTAGGCTCCGGCTCCGGGGAGGGCAACGTTTG  477
Sbjct  471  CGAGACGGCCGGCTCCGGGGAGGGAGCTGGCTCCGGCTCCGGGGAGGGCAACGTTTG  412
Query  478  GGATGTTCAAAAGGGTATAAGGGAGCGTAACCGATAATGATCCCTCCGCTGGTCA  537
Sbjct  411  GGATGTTCAAAAGGGTATAAGGGAGCGTAACCGATAATGATCCCTCCGCTGGTCA  352
Query  538  CCAACGGAGACCTTGTACGATTTCCTTC  569
Sbjct  351  CCAACGGAGACCTTGTACGACTTT-ACTC  321

```

Figura 72. Mapa de alineamiento del aislado GuaNay2.

### 3.9.19 Aislado de maracuyá procedente del estado de Veracruz (MarVer1A)

#### 3.9.19.1 Secuencia edita

```
ATTCTCCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCT  
CCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCGGGAGGGTCC  
GCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTT  
GAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAACATGCTGGCGGGCGCAAT  
GTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATT  
TCGCTCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGATT  
ATTGCTTGTACCACTCAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGG  
CGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCTACCC  
GCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTA  
ATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTATTACGCTTTTACCTCC
```

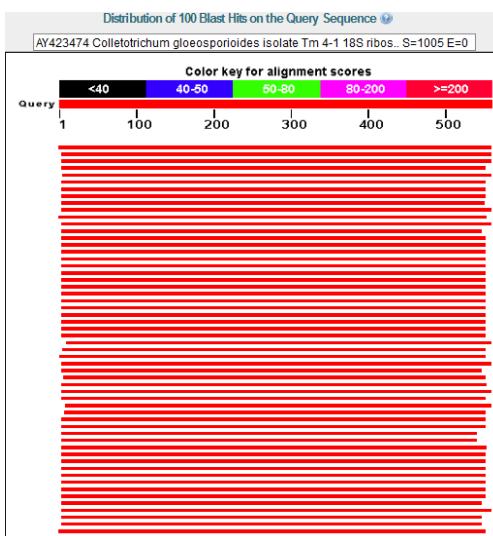


Figura 73. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MarVer1A.

### 3.9.19.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY423474 567 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate Tm 4-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY423474

VERSION AY423474.1 GI:37732209

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 tggaaagtaaa aaagtctgaa caaggctcc gtttgtgaac cagcggaggg atcattactg  
61 agtttacgct ctacaaccct ttgtgaacat acctataact gttgcttcgg cgggcagggt  
121 ctccgtgacc ctccccgacct cccgcccccg ggcgggtcgg cgcccgccgg aggataacca  
181 aactctgatt taacgacggt tcttctgagt ggtacaagca aataatcaa acttttaaca  
241 acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtcaa  
301 ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatctt gaacgcacat tgcgccccc agcattctgg  
361 cgggcattgcc tggcgagcg tcattcaac cctcaagctc tgcttgggt tggggcccta  
421 cagctgatgt aggcctcaa aggttagtggc ggaccctccc ggagcctcct ttgcgttagta

481 actttacgtc tcgcactggg atccggaggg actcttgccg taaaacccc aatttccaa

541 aggttacctt cggtatcagga gaatcca

Score = 1005 bits (544), Expect = 0.0  
Identities = 557/563 (99%), Gaps = 2/563 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	Subject	Score
Query 1	ATCTCTGTGATCCGAGGTC-ACCTTTGGAAAAATTGGGGCTTTACGGCAAGRGTCCTCC	59
Sbjct 564	ATTCCTTGAICCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGCTTTACGGCAAGAGTCCTCC	505
Query 60	GGATCCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCACT	119
Sbjct 504	GGATCCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCACT	445
Query 120	ACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAA	179
Sbjct 444	ACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAA	385
Query 180	ATGACGCTCGACGGCATGCCGCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCAAATGTCGGTCAAAGAT	239
Sbjct 384	ATGACGCTCGACGGCATGCCGCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCAAATGTCGGTCAAAGAT	325
Query 240	TGATGATGACTGAAATTCTGCATTACATTAATCTATCGCATTTCGCTGGTCTTCAT	299
Sbjct 324	TGATGATGACTGAAATTCTGCATTACATTAATCTATCGCATTTCGCTGGTCTTCAT	265
Query 300	CGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTGTTAAAGTTGATAATTCTCTGTACCACTCAG	359
Sbjct 264	CGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTGTTAAAGTTGATAATTCTCTGTACCACTCAG	205
Query 361	AAGAAACGCTGTTAAATCAGAGTTTGTTATCTCCGGGGCGGCCGACCCGCCGGGG	419
Sbjct 204	AAGAAACGCTGTTAAATCAGAGTTTGTTATCTCCGGGGCGGCCGACCCGCCGGGG	145
Query 420	CGGGAGGCCGGAGGGTCA CGGAGACCTAACCGCGGAGACAAACAGTTATAGGTATGTC	479
Sbjct 144	CGGGAGGCCGGAGGGTCA CGGAGACCTAACCGCGGAGACAAACAGTTATAGGTATGTC	85
Query 480	ACRAAGGGTTATAGACCGTAAACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTCAACCAACGGAGAC	539
Sbjct 84	ACRAAGGGTTATAGACCGTAAACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTCAACCAACGGAGAC	25
Query 540	CCTATTACG-CCTTTTACCTCC	561
Sbjct 24	CTTGTACGACTTTTACTTCC	2

Figura 74. Mapa de alineamiento del aislado MarVer1A.

### 3.9.20 Aislado de maracuyá procedente del estado de Veracruz (MarVer1B)

#### 3.9.20.1 Secuencia edita

```
GGGATTCCACCTGATCCGAGGTCACCTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAG  
TCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAG  
GGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TCATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGGACC  
CTACCCGCCAAGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAAC  
TCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACTTC  
C
```

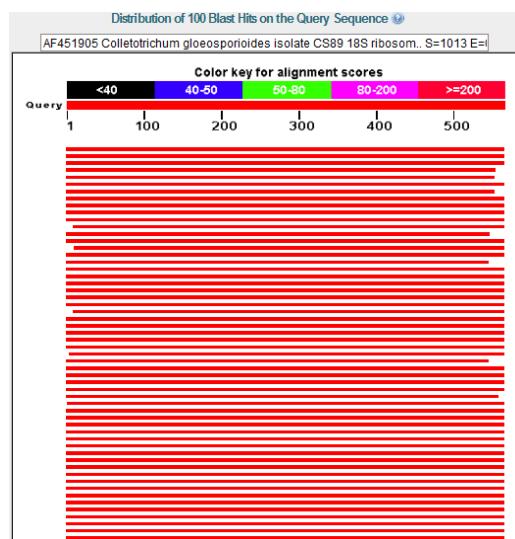


Figura 75. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MarVer1B.

### 3.9.20.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AF451905 604 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate CS89 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AF451905

VERSION AF451905.1 GI:17980939

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 tggaaagtaaa agtcgtaaca aggtctccgt tggtaaccca gcggaggat cattactgag  
61 ttacgcctc acaaccctt gtgaacatac ctacaactgt tgcttcggcg ggtagggtcc  
121 ccgtgaccct cccggctcc cgcccccccg ggcgggtcgg cgcccgccgg aggataacca  
181 aactctgatt taacgacggt tcttctgagt ggtacaagca aataatcaa acttttaaca  
241 accggatctc ttgggtctgg catcgatgaa gaacgcagcg aaatgcgata agtaatgtga  
301 attgcagaat tcagtgaatc atcgaatctt tgaacgcaca ttgcgccgc cagcattctg  
361 gcgggcattgc ctgttcgagc gtcattcaa ccctcaagct ctgcttggtg ttggggccct  
421 acagctgatg taggcctca aaggtagtgg cggaccctcc cggagccctcc ttgcgttagt

481 aactttacgt ctgcactgg gatccggagg gactcttgcc gtaaaacccc ccaatttcc  
 541 aaaggttgc acggatcag gtaggaatac ccgctgaact taagcatatc aataagcgga  
 601 ggaa

```

Score = 1013 bits (548), Expect = 0.0
Identities = 565/572 (99%), Gaps = 5/572 (1%)
Strand=Plus/Minus

Query 1  GGG-AATTCC-ACCTGATCGAGGTC-ACCTTGGAAAAATTGGGGTTTTACGGCAAGAG  57
Sbjct 572  GGTTAATCCACTCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATGGGGGGTTTACGGCAAGAG  513

Query 58  TCCCTCCGATGCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGGCAAAGGAGGGTCCGGAGGGTC  117
Sbjct 512  TCCCTCCGATGCCAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGGCAAAGGAGGGTCCGGAGGGTC  453

Query 118 CGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGGCTTGAG  177
Sbjct 452  CGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGGCTTGAG  393

Query 178 GGTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCAATGCGTT  237
Sbjct 392  GGTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCAATGCGTT  333

Query 238 CAAAGATTCGAATGATTCACTGAATTCGCAATTCAATTACTTATGCAATTGCTGGCT  297
Sbjct 332  CAAAGATTCGAATGATTCACTGAATTCGCAATTCAATTACTTATGCAATTGCTGGCT  273

Query 298 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGGATCC-GTTGTTAAAGTTTCAATTATTCGTTGTA  356
Sbjct 272  TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGGATCCGGTTGTTAAAGTTGATTATTCGTTGTA  213

Query 357 CCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCCTGGCGGGCGCCACCCG  416
Sbjct 212  CCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCCTGGCGGGCGCCACCCG  153

Query 417 CCCggggggccggggggccggggggccggggggccggggggccggggggccgggggg  476
Sbjct 152  CCCggggggccggggggccggggggccggggggccggggggccggggggccgggggg  93

Query 477 AGGTATGTTACAAAGGGTTGAGAGCGTAACACTCAGTAATGATCCCCTCGCTGGTAC  536
Sbjct 92  AGGTATGTTACAAAGGGTTGAGAGCGTAACACTCAGTAATGATCCCCTCGCTGGTAC  33

Query 537 CAACGGAGACCTTGTTACGATTTTTACTTCC  568
Sbjct 32  CAACGGAGACCTTGTTACGACTTTT-ACCTCC  2
  
```

Figura 76. Mapa de alineamiento del aislado MarVer1B.

### 3.9.21 Aislado de mango kent procedente del estado de Guerrero (MnkGro2B)

#### 3.9.21.1 Secuencia edita

```
GGGTATTCTCCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT  
CCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCGAGAGG  
GTCCGCCACTACCTTGAGGGCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGA  
GCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCG  
CAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTTATCG  
CATTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTT  
GATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCAGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCC  
ACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTC  
AGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGATTTTACTTCC
```

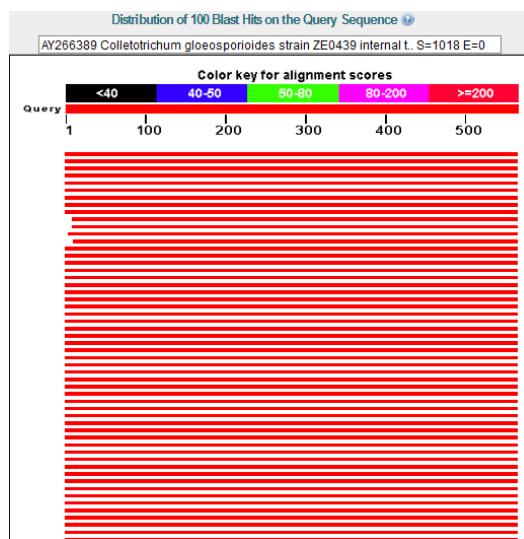


Figura 77. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnkGro2B.

#### 3.9.21.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389 598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggtatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgcccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggtaa acaagcaaat aatcaaaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccgccagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggttgtgg ggcctacag  
421 ctgatgtagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgga gcctcccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggact ctggccgtaa aaccccaat ttccaaagg  
541 ttgacacctgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

```

Score = 1018 bits (551), Expect = 0.0
Identities = 563/568 (99%), Gaps = 4/568 (1%)
Strands=Plus/Minus

Query  1   GGGTATT-CCTGATCGAGGTC-ACCTTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT  57
Sbjct  567  |||||TTTCTACCTGATCGAGGTCAACCTTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT  508
Query  58   CCCCTGGATCCAGTGCAGACGTTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGGGTCC  117
Sbjct  507  |||||CCCTGGATCCAGTGCAGACGTTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGGGTCC  448
Query  118  GCCACTACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGGGCTTGAGG  177
Sbjct  447  |||||GCCACTACCTTGAGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGGGCTTGAGG  388
Query  178   GTTGAATAGACGCTCGAACAGCGCATGCCGCCAGAAATGCTGGGGGCCAATGTGCCITC  237
Sbjct  387  |||||GTTGAATAGACGCTCGAACAGCGCATGCCGCCAGAAATGCTGGGGGCCAATGTGCCITC  328
Query  238   AAAGATTGATGATTCACTGAATTCCTGCAATTACATAATTATGCAATTGGCTGGCTGGT  297
Sbjct  327  |||||AAAGATTGATGATTCACTGAATTCCTGCAATTACATAATTATGCAATTGGCTGGCTGGT  268
Query  298   CTTCATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTGTACC  357
Sbjct  267  |||||CTTCATCGATGCCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTTGCTGTACC  208
Query  358   ACTCAGAAAAGACCTGTTAAATCAGAGTTTGCTTAACCTCCCGGGCCCGAACCCGC  417
Sbjct  207  |||||ACTCAGAAAAGACCTGTTAAATCAGAGTTTGCTTAACCTCCCGGGCCCGAACCCGC  148
Query  418   CGGAGGGGGAGGCCGGAGGGTCCCGGAGACCTTACCGCCGAAGCAACAGTTATAGGT  477
Sbjct  147  |||||CGGAGGGGGAGGCCGGAGGGTCCCGGAGACCTTACCGCCGAAGCAACAGTTATAGGT  88
Query  478   ATGTTCACAAAGGGTTGTTAGACGCTAAACCTCAGTAATGATCCTCCGCTGTTACCCAC  537
Sbjct  87   |||||ATGTTCACAAAGGGTTGTTAGACGCTAAACCTCAGTAATGATCCTCCGCTGGTACCCAC  28
Query  538   GGAGACCTTGTTACGATTTTACTTCC  565
Sbjct  27   |||||GGAGACCTTGTTACGATTTTACTTCC  1

```

Figura 78. Mapa de alineamiento del aislado MnkGro2B.

### 3.9.22 Aislado de mango kent procedente del estado de Guerrero (MnkGro2D)

#### 3.9.22.1 Secuencia edita

```
ACCTGATCCGAGGTACCTTGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGAGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAACATGCTGGCGGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTTCGC  
TGC GTT CTT CAT CG AT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AA AC GT CG TT AA AT CAG AG T T GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC G ACC CG CC CG GAG GC GGG AGG CC GGG AGG GT CG CG GAG ACC CT ACC CG CC GA  
AG CA AC AG TT AT AG GT AT GTT CAC A A AG GG TT GT AG AG CG TAA ACT CAG TA AT G AT  
CC CT CC G CT GG TT CAC CA AC GG AG AC CT GTT AC GA
```

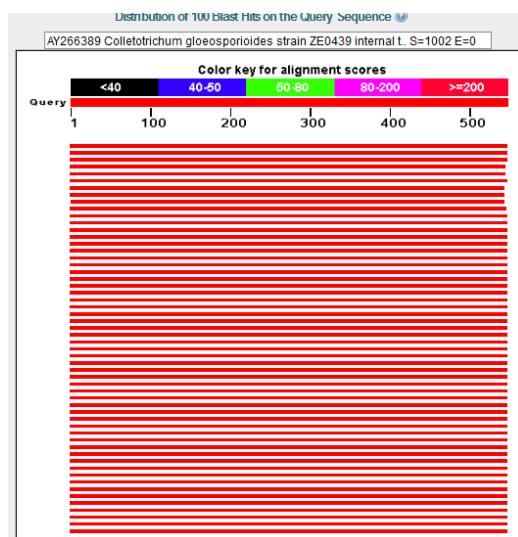


Figura 79. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnkGro2D.

### 3.9.22.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389 598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggc acaagcaaat aatcaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccgccagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca tttcaaccct caagctctgc ttgggtttgg gcccctacag  
421 ctgatgttgg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgga gcctcccttg cgttagtaact  
481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggact cttgcccgtaa aaccccaat ttccaaagg

541 ttgacctcgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

Score = 1002 bits (542), Expect = 0.0  
Identities = 545/546 (99%), Gaps = 1/546 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query 1	ACCTGATCCGAGGTTC-ACCTTTGGAAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCGGAT	59
Sbjct 557	ACCTGATCCGAGGTCAACCTTTGGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCGGAT	498
Query 60	CCCATGCGAGACTAAAGTTACTACGCCAAAGGAGCTCCAGAGGGTCCCCAATACCT	119
Sbjct 497	CCCATGCGAGACTAAAGTTACTACSCAAAGGAGGTCCAGAGGGTCCCCAATACCT	438
Query 120	TGAGGGGCCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA	179
Sbjct 437	TGAGGGGCCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA	378
Query 180	CCCTCGAACAGGCATCCCCCGCAGAATCTGGCGGCCAAATGTGGCTTCAAAAGATTGCA	239
Sbjct 377	CCCTCGAACAGGCATCCCCCGCAGAATCTGGCGGCCAAATGTGGCTTCAAAAGATTGCA	318
Query 240	TGATTCACTGAATTCTGAAATTCACTTATCGATTTCGTCGGTCTTCATCGAT	299
Sbjct 317	TGATTCACTGAATTCTGAAATTCACTTATCGATTTCGTCGGTCTTCATCGAT	258
Query 300	GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTAAAAAGTTTGATTAATTGCTTGACACTCAGAAGA	359
Sbjct 257	GCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTAAAAAGTTTGATTAATTGCTTGACACTCAGAAGA	198
Query 360	AACGTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGGGGCGCCGACCCGCCGGAGGGCGG	419
Sbjct 197	AACGTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGGGGCGCCGACCCGCCGGAGGGCGG	138
Query 420	AGGGCGGGAGGGTGGGGAGACCCCTACCCCGCGAACACAGTTATAAGTTGTTACAAA	479
Sbjct 137	AGGGCGGGAGGGTGGGGAGACCCCTACCCCGCGAACACAGTTATAAGTTGTTACAAA	78
Query 480	AGGGTTGTAGACGTAACACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGITCACCAACGGAGACCTG	539
Sbjct 77	AGGGTTGTAGACGTAACACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGITCACCAACGGAGACCTG	18
Query 540	TTACGA 545	
Sbjct 17	TTACGA 12	

Figura 80. Mapa de alineamiento del aislado MnkGro2D.

### 3.9.23 Aislado de mango manila procedente del estado de Sinaloa (MnmSin3A)

#### 3.9.23.1 Secuencia edita

```
ACCTGATCCGAGGTACCTTGGAGAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGG  
ATCCCAGTGCAGACGTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCGCCA  
CTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTGAGG  
GTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGC  
GTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTGCG  
TGC GTT CTT CAT CG AT GCC AGA ACCA AG AG AT CC GTT GTT AAA AG TTT GATT ATT TG  
CTT GT ACC ACT CAG A AG AA AC GT CG TT AA AT CAG AG TT GG TT AT CCT CC GG CG GG  
GCC GACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCTACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAGGTATGTTACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTTGT
```

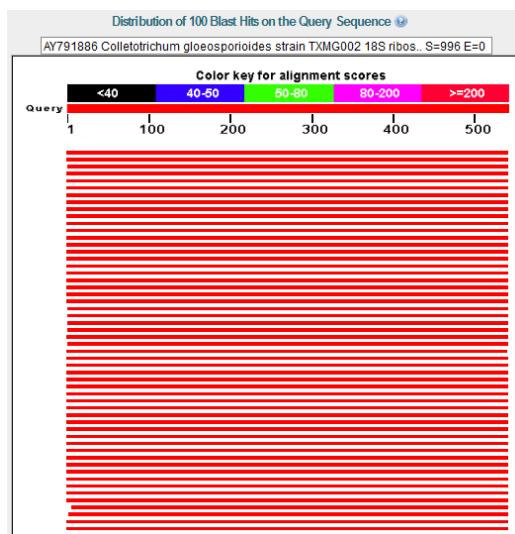


Figura 81. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnmSin3A.

### 3.9.23.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY791886 591 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain TXMG002 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY791886

VERSION AY791886.1 GI:55585699

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ttgaaggta agtcgtaaca aggtctccgt tggtaacca gcggagggat cattactgag  
61 ttacgcctc acaaccctt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg gtagggct  
121 ccgtgaccct cccggctcc cgccccggg cgggtcggcg cccgcggag gataaccaa  
181 ctctgattt acgacgttc ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaaaac ttttaacaac  
241 ggatctctt gttctggcat cgatgaagaa cgcagcggaa tgcgataagt aatgtgaatt  
301 gcagaattca gtgaatcatc gaatcttga acgcacattg cgccgcggcag cattctggcg  
361 ggcatgcctg ttcgagcgctc attcaaccc tcaagctctg cttgggttg gggccctaca  
421 gctgatgttag gccctcaaag gtagtggcgg accctccgg agcctccctt gcgttagtaac

481 tttacgtctc gcactggat ccggagggac tcttgcgtaaaccccaa ttctccaaag

541 gttgacctcg gatcaggtag gaatacccg tgaacttaag catatcaata a

.....  
Identities = 542/543 (99%), Gaps = 1/543 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	Subject	Length
1	ACCTGATCCGAGGTCACTTGGAGAAATTGGGGTTTACGGCAAGACTCCCTCGGAT	59
558	ACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAGAAATTGGGGTTTACGGCAAGACTCCCTCGGAT	499
60	CCCCAGTCGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCCACTACCT	119
498	CCCCAGTCGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTCCCACTACCT	439
120	TTGAGGGCCCTACATCAGCTGTAGGGGCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA	179
438	TTGAGGGCCCTACATCAGCTGTAGGGGCCAACACCAAGCAGAGCTTGAGGGTTGAAATGA	379
180	CGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGCGGGGCCAAITGTCGTTCAAAGAATTGCA	239
378	CGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGCGGGGCCAAITGTCGTTCAAAGAATTGCA	319
240	TGATTCACTAATCTGCAATTGACATTACTTATCGCAATTGCGTGCCTTCATCGAT	299
318	TGATTCACTAATCTGCAATTGACATTACTTATCGCAATTGCGTGCCTTCATCGAT	259
300	GCCAGAACCAAGAGATCGTTGTTAAAAGTTTGATTAATTGCTTGACCACTCAGAAGA	359
258	GCCAGAACCAAGAGATCGTTGTTAAAAGTTTGATTAATTGCTTGACCACTCAGAAGA	199
360	AACGTGTTAACATCAGAGTTGGTATCTCCCGGGGGCCCGAACCCGCCGGGGCGG	419
198	AACGTGTTAACATCAGAGTTGGTATCTCCCGGGGGCCCGAACCCGCCGGGGCGG	139
420	AGGCCGGGAGGGTACGGAGACCCCTACCCCGAAGCACAGTTATAGGTATGTCACAA	479
138	AGGCCGGGAGGGTACGGAGACCCCTACCCCGAAGCACAGTTATAGGTATGTCACAA	79
480	AGGGTTGAGACGTTAAACTCAGTAATGATCCTCCCGCTGTTACCCACGGAGACCTTG	539
78	AGGGTTGAGACGTTAAACTCAGTAATGATCCTCCCGCTGTTACCCACGGAGACCTTG	19
540	TIA 542	
18	TIA 16	

Figura 82. Mapa de alineamiento del aislado MnmSin3A.

### 3.9.24 Aislado de mango manila procedente del estado de Sinaloa MnmSin3C

#### 3.9.24.1 Secuencia edita

```
CGGGATT CCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAGAATTGGGGTTTACGGCAAG  
AGTCCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGG  
AGGGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGC  
AGAGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGG  
GCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTT  
ATCGCATTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAG  
TTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTAT  
CCTCCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGAC  
CCTACCCGCCGAAGAACAGTTAGGTATGTTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAA  
CTCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGACTTTACTTC  
C
```

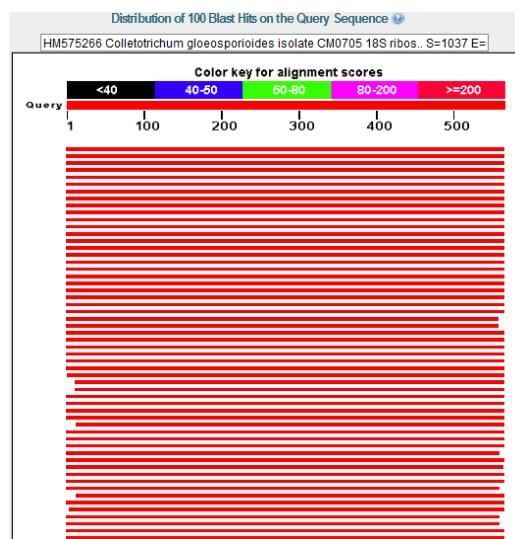


Figura 83. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnmSin3C.

### **3.9.24.2 Datos de la secuencia de alineación**

LOCUS HM575266 598 bp DNA linear PLN 27-SEP-2010

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate CM0705 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION HM575266

VERSION HM575266.1 GI:307603177

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

REFERENCE 1 (bases 1 to 598)

AUTHORS Chen,G. and Li,H.

TITLE Species and population diversity of *Colletotrichum* spp. causing citrus anthracnose in China

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 598)

AUTHORS Chen,G. and Li,H.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (19-MAY-2010) College of Agriculture and Biotechnology,

Zhejiang University, Institute of Biotechnology, Kaixuan Road 268,  
Hangzhou, Zhejiang 310029, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..598

/organism="*Colletotrichum gloeosporioides*"

/mol\_type="genomic DNA"

/isolate="CM0705"

/db\_xref="taxon:[474922](#)"

misc\_RNA <1..>598

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed

spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer

2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggaggggatc attactgagt

61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcggtt gtagggtctc

121 cgtgaccctc ccggcctccc gccccgggc gggtcggcgcc ccggccggagg ataaccaaac

181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtgggt acaagcaaat aatcaaact tttaacaacg

241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattt

301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcg

361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggttgtgg gcccctacag

421 ctgatgttgg ccctcaaagg tagtggcgga ccctccggaa gcctcccttg cgtatgtact

481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggggact cttgccgtaa aaccccaat ttccaaagg

541 ttgacacctgg atcaggttgg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

```

Score = 1037 bits (561), Expect = 0.0
Identities = 566/568 (95%), Gaps = 1/568 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1 CGGG-ATCCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAGAATTGGGGTTTACGGCAAGAG 59
Sbjct 568 CGGGTATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAATTGGGGTTTACGGCAAGAG 509

Query 60 TCCCCTCGGATCCAGTCGGAGACGTTAAAGTTACTACCGCAAGGAGGCTCCGGAGGTC 119
Sbjct 508 TCCCCTCGGATCCAGTCGGAGACGTTAAAGTTACTACCGCAAGGAGGCTCCGGAGGTC 449

Query 120 CGCCACTACCTTGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAG 179
Sbjct 448 CGCCACTACCTTGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTTGAG 389

Query 180 GGTTGAAAATGACGCTCGAACAGGCATGGCCCGCAGAAATGCTGGGGGCCCAATGTGGTT 239
Sbjct 388 GGTTGAAAATGACGCTCGAACAGGCATGGCCCGCAGAAATGCTGGGGGCCCAATGTGGTT 329

Query 240 CAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTAACATATCGCATTCGGTCCGT 299
Sbjct 328 CAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTAACATATCGCATTCGGTCCGT 269

Query 300 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTAATTCTTGTAC 359
Sbjct 268 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTAATTCTTGTAC 209

Query 360 CACTCAGAAGAAACCTCGTAAATCAGAGTTGGTTATCCGGGGCGCCGACCGC 419
Sbjct 208 CACTCAGAAGAAACCTCGTAAATCAGAGTTGGTTATCCGGGGCGCCGACCGC 149

Query 420 CGGGGGGGGGAGGGGGGGAGGGGTCAAGGAGACCCCTACCCGGCGAACAGCTATAAGG 479
Sbjct 148 CGGGGGGGGGAGGGGGGGAGGGGTCAAGGAGACCCCTACCCGGCGAACAGCTATAAGG 89

Query 480 TATGTTCACAAAGGGTTGAGAGCGTAAACTCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAA 539
Sbjct 88 TATGTTCACAAAGGGTTGAGAGCGTAAACTCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAA 29

Query 540 CGGAGACCTTGTACGACTTTACTICC 567
Sbjct 28 CGGAGACCTTGTACGACTTTACTICC 1

```

Figura 84. Mapa de alineamiento del aislado MnmSin3C.

### 3.9.25 Aislado de mango manila procedente del estado de Guerrero (MnmGro4)

#### 3.9.25.1 Secuencia edita

```
GGGATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAGAATTGGGGTTTACGGCAAGAG  
TCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAG  
GGTCCGCCACTACCTTGAGGGCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAG  
AGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGC  
GCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATC  
GCATTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTT  
TGATTATTTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCT  
CCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGACCCCT  
ACCCGCCGAAGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTC  
AGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGACTTTACTTCC
```

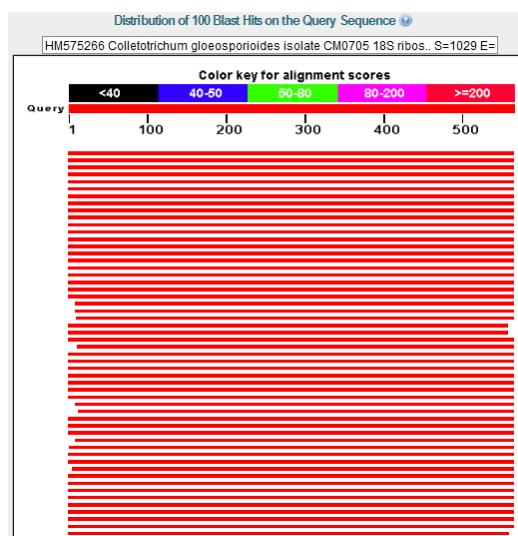


Figura 85. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnmGro4.

### 3.9.25.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM575266 598 bp DNA linear PLN 27-SEP-2010

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate CM0705 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION HM575266

VERSION HM575266.1 GI:307603177

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacataacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgtgaccctc ccggcctccc gcccccgggc gggtcggcgc ccggcggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggt acaagcaaat aatcaaact ttacaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttggtgttgg gcccctacag  
421 ctgatgttagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctccggc gcctcccttg cgtagtaact

481 ttacgtctcg cactgggatc cgaggact ctgcgtaa aaccccaat tttccaaagg

541 ttgacctcg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

Score = 1029 bits (557), Expect = 0.0  
Identities = 564/567 (95%), Gaps = 2/567 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	Subject	Score
1	GGG-AIT-CTACCTGATCCGAGGTCAACCTTTGGAGAATTGGGGTTTACGGCAAGAGT	58
567	GGGTATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTTGGAAATTGGGGTTTACGSCAAGAGT	508
59	CCCTCCGATCCAGTCCGAGACGTAAGTTACTACGCCAAGGAGCTCCGGAGGGTCC	118
507	CCCTCCGATCCAGTCCGAGACGTAAGTTACTACGCCAAGGAGGC1CGGGAGGGTCC	448
119	GCCACTACCTTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCCAAAGCAGGCTTGAGG	178
447	GCCACTACCTTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCCAAAGCAGGCTTGAGG	388
179	GTGAATAATGACCTCTGAAACAGCCTATGCCGCCAGAATCTGGCGGGCGCAGAAATGCGTC	238
387	GTGAATAATGACCTCTGAAACAGCCTATGCCGCCAGAATCTGGCGGGCGCAGAAATGCGTC	328
239	AAAGATTCTGATGATTACTGATTAATCTCAATTACATTACTTATCGCATTTGCTCGTT	298
327	AAAGATTCTGATGATTACTGATTAATCTCAATTACATTACTTATCGCATTTGCTCGTT	268
299	CTTCATCGATGCCAGACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTAATTTGCTGTACC	358
267	CTTCATCGATGCCAGACCAAGAGATCCGTTGTTAAAGTTTGATTAATTTGCTGTACC	208
359	ACTCAGAGAAACCTCGTTAAACAGAGTTGGTTATCCCTCCGGGCGCAGACCCGCC	418
207	ACTCAGAGAAACCTCGTTAAACAGAGTTGGTTATCCCTCCGGGCGCAGACCCGCC	148
419	CGGGGGGGGGAGGCCGGAGGGTCAAGGAGACCTTACCCCGCGAACGAAACAGTTATAAGT	478
147	CGGGGGGGGGAGGCCGGAGGGTCAAGGAGACCTTACCCCGCGAACGAAACAGTTATAAGT	88
479	ATGTTACAAAGGGTTGTAGACCGTAAACTCAGTAATGATCCTCCGCTGGTCAAC	538
87	ATGTTACAAAGGGTTGTAGACCGTAAACTCAGTAATGATCCTCCGCTGGTCAAC	28
539	GGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC	565
27	GGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC	1

Figura 86. Mapa de alineamiento del aislado MnmGro4.

### 3.9.26 Aislado de mango ataulfo procedente del estado de Guerrero (MnaGro5)

#### 3.9.26.1 Secuencia edita

```
CCTGATCCGAGGTACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCCTCCGA  
TCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCGAGAGGGTCCGCCAC  
TACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAGCTGAGGG  
TTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGCGCAATGTGCG  
TTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGCATTGCT  
GCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGATTATTG  
CTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCCGGCGGGC  
GCCGACCCGCCGGAGGCAGGAGGGTCGCGGAGACCCTACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAGGTATGTCACAAAGGGTTAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTTGTACGATT
```

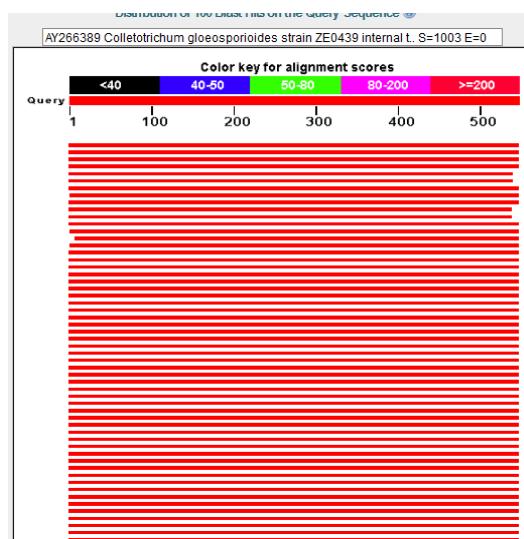


Figura 87. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MnaGro5.

#### 3.9.26.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY266389 598 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain ZE0439 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION AY266389

VERSION AY266389.1 GI:31789252

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa gtcgtaacaa ggtctccgtt ggtgaaccag cggagggtatc attactgagt  
61 ttacgctcta caacccttg tgaacatacc tataactgtt gcttcggcgg gtagggtctc  
121 cgcgaccctc ccggcctccc gcctccgggc gggtcggcgc ccgccggagg ataaccaaac  
181 tctgatttaa cgacgttct tctgagtggtaa acaagcaaat aatcaaaaact tttaacaacg  
241 gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta atgtgaattg  
301 cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc gcccggcagc attctggcgg  
361 gcatgcctgt tcgagcgtca ttcaaccct caagctctgc ttgggttgtgg ggcctacag  
421 ctgatgtagg ccctcaaagg tagtggcggc ccctctcgaa gcctcccttg cgtagtaact  
481 ttacgtctcg cactgggatc cggaggact ctggccgtaa aaccccaat ttccaaagg  
541 ttgacacctgg atcaggtagg aatacccgct gaacttaagc atatcaataa gcggagga

```

Score = 1003 bits (543), Expect = 0.0
Identities = 548/550 (99%), Gaps = 1/550 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query  1  CCTGATCCGAGGTC-ACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGATC  59
Sbjct  550  CCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGTTTACGGCAAGAGTCCTCCGGATC  497
Query  60  CCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCCCACTACCTT  119
Sbjct  496  CCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAGGAGGCTCCGAGAGGTCCCACTACCTT  437
Query  120  TGAGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAAGCTTGAGGGTTGAAATGAC  179
Sbjct  436  TGAGGGGCTTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAAGCTTGAGGGTTGAAATGAC  377
Query  180  GCTCGAACAGCGATGCCGCCAGAATGCTGGGGGGCAATGTGGTTCAAAGATTGAT  239
Sbjct  376  GCTCGAACAGCGATGCCGCCAGAATGCTGGGGGGCAATGTGGTTCAAAGATTGAT  317
Query  240  GAITCACTGAATTCTGCAATTCAATTACTATCGCAATTGCGTCCGTTTCATCGATG  299
Sbjct  316  GAITCACTGAATTCTGCAATTCAATTACTATCGCAATTGCGTCCGTTTCATCGATG  257
Query  300  CCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAAGA  359
Sbjct  256  CCAGAACCAAAGAGATCCGTGTTAAAGTTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAAGA  197
Query  360  ACCTCGTTAAATCAGAGTTTGTTATCCTCGGGGGGCGACCGCCGGAGGGGA  419
Sbjct  196  ACCTCGTTAAATCAGAGTTTGTTATCCTCGGGGGGCGACCGCCGGAGGGGA  137
Query  420  GGCGGGAGGGTCCGGAGACCCCTACCGCCGAAGCACAGTTAGTTATTCACAAA  479
Sbjct  136  GGCGGGAGGGTCCGGAGACCCCTACCGCCGAAGCACAGTTAGTTATTCACAAA  77
Query  480  GGGTTGTAAGCGTAAACCTCAGTAATGATCCCTCCGCTGTTACCAAACGGAGACCTGT  539
Sbjct  76   GGGTTGTAAGCGTAAACCTCAGTAATGATCCCTCCGCTGTTACCAAACGGAGACCTGT  17
Query  540  TACGATTIT  549
Sbjct  16   TACGACTTT  7

```

Figura 88. Mapa de alineamiento del aislado MnaGro5.

### 3.9.27 Aislado de mango corriente procedente del estado de Veracruz (MncVer6)

#### 3.9.27.1 Secuencia edita

```
GC GGAGGGTCTTACTGAGTTACGCTCTACAACCCTTGTGAACATACCTATAACTG  
TTGCTTCGGCGGGTAGGGTCTCCGTGACCCTCCGCCCTCCGCCGGCGGGTC  
GGCGCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAAACGACGTTCTGAGTGGTAC  
AAGCAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAA  
CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCACTGAATCATCGAATCTT  
TGAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATT  
CAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTCAAAGG  
TAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTTGCCTAGTAACTTACGTCTCGCACTGGG  
ATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCAATTCTCAAAGGTTGACCTCGGATCA  
GGTAGGAATACCCGCTGAACTTAACGATATCAA
```

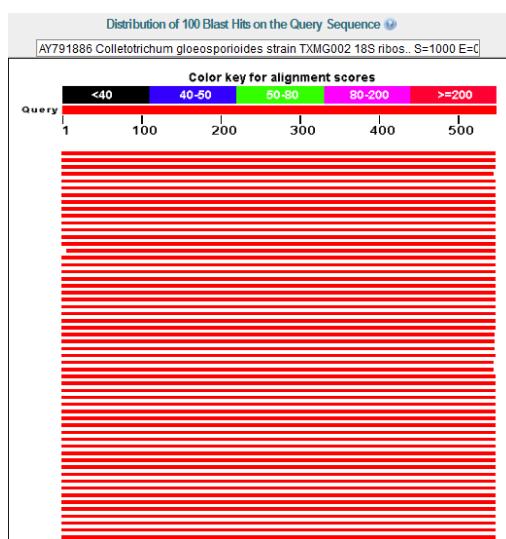


Figura 89. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado MncVer6.

### 3.9.27.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AY791886 591 bp DNA linear PLN 02-OCT-2007

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain TXMG002 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY791886

VERSION AY791886.1 GI:55585699

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ttgaaggta agtcgtaaca aggtctccgt tggtaacca gcggagggat cattactgag  
61 ttacgcctc acaaccctt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg gtagggct  
121 ccgtgaccct cccggctcc cgccccggg cgggtcggcg cccgcggag gataaccaa  
181 ctctgattt acgacgttc ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaaaac ttttaacaac  
241 ggatctctt gttctggcat cgatgaagaa cgcagcggaa tgcgataagt aatgtgaatt  
301 gcagaattca gtgaatcatc gaatcttga acgcacattg cgccgcggcag cattctggcg  
361 ggcatgcctg ttcgagcgctc attcaaccc tcaagctctg cttgggttg gggccctaca  
421 gctgatgttag gccctcaaag gtagtggcgg accctccgg agcctccctt gcgttagtaac

481 ttacgtctc gcactggat ccggagggac tcttgcgt aaaccccaa ttctccaaag

541 gttgacctcg gatcaggtag gaataccgc tgaacttaag catatcaata a

```
Score = 1000 bits (541), Expect = 0.0
Identities = 546/548 (99%), Gaps = 2/548 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query  1   GCGGAGGG-TC-TTACTGAGTTACGCTCTAACACCCTTGTAAACATACCTATAACTGT  58
Sbjct  41   |||||||GCGGAGGGATCATTAACGTAGA||TACGCTCTAACACCCTTGTAAACATACCTATAACTGT  100
Query  59   TGCCTTCGGCGGTAGGGTCTCCGTGACCCCTCCGGCCTCCGCCCGGGCGGTGCGG  118
Sbjct 101   TGCTTCGGCGGTAGGGTCTCCGTGACCCCTCCGGCCTCCGCCCGGGCGGTGCGG  160
Query 119   CCGGCCGGAGATAACCAAACCTGTATTAAACGACGTCTCTGAGTGTACACCAA  178
Sbjct 161   CCGGCCGGAGATAACCAAACCTGTATTAAACGACGTCTCTGAGTGTACACCAA  220
Query 179   TAATCAAAAATTTAACACGGATCTTGTGGCATGATGAAGAACGCAAGAAA  238
Sbjct 221   TAATCAAAAATTTAACACGGATCTTGTGGCATGATGAAGAACGCAAGAAA  280
Query 239   TGGGATAA GTAAATGAAATTGAGAATTCAGTGAAATCATCGAACTTTGAACGGCACATTG  298
Sbjct 281   TGGGATAA GTAAATGAAATTGAGAATTCAGTGAAATCATCGAACTTTGAACGGCACATTG  340
Query 299   CGCCGGCCAGCATTTCTGGCGGGCATGCCCTGTTGAGCGGTAAITCAACCCCTAACGCTG  358
Sbjct 341   CGCCGGCCAGCATTTCTGGCGGGCATGCCCTGTTGAGCGGTAAITCAACCCCTAACGCTG  400
Query 359   CTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCGG  418
Sbjct 401   CTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCGG  460
Query 419   AGCCTCCCTTGGTAGTACTTACGCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTGGCGTA  478
Sbjct 461   AGCCTCCCTTGGTAGTACTTACGCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTGGCGTA  520
Query 479   AAACCCCCAAATCTCCAAAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAAAG  538
Sbjct 521   AAACCCCCAAATCTCCAAAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAAAG  580
Query 539   CATATCAA  546
Sbjct 581   |||||||CATATCAA  588
```

Figura 90. Mapa de alineamiento del aislado MncVer6.

### 3.9.28 Aislado de aguacate fuerte procedente del estado de Sinaloa (AgfSin1A)

#### 3.9.28.1 Secuencia edita

```
GACGCGGAGGGTCTTACTGAGTTACGCTCTATAACCCTTGAAACATACCTATAA  
CTGTTGCTCGCGGGTAGGGTCTCCGTGACCCTCCGCCCTCCGCCCGGGCGG  
GTCGGCGCCCGCCGGAGGGATAACCAAACCTGTGATTAAACGACGTTCTTGAGTG  
GTACAAGCAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGA  
AGAACGCAGCAGAATGCGATAAGTAATGTGAATTGAAAATTCAGTGAATCATCGA  
ATCTTGAAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTCGAGCGT  
CATTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCCCTACAGCTGATGTAGCCCCTC  
AAGGGTAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGTAACTTACGTCTCGCA  
CTGGGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCCATTTCAAAGGTTGACCTC  
GGATCAGGTA
```

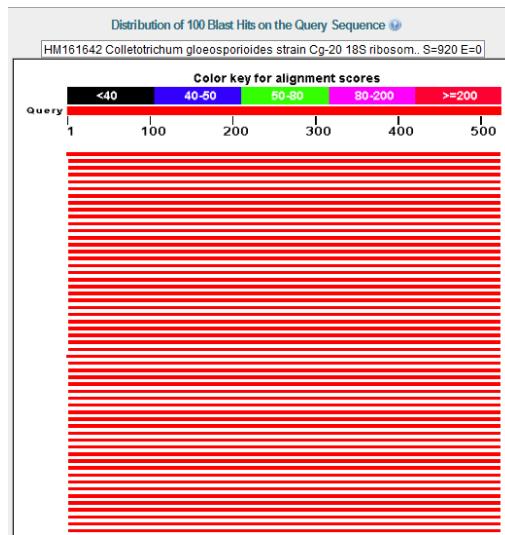


Figura 91. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado AgfSin1A.

#### 3.9.28.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM161642 579 bp DNA linear PLN 22-JUN-2010

**DEFINITION** *Colletotrichum gloeosporioides* strain Cg-20 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

**ACCESSION** HM161642

**VERSION** HM161642.1 GI:298501334

**KEYWORDS** .

**SOURCE** *Colletotrichum gloeosporioides*

**ORGANISM** *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

**ORIGIN**

1 aactcgaaa aaggttcct aggtgaacct gcggagggat cgttactgag tttacgctct  
61 ataaccctt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg ggttagggct ccgtgaccct  
121 cccggcctcc cgccccggg cgggtcggcg cccgcccggag gataaccaaa ctctgattta  
181 acgacgttac ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaacc tttaacaac ggatctttg  
241 gttctggcat cgatgaagaa cgcagcgaaa tgcgataagt aatgtgaatt gcagaattca  
301 gtgaatcatc gaatcttga acgcacattt cgcccgccag cattctggcg ggcatgcctt  
361 ttcgagcgat attcaaccc tcaagcttg ctgggtgtt gggccctaca gctgatgttag  
421 gcccctaagat gtagtggcg accctccgg agcctccctt gcgttagtaac ttacgtctc  
481 gcactggat ccggagggac tcttgcgtt aaaccccca atttccaaa gtttgaccc  
541 ggatcaggta ggaatacccg ctgaacttaa gcatatcaa

```

>gb_HM151542_1 Colletotrichum gloesporioides strain Cg-20 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=579
Score = 920 bits (498), Expect = 0.0
Identities = 514/521 (95%), Gaps = 3/521 (1%)
Strand=Plus/Plus
Query 4 GCGGAGGG-TC-TTACTGAGTTAACCCCTCTATAACCCCTTGTGACCATACCTTAACCTG 61
Sbjct 31 GCGGAGGGATCGTTACTGAGTTAACCCCTTGTGACCATACCTTAACCTG 90
Query 62 TGCCTTCGCGGGTAGGGTCTCCGIGACCCCTCCGGGCTCTCCGCCCGGGCGGGTCCGGC 121
Sbjct 91 TGCCTTCGCGGGTAGGGTCTCCGIGACCCCTCCGGGCTCTCCGCCCGGGCGGGTCCGGC 150
Query 122 CCCGCGCGGGATAACCAAACTGTATTAAACGACGTTCTCTGAGTGTACAAACCAA 181
Sbjct 151 CCCGCGCGGA-GGATAACCAAACTGTATTAAACGACGTTCTCTGAGTGTACAAACCAA 209
Query 182 ATAATCAAAACTTTAACACAGGATCTCTGGTCTGGCATCGAAGAACCGACCGAA 241
Sbjct 210 ATAATCAAAACTTTAACACAGGATCTCTGGTCTGGCATCGAAGAACCGACCGAA 269
Query 242 ATGGCGATAAGTAATGTGAATTCAGTGAATCATCGAAATCTTGAAACGGCACATT 301
Sbjct 270 ATGGCGATAAGTAATGTGAATTCAGTGAATCATCGAAATCTTGAAACGGCACATT 329
Query 302 GCCTCCCGCACCACTCTCGCGGGCAATGCCCTGTCTGGAGCCCTCAATTCAACCCCTAACGCTCT 361
Sbjct 330 GCCTCCCGCACCACTCTCGCGGGCAATGCCCTGTCTGGAGCCCTCAATTCAACCCCTAACGCTCT 389
Query 362 GCCTGGTGTGTTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGCCCCCTCAAGGGTAGTGCGGAGCCCTCCCG 421
Sbjct 390 GCCTGGTGTGTTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGCCCCCTCAAGGGTAGTGCGGAGCCCTCCCG 449
Query 422 GAGCCCTCTTGGTAGTAACTTACGCTCTGGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTTGGCGT 481
Sbjct 450 GAGCCCTCTTGGTAGTAACTTACGCTCTGGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTTGGCGT 509
Query 482 AAAACCCCCCAATTTCACAAAGGTGACCTTCGGATCAGGTA 522
Sbjct 510 AAAACCCCCCAATTTCACAAAGGTGACCTTCGGATCAGGTA 550

```

Figura 92. Mapa de alineamiento del aislado AgfSin1A.

### 3.9.29 Aislado de aguacate fuerte procedente del estado de Nayarit AgfNay2

#### 3.9.29.1 Secuencia edita

GGGAATTCCACCTGATCCGAGGTCAACCTTGAAAATTGGGGGTTTACGGCAAG  
AGTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGG  
AGGGTCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGC  
AGAGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCG  
GCGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTT  
ATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAG  
TTTGATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTAT  
CCTCCGGCGGGCGCCGACCCGCCGGGGCGGGAGGCCGGAGGGTCACGGAGAC  
CCTACCCGCCGAAGAACAGTTAGGTATGTTCACAAAGGGTTAGAGCGTAAA  
CTCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTGTTACGACTTTACTTC  
C

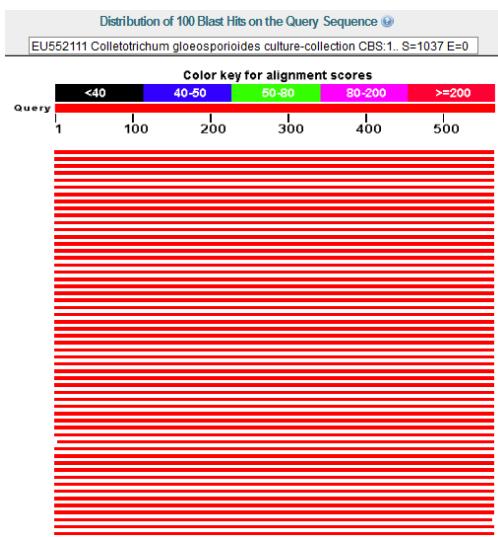


Figura 93. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado AgfNay2.

### 3.9.29.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS EU552111 1539 bp DNA linear PLN 03-OCT-2008

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* culture-collection CBS:122687 18S

ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer

1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,

complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU552111

VERSION EU552111.1 GI:189909439

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;

Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;

Glomerella.

ORIGIN

1 gaatggctca gtgaggcttt cgactgatc taagggagga ggcaactttt cccctggtc

61 ggaaagttat ccaaactcg tcatttagag gaagtaaaag tcgtacaac ag gtctccgttg

121 gtgaaccagc ggagggatca ttactgagtt tacgcttat aacccttgtt gaacataacct

181 ataactgtt cttcggcggg tagggctcc gtgaccctcc cgccctcccg cccccggcgc

241 ggtcgccgcc cgccggagga taaccaaact ctgatttaac gacgttctt ctgagtggta

301 caagcaaata atcaaaaactt ttaacaacgg atctcttgg tctggcatcg atgaagaacg

361 cagcgaatg cgataagtaa tgtgaattgc agaattcagt gaatcatcga atcttgaac

421 gcacattgcg cccgccagca ttctggcggg catgcctgtt cgagcgcat ttcaaccctc

481 aagctctgct tggtgtggg gccctacagc tcatgttaggc cctcaaagggt agtggcggac  
541 cctccggag ctcctttgc gtagtaactt tacgtctcg actggatcc ggagggactc  
601 ttgccgtaaa accccccaaat ttccaaagg ttgacctcg atcaggtagg aatacccgct  
661 gaacttaagc atatcaataa gcggagggaaa agaaaccaac agggattgcc tcagtaacgg  
721 cgagtgaagc ggcaacagct caaattgaa atctggccct aggcccagtg tctaattgc  
781 agaggatgct ttgggtcggt tgccctcaa gttccctaga acgggacgccc agagagggtg  
841 agagccccgt acagttggac accaagcctt tgtaaagctc ctgcacgag tcgagtagtt  
901 tggaaatgct gctaaaaatg ggaggtatat ttcttctaaa gctaaatacc ggccagagac  
961 cgatagcgca caagtagagt gatcgaaaga taaaagcac tttgaaaaga gggtaaaca  
1021 gcacgtgaaa ttgtaaaag ggaagcgctt gtgaccagac ttgcgtccgg tgaatcaccc  
1081 agctctcgcg gctggggcac ttgcgggct caggccagca tcagctcgct gtcgggaca  
1141 aaagcttcag gaacgttagct ctctcggtt agtggtagt cctgttgcataatcccttc  
1201 ggcgggctga ggtacgcgct ccgcaaggat gctggcataa tggtcatcg cgaccggct  
1261 taaaacacgg accaaggagt caaccctatg tgcgagtgtt cgggtgtcaa acccctacgc  
1321 gtaatgaaag tgaacgcagg tgagagcttc ggcgcataat cgaccgatcc tggatgttctc  
1381 ggtggattt gagaagagc atatagggtt ggacccgaaa gaaggtgaac tatgcgtgta  
1441 tagggtaag ccagaggaaa ctctgggtt ggctcgacg gttctgacg tcaaatacg  
1501 tcgtcaaata tgccatggg ggccaaagac taatcgaa

```

Score = 1037 bits (561), Expect = 0.0
Identities = 566/568 (99%), Gaps = 1/568 (0%)
Strand=Plus/Minus
Query 1   GGAAATTC-C-ACCTGATCCGGAGTCAACCTTTGGAAATTGGGGGTITTAACGGCAAGAG  59
Sbjct 657  GGATATTCC-TACCTGATCCGGAGTCAACCTTTGGAAATTGGGGGTITTAACGGCAAGAG  598
Query 60  TCCCTCGGATC-CAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTC  119
Sbjct 597  TCCCTCGGATC-CAGTGGAGACGTAAAGTTACTACGCCAAAGGAGGCTCCGGAGGGTC  538
Query 120 CGCACTACCC-TTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACCAAACAGCAGGGCTGAG  179
Sbjct 537  CGCACTACCC-TTGAGGGCCTACATCAGCTGTAGGGCCCCAACCAAACAGCAGGGCTGAG  478
Query 180 GGTGAAATGACGCTGAAAGGGCATGCCGGCCAGAATCTGGGGGGCAATGTGGCTT  239
Sbjct 477  GGTGAAATGACGCTGAAAGGGCATGCCGGCCAGAATCTGGGGGGCAATGTGGCTT  418
Query 240 CAAAGATTGGATGATTCACTGAATTCTGCATAATTCAATTACTTATCGATTTCGGCTGGT  299
Sbjct 417  CAAAGATTGGATGATTCACTGAATTCTGCATAATTCAATTACTTATCGATTTCGGCTGGT  358
Query 300 TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCCTTGTAAAGTTTGTATTTCGCTTGAC  359
Sbjct 357  TCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCCTTGTAAAGTTTGTATTTCGCTTGAC  298
Query 360 CACTCAGAAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTATCCTCCGGGGCCCGACCCGC  419
Sbjct 297  CACTCAGAAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTATCCTCCGGGGCCCGACCCGC  238
Query 420 CGGGGGCGGGAGGCCGGAGCGTACCGGAGACCTAACCGGCCAACAAACAGTTATAGG  479
Sbjct 237  CGGGGGCGGGAGGCCGGAGCGTACCGGAGACCTAACCGGCCAACAAACAGTTATAGG  178
Query 480 TATGTCACAAGGGTTATAGAGCTAAACTCAGTAAATGATCCTCCGCTGGTACCAA  539
Sbjct 177  TATGTCACAAGGGTTATAGAGCTAAACTCAGTAAATGATCCTCCGCTGGTACCAA  118
Query 540 CGGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC  567
Sbjct 117  CGGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC  90

```

Figura 94. Mapa de alineamiento del aislado AgfNay2.

### 3.9.30 Aislado de aguacate has procedente del estado de Michoacán (AghMic3A)

#### 3.9.30.1 Secuencia edita

```
AGCGGAGGGTCTTACTGAGTTACGCTCTATAACCCTTGAAACATAACCTATAACT  
GTTGCTTCGGCGGGTAGGGTCTCCGTGACCCCTCCGGCCTCCGCCCGGGCGGGT  
CGGCGCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAAACGACGTTCTGAGTGGTA  
CAAGCAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTGGTCTGGCATCGATGAAGA  
ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCACTGAGCGTCAT  
TTGAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCAT  
TTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTAAA  
GGTAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGTAACTTACGTCTCGCACTG  
GGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCAATTCAAAGGTTGACCTCGGA  
TCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAACATCAATAA
```

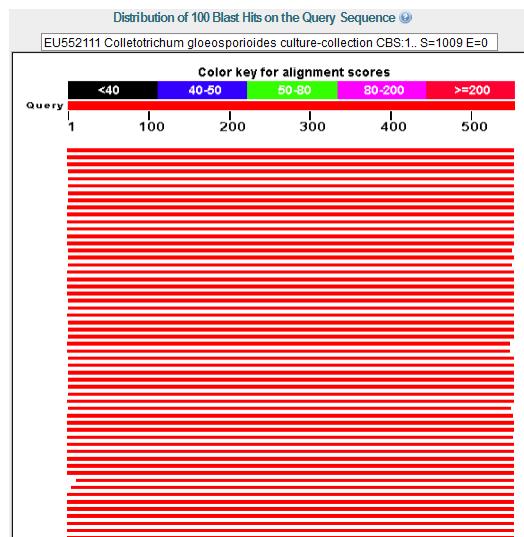


Figura 95. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado AghMic3A.

### 3.9.30.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS EU552111 1539 bp DNA linear PLN 03-OCT-2008

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* culture-collection CBS:122687 18S

ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer

1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,

complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU552111

VERSION EU552111.1 GI:189909439

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;

Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;

Glomerella.

ORIGIN

1 gaatggctca gtgaggcttt cgactgatc taagggagga ggcaactttt cccctggtc

61 ggaaagttat ccaaactcg tcatttagag gaagtaaaag tcgtacaac ag gtctccgttg

121 gtgaaccagc ggagggatca ttactgagtt tacgcttat aacccttgtt gaacataacct

181 ataactgtt cttcggcggg tagggctcc gtgaccctcc cgccctcccg ccccccggcgc

241 ggtcgccgc cggcggagga taaccaaact ctgatttaac gacgttctt ctgagtggta

301 caagcaaata atcaaaaactt ttaacaacgg atctcttgg tctggcatcg atgaagaacg

361 cagcgaatg cgataagtaa tgtgaattgc agaattcagt gaatcatcga atcttgaac

421 gcacattgcg cccgccagca ttctggcggg catgcctgtt cgagcgcat ttcaaccctc

481 aagctctgct tggtgtggg gccctacagc tcatgttaggc cctcaaagggt agtggcggac  
541 cctccggag ctcctttgc gtagtaactt tacgtctcg actggatcc ggagggactc  
601 ttgccgtaaa accccccaaat ttccaaagg ttgacctcg atcaggtagg aatacccgct  
661 gaacttaagc atatcaataa gcggagggaaa agaaaccaac agggattgcc tcagtaacgg  
721 cgagtgaagc ggcaacagct caaattgaa atctggccct aggcccagtg tctaattgc  
781 agaggatgct ttgggtcggt tgccctcaa gttccctaga acgggacgccc agagagggtg  
841 agagccccgt acagttggac accaagcctt tgtaaagctc ctgcacgag tcgagtagtt  
901 tggaaatgct gctaaaaatg ggaggtatat ttcttctaaa gctaaatacc ggccagagac  
961 cgatagcgca caagtagagt gatcgaaaga taaaagcac tttgaaaaga gggtaaaca  
1021 gcacgtgaaa ttgtaaaag ggaagcgctt gtgaccagac ttgcgtccgg tgaatcaccc  
1081 agctctcgcg gctggggcac ttgcggcgtt caggccagca tcagctcgct gtcgggaca  
1141 aaagcttcag gaacgttagct ctctcggtt agtggtagt cctgttgcat aatacccttc  
1201 ggcgggctga ggtacgcgct ccgcaaggat gctggcataa tggtcatcg cgacccgtct  
1261 taaaacacgg accaaggagt caaccctatg tgcgagtgtt cgggtgtcaa acccctacgc  
1321 gtaatgaaag tgaacgcagg tgagagcttc ggcgcataat cgaccgatcc tggatgttctc  
1381 ggtggattt gagtaagagc atatagggtt ggacccgaaa gaaggtgaac tatgcgtgta  
1441 tagggtaag ccagaggaaa ctctgggtt ggctcgacg gttctgacg tcaaatacg  
1501 tcgtcaaata tgccatggg ggccaaagac taatcgaa

```

Score = 1009 bits (546), Expect = 0.0
Identities = 551/553 (99%), Gaps = 2/553 (0%)
Strand=Plus/Plus
Query 1  ACCGGAGGG-TC-TTACTGAGTTACGGCTCTATAACCCCTTGTGAACTATACCTATAACTG  58
Sbjct 128 ACCGGAGGGATCAATTACTGAGTTACGGCTCTATAACCCCTTGTGAACTATACCTATAACTG  187
Query 59  TTGCTTGGCGGGTAGGGTCTCGGTGACCCCTCCGGCTCCGGCCCGGGCGGGTGGC  118
Sbjct 188 TTGCTTGGCGGGTAGGGTCTCGGTGACCCCTCCGGCCCTCCGGCCCGGGCGGGTGGC  247
Query 119 GCCCCCGGAGGGATAACCAAACCTCTGATTTAACGACGTTCTCTGACTGGTACAAGCAA  178
Sbjct 248 GCCCCCGGAGGGATAACCAAACCTCTGATTTAACGACGTTCTCTGACTGGTACAAGCAA  307
Query 179 ATAATCAAACACTTTAACAAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACCGCAGCAA  238
Sbjct 308 ATATCAAACACTTTAACAAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACCGCAGCAA  367
Query 239 ATGGCGATAAAGTAATGTGAATTGAGAATTCACTGAATCATCGAATCTTGACGCCATT  298
Sbjct 368 ATGGCGATAAAGTAATGTGAATTGAGAATTCACTGAATCATCGAATCTTGACGCCATT  427
Query 299 GGGCCCCCCCACCATCTGGGGGGCATGCCCTGTTGGAGGCTCATTTCAACCCCTCAAGCT  358
Sbjct 428 GGGCCCCCCCACCATCTGGGGGGCATGCCCTGTTGGAGGCTCATTTCAACCCCTCAAGCT  487
Query 359 CCTTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGGCCCTCAAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCG  418
Sbjct 488 CCTTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGGCCCTCAAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCG  547
Query 419 GAGCCTCCCTTGGCTAGTAACCTTACGGCTCTGGCACTGGGATCCGGAGGGGACTCTTGGCGT  478
Sbjct 548 GAGCCTCCCTTGGCTAGTAACCTTACGGCTCTGGCACTGGGATCCGGAGGGGACTCTTGGCGT  607
Query 479 AAAACCCCCCAATTTCACAAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTTA  538
Sbjct 608 AAAACCCCCCAATTTCACAAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTTA  667
Query 539 ACCATAATCAATAA  551
Sbjct 668 ACCATAATCAATAA  680

```

Figura 96. Mapa de alineamiento del aislado AghMic3A.

### 3.9.31 Aislado de aguacate hass procedente del estado de Michoacán (AghMic4)

#### 3.9.31.1 Secuencia edita

```
AGCGGAGGGTCTTACTGAGTTACGCTCTACAACCCTTGAAACATAACCTATAACT
GTTGCTTCGGCGGGCAGGGTCTCCGTGACCCTCCGGCTCCGCCGGGGGGGGGGT
CGGCGCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAACGACGTTCTCTGAGTGGTA
CAAGCAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTGGTCTGGCATCGATGAAGA
ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGAGAATTCACTGAGTGAATCATCGAATC
TTGAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCAT
TTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCCCTACGGCTGACGTAGGCCCTCAAA
GGTAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGTAACTTACGTCTCGCACTG
GGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCAATTCAAAGGTTGACCTCGGAT
CAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAACGATATCAA
```

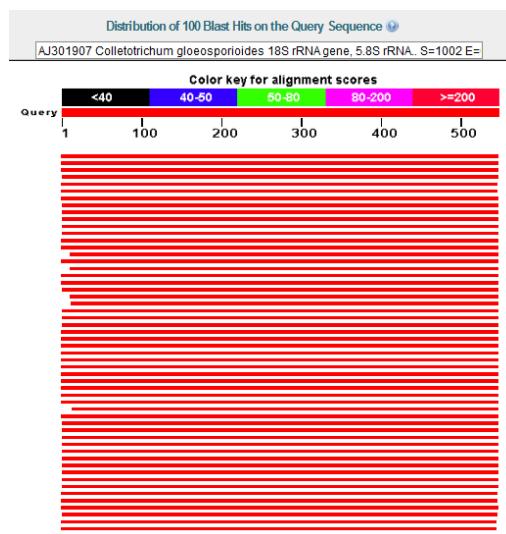


Figura 97. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado AghMic4.

### 3.9.31.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AJ301907 2867 bp DNA linear PLN 30-OCT-2002

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* 18S rRNA gene, 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 70048.

ACCESSION AJ301907

VERSION AJ301907.1 GI:17426611

KEYWORDS 18S ribosomal RNA; 18S rRNA gene; 28S ribosomal RNA; 28S rRNA gene;

5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.

SOURCE *Glomerella cingulata*

ORGANISM [Glomerella cingulata](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 aaagattaag ccatgcgtt ctaagtataa gcaattatac agcgaaactg cgaatggctc  
61 attatataag ttatcggtt tttgatagta ctttactact tggataaccg tggtaattct  
121 agagctaata catgctaaaa atcccgactt acgaaggat gtatttatta gattaaaaac  
181 caatgccctt cggggctcac tggtgattca taataacttc tcgaatcgca tggccttgcg  
241 ccggcgatgg ttcattcaaa ttcttccct atcaactttc gatgcttagag tagtgttcta  
301 gcatggttac aacgggtaac ggagggttag ggctcgaccc cggagaagga gcctgagaaa  
361 cggctactac atccaaggaa ggcagcaggc gcgcaaattt cccaatcccg acacggggag

421 gtagtgacga taaatactga tacagggc tc ttgggtct tgtaattt gga atgagtaaa  
481 tttaaatccc ttaacgagga acaattggag ggcaagtctg gtgccagcag ccgcggtaat  
541 tccagctcca atagcgtata ttaaagtgt tggttaaa aagctcgtag tagaaccttg  
601 gccccggctg gccggccgc ctcaccgcgt gcactggtcc ggccgggcct ttccccctgt  
661 ggaacctcat gcccttcact gggtgtgtgg gaaaacagga ctttacttt gaaaaaatta  
721 gagtgctcca ggcaggccta tgctcgaata cattagcatg gaataataga ataggacgtg  
781 tggttctatt ttgttggttt ctaggaccgc cgtaatgatt aataggaca gtcggggca  
841 tcagtattca attgtcagag gtgaaattct tggatttattt gaagactaac tactcgaaaa  
901 gcatttgc ca aggatgtttt catttatcag gaacgaaagt tagggatcg aagacgatca  
961 gataccgtcg tagtcttaac cataaaactat gccgactagg gatcggacga tttttttt  
1021 tgactcggttc ggcaccc tac gagaatcaa agtgcttggg ctccaggggg agtatggc  
1081 caaggctgaa acttaaagaa attgacggaa gggcaccacc aggggtggag cctgcggc  
1141 aatttgc aacacgggaa aactcaccag gtccagacac aataggattt gacagatttga  
1201 gagctcttc ttgattttgtt ggggtgggtt gcatggccgt tcttagttgg tggagtgtt  
1261 tgtctgctta attgcataa cgaacgagac cttaacctgc taaatagccc gtattgc  
1321 ggcagtacgc tggctctta gaggactat cggctcaagc cgatggaagt ttgaggcaat  
1381 aacaggtctg tggatgcctt agatgttctg ggccgcacgc gcttacact gacagagcca  
1441 gcgagttactt ctttgactta aaagtccggg taatcttgg aaactctgtc gtgctgggaa  
1501 tagagcattt caattattgc tcttcaacga ggaatcccta gtaagcgc aa gtcac  
1561 tgcgttgatt acgtccctgc ctttgtaca caccggccgt cgctactacc gattgaatgg  
1621 ctcagtgagg ctggactt gatctaagg aggaggcaac tctccccc ggtcgaaag  
1681 ttatccaaac tcggcattt agaggaagta aaagtcgtaa caaggctcc gtttgtgaac  
1741 cagcggaggg atcattactg agttacgct ctacaaccct ttgtgaacat acctataact

1801 gttgcttcgg cgggcagggt ctccgtgacc ctccccgcct cccgcccccg ggcgggtcgg  
1861 cgcccgccgg aggataacca aactctgatt taacgacgtt tcttctgagt ggtacaagca  
1921 aataatcaaa actttaaca acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga  
1981 aatgcgataa gtaatgtcaa ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatctt gaacgcacat  
2041 tgcgcccggc agcattctgg cgggcatgcc tggtcgagcg tcattcaac cctcaagctc  
2101 tgcttggtgt tggggcccta cggctgacgt aggcctcaa aggttagtggc ggaccctccc  
2161 ggagcctcct ttgcgtagta actttacgtc tcgcactggg atccggaggg actcttgccg  
2221 taaaaccccc aatttccaa aggtgacct cggatcaggt aggaataccc gctgaactta  
2281 agcatatcaa taagcggagg aaaagaaacc aacaggatt gcctcagtaa cggcgagtg  
2341 agcggcaaca gctcaaattt gaaatctggc cccagggccg agttgttaatt tgcagaggat  
2401 gctttgggt aggtgccttc caagttccct agaacgggac gccagagagg gtgagagccc  
2461 cgtacagtg gacaccgagc cttgtaaag ctcctcgac gagtcgagta gtttggaat  
2521 gctgctcaa atgggaggtt tatttcttct aaagctaaat accggccaga gaccgatagc  
2581 gcacaagtag agtgatcgaa agatgaaaag cacttgaaa agagggtaa acagcacgt  
2641 aaattgttaa aagggaagcg ctgtgacca gacttgcgtc cggtaatca cccagctctc  
2701 gcggctgggg cacttcgccc gtcaggcca gcatcagctc gctgtcgggg acaaaagctt  
2761 caggaacgta gctctttcg gggagtgtta tagcctgttgcataataccc ttggcgcc  
2821 tgaggtacgc gctccgcaag gatgctggca taatggtcat cagcgac

```

Score = 1002 bits (542), Expect = 0.0
Identities = 547/549 (95%), Gaps = 2/549 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query 1      AGCGGGAGGG-TC-TTACTGAGTTACGGCTCTACAACCCTTGTGAACATAACCTATAACTG 58
Sbjct 1742   AGCGGGAGGGATCAITACTGAGTTACGGCTCTACAACCCTTGTGAACATAACCTATAACTG 1801
Query 59     TTGCTTCGGCGGGCAAGGGTCTCGGTGACCCCTCGGCCCTCCGCCCGGGGGTTCGGC 118
Sbjct 1802   TTGCTTCGGCGGGCAAGGGTCTCGGTGACCCCTCGGCCCTCCGCCCGGGGGTTCGGC 1861
Query 119    GCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAAACGAGTTCTCTGAGTGTACAAGCAA 178
Sbjct 1862   GCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAAACGAGTTCTCTGAGTGTACAAGCAA 1921
Query 179    ATAATCAAACACTTTAACACCGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAGAACCGCAGCAA 238
Sbjct 1922   ATAATCAAACACTTTAACACCGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAGAACCGCAGCAA 1981
Query 239    ATGGATAAGTAATGTGAATTGAGAATTCACTGAGTAATCATGAACTTTGAAACCCACATT 298
Sbjct 1982   ATGGATAAGTAATGTGAATTGAGAATTCACTGAGTAATCATGAACTTTGAAACCCACATT 2041
Query 299    GCCCCCCCCACGAACTCTGGCGGCATCCCTGTGAGGGCATTTCAACCCCTCAAGCTCT 358
Sbjct 2042   GCCCCCCCCACGAACTCTGGCGGCATCCCTGTGAGGGCATTTCAACCCCTCAAGCTCT 2101
Query 359    GCCTGGTGTGGGGCCCTACGGCTGACGTAGGCCCTCAAGGGTAGTGGGGACCCCTCCG 418
Sbjct 2102   GCCTGGTGTGGGGCCCTACGGCTGACGTAGGCCCTCAAGGGTAGTGGGGACCCCTCCG 2161
Query 419    GAGCTCTCTTTCGCTAGTAACCTTACCTCTGGCATGGGATCCGGAGGGACCTCTGGCT 478
Sbjct 2162   GAGCTCTCTTTCGCTAGTAACCTTACCTCTGGCATGGGATCCGGAGGGACCTCTGGCT 2221
Query 479    AAAACCCCAAATTTCCAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCCTGACTTAA 538
Sbjct 2222   AAAACCCCAAATTTCCAAGGTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCCTGACTTAA 2281
Query 539    GCATATCAA 547
Sbjct 2282   GCATATCAA 2290

```

Figura 98. Mapa de alineamiento del aislado AghMic4.

### 3.9.32 Aislado de flor de limón mexicano procedente del estado de Veracruz (LimVer1)

#### 3.9.32.1 Secuencia edita

```
GC GGAGGGTCTTACTGAGTTACCGCTCTATAACCCTTGTGAACGTACCTAACCGTT  
GCTTCGGCGGGCAGGGGAAGCCTCTCGCGGGCCTCCCTCCGGGCCGGCCCCA  
CCACGGGGACGGGGGCCGCCGGAGGAAACCAAACCTCTATTACACGACGTCTCT  
TCTGAGTGGCACAGCAAATAATTAAAACCTTTAACAAACGGATCTCTGGTTCTGGC  
ATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCA  
ATCATCGAATCTTGAAACGCACATTGCCTCGCCAGCATTCTGGCGAGCATGCCTGT  
TCGAGCGTCATTCAACCTCAAGCACCGCTGGTTGGGGCCCCACGGCACACGT  
GGGCCCTAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGTAAC  
TCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCAATTCTTACAGGT  
TGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAACGCATATCA
```

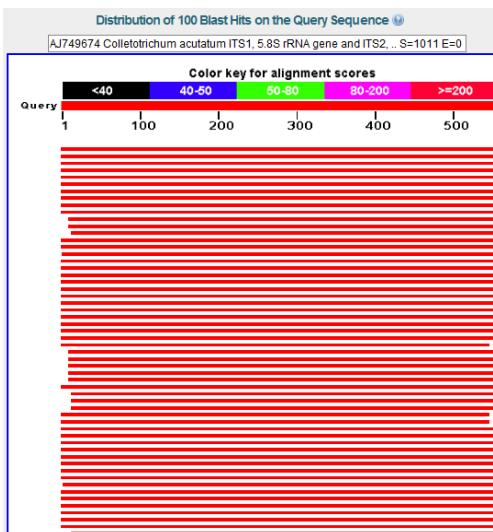


Figura 99. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado LimVer1.

#### 3.9.32.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AJ749674

584 bp DNA linear PLN 08-JAN-2007

DEFINITION *Colletotrichum acutatum* ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, isolate

CA546.

ACCESSION AJ749674

VERSION AJ749674.1 GI:121487785

KEYWORDS 5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.

SOURCE Glomerella acutata

ORGANISM [Glomerella acutata](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

1 tccgtaggtg aaccagcgg a gggatcatta ctgagttacc gctctataac ccttttgtaa  
61 cgtaccta ac cggtgc ttcg g cgggcagg g a agcccttc gcgggcctcc cctccggc  
121 ccggccccca ccacggggac ggggcgc cccg cggaggaaa ccaaactcta ttacacgac  
181 gtctttctg agtggcaca a gcaaataatt aaaactttta acaacggatc tcttggttct  
241 ggcacatcgatg aagaacgcag c gaaatgcga taagtaatgt gaattgcaga attcagtgaa  
301 tcatcaatc tttgaacgca cattgcgc tc gccagcattc tggcgagcat gcctgtcga  
361 ggcgtcatttc aaccctcaag caccgc ttggcc ccacggcaca cgtggccct  
421 tgaaggtagt ggccggaccct cccggagcct ctttgcgt a gtaacta acg tctgcactg  
481 ggatccggag ggactttgc cgtaaaaccc cccaattt tacaggta cctcggatca  
541 ggttagaata cccgctgaac ttaagcatat caataagcgg agga

```

Score = 1011 bits (547), Expect = 0.0
Identities = 554/557 (99%), Gaps = 2/557 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query  1   GCGGAGGG-TC-TTACTGAGTTACCGCTCTATAACCCTTTGAACTAACCTAACCGTTG  58
Sbjct  16   GCGGAGGGATCATTTACTGAGTTACCGCTCTATAACCCTTTGAACTAACCTAACCGTTG  75
Query  59   CTTGGCGGGCAGGGAAGCCCTCTGGCGGGCCCTCCCTCCGGCGCCGCCGCCACCG  118
Sbjct  76   CTTGGCGGGCAAGGGAAAGCCCTCTGGCGGGCCCTCCCTCCGGCGCCGCCGCCACCG  135
Query  119  GGACACGGCGCCGCCCGAGGGAAACCAAACCTTATTACACGAGCTCTCTGTAGTG  178
Sbjct  136  GGACACGGCGCCGCCCGAGGGAAACCAAACCTTATTACACGAGCTCTCTGTAGTG  195
Query  179  CACAGCCAATAATTAAAACCTTAAACAGGAATCTTGGTTCCTGGCATGAGGAAGA  238
Sbjct  196  CACAGCCAATAATTAAAACCTTAAACAGGAATCTTGGTTCCTGGCATGAGGAAGA  255
Query  239  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGGAATTCAGTGAATCAITCGAACTTITA  298
Sbjct  256  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGGAATTCAGTGAATCAITCGAACTTITA  315
Query  299  ACGCACATTGGCTCGCCAGCATTTCTGGCGAGCATGGCTGTGAGGGCATTTCAACC  358
Sbjct  316  ACGCACATTGGCTCGCCAGCATTTCTGGCGAGCATGGCTGTGAGGGCATTTCAACC  375
Query  359  TCAAGGACCGCTTGGTTTGGGSCCCACCGCAACCTGGGCCCTTAAGGTAGTGGCG  418
Sbjct  376  TCAAGGACCGCTTGGTTTGGGSCCCACCGCAACCTGGGCCCTTAAGGTAGTGGCG  435
Query  419  ACCCTCCGGAGCCCTCTTGGTGTAGTAACCTAACGCTCTGGACTGGGATCCGGAGGGACT  478
Sbjct  436  ACCCTCCGGAGCCCTCTTGGTGTAGTAACCTAACGCTCTGGACTGGGATCCGGAGGGACT  495
Query  479  CTGGCGTAAACCCCCCAATTCTTACAGGTGACCTGGATCAGGTAGGAATACCCGC  538
Sbjct  496  CTGGCGTAAACCCCCCAATTCTTACAGGTGACCTGGATCAGGTAGGAATACCCGC  555
Query  539  TGAACCTAACGATATCA  555
Sbjct  556  TGAACCTAACGATATCA  572

```

Figura 100. Mapa de alineamiento del aislado LimVer1.

### 3.9.33 Aislado de flor de limón mexicano procedente del estado de Colima (LimCol2)

#### 3.9.33.1 Secuencia edita

```
CGGGATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTGTAAAGAATTGGGGGGTTTACGGCAAG  
AGTCCCTCCGGATCCCAGTGCAGACGTTAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGA  
GGGTCCGCCACTACCTTAAGGGCCCACGTGTGCCGTGGGGCCCCAAAACCAAGCG  
GTGCTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCTGCCAGAATGCTGGCGAG  
CGCAATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTAT  
CGCATTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTT  
TTAATTATTGCTGTGCCACTCAGAAGAGACGTCGTAAATAGAGTTGGTTTCCT  
CCGGCGGGCGCCCCGTCCCCGTGGTGGGGGCCGGCGCCGGAGGGAGGGCCCGCGA  
GAGGCTCCCTGCCGCCGAAGCAACGGTTAGGTACGTTACAAAGGGTTATAGA  
GCGGTAACTCAGTAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGACT  
TTTACTTCC
```

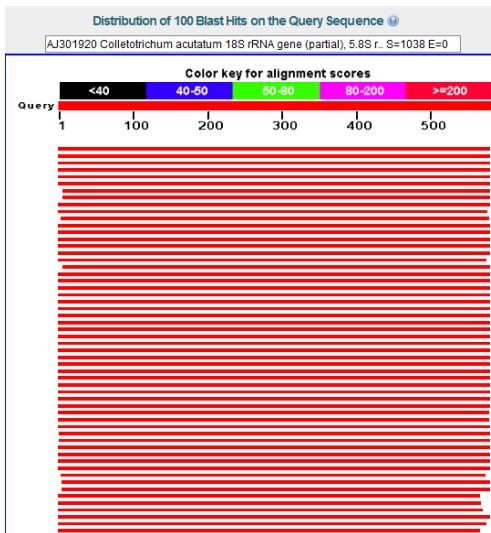


Figura 101. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado LimCol2.

### 3.9.33.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AJ301920 1180 bp DNA linear PLN 30-OCT-2002

DEFINITION *Colletotrichum acutatum* 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 70348.

ACCESSION AJ301920

VERSION AJ301920.1 GI:17426624

KEYWORDS 18S ribosomal RNA; 18S rRNA gene; 28S ribosomal RNA; 28S rRNA gene;

5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.

SOURCE *Glomerella acutata*

ORGANISM [Glomerella acutata](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae; Glomerella.

ORIGIN

1 ggcaccacca ggggtggann ctgcggctta atttgactca acacggggaa actcaccagg

61 tccagacaca atgaggattg acagatttag agctttct tgattttgtg ggtgggtgt

121 catggccgtt cttagtttgtt ggagtgttgc ttgtcgatatac gaacgagacc

181 ttaacctgct aaatagccccg tattgcttg gcagtacgcc ggcttcttag agggactatc

241 ggctcaagcc gatggaagtt tgaggcaata acaggctgt gatgccctta gatgttctgg

301 gcccacgca cggttacactg acggagccag cgagttctcc cttggccgga aggccccgggt

361 aatcttgtta aactccgtcg tgctggggat agagcattgc aattattgtt cttcaacgag

Score	= 1038 bytes (562), Expect = 0.0	Identities = 573/578 (99%), Gaps = 2/578 (0%)	Strand=Plus/Minus	
Query 1	CGGG-AIT-CIACCTGATCCGGGGTCAACCTGTAAAGAATGGGGGGTTTACGGCAAGA			58
Sbjct 1170	CGGGTATTCIACCTGATCCGGGGTCAACCTGTAAAGAATGGGGGGTTTACGGCAAGA			1111
Query 19	GTCCTCCCGGCAATCAGGCTGAGCGTTAGTACTACGCAAAAGGAGCTCGGGAGGGTC			118
Sbjct 1110	GTCCCCGAGTCCTCCAGGCTGAGCGTTAGTACTACGCAAAAGGAGCTCGGGAGGGTC			1051
Query 119	GCGCCATACCTTTAAGGGGCCAGGCGTGCGCTGGGCCAACAAAAGGGCTGGCTTGA			178
Sbjct 1050	GCGCCATACCTTTAAGGGGCCAGGCGTGCGCTGGGCCAACAAAAGGGCTGGCTTGA			991
Query 179	GTTGAAATGAGCCTGCAACGACCTGCCTGGCGAAATGCTGGCGACGCCATTCGCTT			238
Sbjct 990	GTTGAAATGAGCCTGCAACGACCTGCCTGGCGAAATGCTGGCGACGCCATTCGCTT			931
Query 239	CAAAATGATGATGATTCACTGAACTTCGCAATTACATACATTCTGCATTGCGCTG			298
Sbjct 930	CAAAATGATGATGATTCACTGAACTTCGCAATTACATACATTCTGCATTGCGCTG			871
Query 299	ICTTACATGAGCAAGCAAAAGGATCGCTGGTTAAAGGTTAAATTATTCGCTGTC			358
Sbjct 870	ICTTACATGAGCAAGCAAAAGGATCGCTGGTTAAAGGTTAAATTATTCGCTGTC			811
Query 359	CAGTAAAGAAAGAAAGCTGCTTAAGGTTCTTCTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG			418
Sbjct 810	CACTCAAGAAGAACGCTGCTTAAGGTTCTTCTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG			751
Query 419	GTGGTGGGGGGCGCGCCCCGGAGGGAGGCCCGAGAGCTTCCTCCGGCCGGAGAGC			478
Sbjct 750	GTGGTGGGGGGCGCGCCCCGGAGGGAGGCCCGAGAGCTTCCTCCGGCCGGAGAGC			691
Query 479	AACGGTTAGTAGTACGTTCAAAAGGTTATAGACGGCTTAACCTGAGTTAAATGATCC			538
Sbjct 690	AACGGTTAGTAGTACGTTCAAAAGGTTATAGACGGCTTAACCTGAGTTAAATGATCC			631
Query 539	GTTGACCAACGGCGAACCTGTTAGCTTACCTGACTTCTGCTTCTGCTTCTGCT	576		
Sbjct 630	GTTGACCAACGGCGAACCTGTTAGCTTACCTGACTTCTGCTTCTGCTTCTGCT	593		

Figura 102. Mapa de alineamiento del aislado LimCol2.

### 3.9.34 Aislado de flor de limón persa procedente del estado de Oaxaca (LipOax3)

#### 3.9.34.1 Secuencia edita

```
CTTGTAAGCGGAGGGTCTTACTGAGTTACGCTCTACAACCCTTGTGAACATACCT
ACAACTGTTGCTCGGCCGGTAGGGTCTCCGCGACCCTCCCAGCCTCCGCCTCCGG
GCGGGTCGGCGCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTAAACGACGTTCTTCTGA
GTGGTACAAGCAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTGGTCTGGCATCGA
TGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCACTGAATCAT
CGAATCTTGAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAG
CGTCATTCAACCCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCCCTACAGCCATGTAGGCC
CTCAAAGGTAGTGGCGGACCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGTAACTTACGTCTC
GCACTGGGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCCAATTCCAAAGGTTGAC
CTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAACGATAAAAAGGCGAAACGATT
TTTTTTTTTTTTGTATGCCCTCAGAAAAGCGCTCGAACCTGTGACAC
```

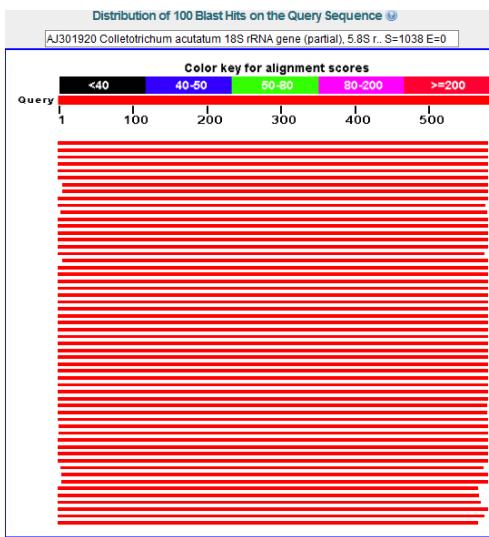


Figura 103. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado LipOax3.

### 3.9.34.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS AJ301920 1180 bp DNA linear PLN 30-OCT-2002

DEFINITION *Colletotrichum acutatum* 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 70348.

ACCESSION AJ301920

VERSION AJ301920.1 GI:17426624

KEYWORDS 18S ribosomal RNA; 18S rRNA gene; 28S ribosomal RNA; 28S rRNA gene;

5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.

SOURCE *Glomerella acutata*

ORGANISM [Glomerella acutata](#)

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae; Glomerella.

ORIGIN

1 ggcaccacca ggggtggann ctgcggctta atttgactca acacggggaa actcaccagg

61 tccagacaca atgaggattg acagatttag agctttct tgattttgtg ggtgggtgt

121 catggccgtt cttagtttgtt ggagtgttgc ttgtcgatatac gaacgagacc

181 ttaacctgct aaatagccccg tattgcttg gcagtacgcc ggcttcttag agggactatc

241 ggctcaagcc gatggaagtt tgaggcaata acaggctgt gatgccctta gatgtctgg

301 gcccacgca cggttacactg acggagccag cgagttctcc cttggccgga aggccccgggt

361 aatcttgtta aactccgtcg tgctggggat agagcattgc aattattgtt cttcaacgag



### 3.9.35 Aislado de flor de naranja procedente del estado de Oaxaca (NarOax1)

#### 3.9.35.1 Secuencia edita

```
ATTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTC  
CCTCCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGAGGG  
TCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCGGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAG  
CTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGC  
AATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGC  
ATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTG  
ATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCC  
GGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCCTAC  
CCGCCGAAGCAACAGTTGAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAG  
TAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGACTTTTACTTC
```

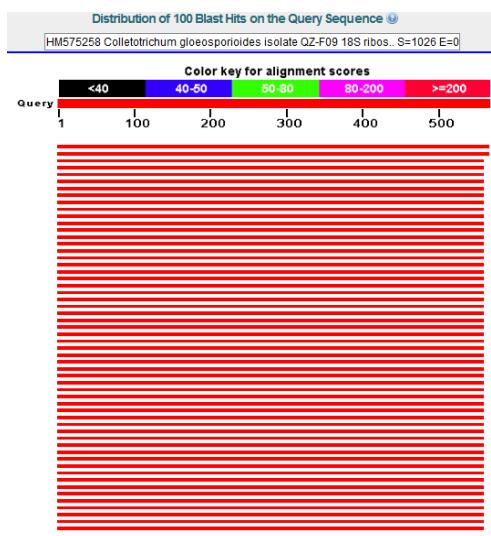


Figura 104. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado NarOax1.

### 3.9.35.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HM575258 600 bp DNA linear PLN 27-SEP-2010

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate QZ-F09 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION HM575258

VERSION HM575258.1 GI:307603169

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 ggaagtaaaa agtcgtaca aaggctccgt tggtaacca gcggagggat cattactgag  
61 ttacgcctc acaaccctt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg gtagggct  
121 ccgcgaccct cccggctcc cgccctccggg cgggtcggcg cccgcggag gataaccaa  
181 ctctgattt acgacgttc ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaaaac ttttaacaac  
241 ggatctctt gttctggcat cgatgaagaa cgcagcggaa tgcgataagt aatgtgaatt  
301 gcagaattca gtgaatcatc gaatcttga acgcacattt cgccccccag cattctggcg  
361 ggcatgcctg ttcgagcgctc attcaaccc tcaagctctg cttgggttg gggccctaca  
421 gccgatgttag gccctcaaag gtagtggcg accctccgg agcctcctt gcgttagtaac

481 ttacgtctc gcactggat ccggagggac tcttgccgta aaaccccca atttccaaa

541 gttgacctc ggatcaggta ggaatacccg ctgaactaa gcatatcaat aagcggagga

Score = 1026 bits (555), Expect = 0.0  
Identities = 562/565 (99%), Gaps = 2/565 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	Subject	Length
1	565	59
60	565	119
905	565	446
120	565	179
445	565	386
180	565	239
385	565	326
240	565	299
325	565	266
300	565	359
265	565	206
360	565	419
205	565	146
420	565	479
145	565	86
480	565	539
85	565	26
540	565	564
25	565	2

Figura 105. Mapa de alineamiento del aislado NarOax1.

### 3.9.36 Aislado de flor de naranja procedente del estado de Oaxaca (NarOax2)

#### 3.9.36.1 Secuencia edita

```
TTCCTACCTGATCCGAGGTCAACCTTGGAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTC  
CCTCCGGATCCCAGTGCGAGACGTAAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGGAGGG  
TCCGCCACTACCTTGAGGGCCTACATCGGCTGTAGGGCCCCAACACCAAGCAGAG  
CTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGC  
AATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTATCGC  
ATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTG  
ATTATTGCTTGTACCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTTATCCTCC  
GGCGGGCGCCGACCCGCCGGAGGCGGGAGGCCGGAGGGTCGCGGAGACCCTAC  
CCGCCGAAGCAACAGTTGAGGTATGTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAG  
TAATGATCCCTCCGCTGGTTACCAACGGAGACCTTGTACGACTTTACTTCC
```

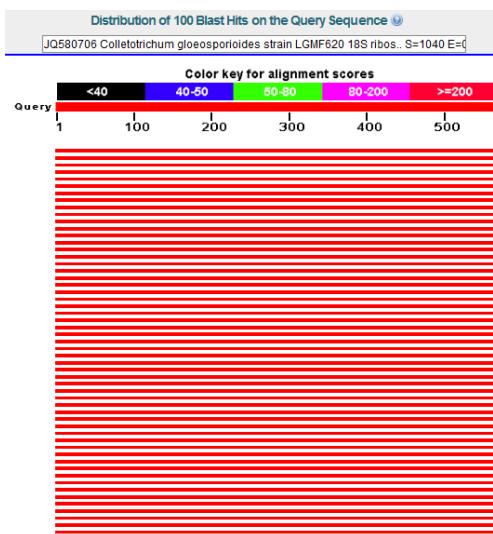


Figura 106. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado NarOax2.

### 3.9.36.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS JQ580706 841 bp DNA linear PLN 07-MAY-2012

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* strain LGMF620 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION JQ580706

VERSION JQ580706.1 GI:385862519

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 agtgaggctt tcggactgat ctaagggagg aggcaactct tccccctggc cgaaaagtta  
61 tccaaactcg gtcatttaga ggaagtaaaa gtcgtAACAA ggtctccgtt ggtgaaccag  
121 cggagggatc attactgagt ttacgctcta caaccctttg tgaacataacc tacaactgtt  
181 gttcggcgg gtagggtctc cgcgaccctc cggcctccc gcctccggc gggtcggcgc  
241 ccgcggagg ataaccaaac tctgattaa cgacgttct tctgagtgg acaagcaaat  
301 aatcaaaaact ttacaacaacg gatctttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcgaaat  
361 gcgataagta atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatcttgaa cgcacattgc  
421 gcccggcagc attctggcgg gcatgcgtt tcgagcgtca tttcaaccct caagctctgc

481 ttgggttgg ggcctacag ccgatgttagg ccctcaaagg tagtggcggga ccctcccgga  
 541 gcctccttg cgtagtaact ttacgtctcg cactgggatc cgaggaggact cttgccgtaa  
 601 aacccccaat tttccaaag gttgacctcg gatcaggtag gaataccgc tgaacttaag  
 661 catatcaata agcggaggaa aagaaaccaa cagggattgc ctcagtaacg gcgagtgaag  
 721 cggcaacagc tcaaattga aatctggccc caggcccgag ttgttaatttg cagaggatgc  
 781 ttttgtgcg gtgcctcca agtccctag aacgggacgc cagaggggt gagagccccg  
 841 t

```

Score = 1040 bits (563),  Expect = 0.0
Identities = 563/563 (100%), Gaps = 0/563 (0%)
Strand=Plus/Minus

Query 1 TTCTTACCTGATCCGAGGTCAACCTTTGGAAAATGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCT 60
Sbjct 643 TTCTTACCTGATCCGAGGTCAACCTTTGGAAAATGGGGGTTTACGGCAAGAGTCCT 584
Query 61 CGGGATCCCAAGTGCGAGAGTAAGTTACTACCGAAAGGGCTCCGGAGGGTCCCGCA 120
Sbjct 583 CGGGATCCCAAGTGCGAGAGTAAGTTACTACCGAAAGGGCTCCGGAGGGTCCCGCA 524
Query 121 CTACCTTGAAGGCCCTACATGGCTGTAGGGCCCCAACACCAACAGCAGCTTGGGGTTG 180
Sbjct 523 CTACCTTGAAGGCCCTACATGGCTGTAGGGCCCCAACACCAACAGCAGCTTGGGGTTG 464
Query 181 AAATGACCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGCGGGCGCAATGTGGTTCAG 240
Sbjct 463 AAATGACCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATCTGGCGGGCGCAATGTGGTTCAG 404
Query 241 ATTCGATGATTCACTGAACTCTGCAATTGACATTACTATCGCAATTTCGCTGGTTCTC 300
Sbjct 403 ATTCGATGATTCACTGAACTCTGCAATTGACATTACTATCGCAATTTCGCTGGTTCTC 344
Query 301 ATCGATGCCAGAACAAAGGATCCTTGTAAAGTTGATAATTGCTGTACCCACTC 360
Sbjct 343 ATCGATGCCAGAACAAAGGATCCTTGTAAAGTTGATAATTGCTGTACCCACTC 284
Query 361 AGAAAGAAAGCTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCTCCGGCGGGCGCCGACCGCGCCGA 420
Sbjct 283 AGAAAGAAAGCTGTTAAATCAGAGTTGGTTATCTCCGGCGGGCGCCGACCGCGCCGA 224
Query 421 GGCGGGAGGCCGGAGGGTCCCGAGAACCTTACCCCGCGAACACAGTTGTAGTTGT 480
Sbjct 223 GGCGGGAGGCCGGAGGGTCCCGAGAACCTTACCCCGCGAACACAGTTGTAGTTGT 164
Query 481 TCACAAAGGGTTGTAAGAGCTAAACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTACCAAACGGAG 540
Sbjct 163 TCACAAAGGGTTGTAAGAGCTAAACTCAGTAATGATCCCTCGCTGGTACCAAACGGAG 104
Query 541 ACCITGTTACGACTTTACTTCC 563
Sbjct 103 ACCITGTTACGACTTTACTTCC 81
  
```

Figura 107. Mapa de alineamiento del aislado NarOax2.

### 3.9.37 Aislado de granada china procedente del estado de Puebla (GrcPue1B)

#### 3.9.37.1 Secuencia edita

```
TTCCACCTGATCCGAGGTCAACCTGTAAAAATTGGGGGGTTTACGGCAAGAGTCC  
CTCCGGATCCCAGTGCAGACGTTAAGTTACTACGCAAAGGAGGCTCCGGAGGGT  
CCGCCACTACCTTAAGGGCCTACGTCAAGCGTAGGGCCCCAAAACCAAGCGGTGC  
TTGAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCAGAATGCTGGCGGGCGCA  
ATGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTACATTACTTATCGCA  
TTTCGCTGCGTTCTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTAAAAGTTTGAT  
TATTGCTTGTGCCACTCAGAAGAACGTCGTTAAATCAGAGTTGGTGGACCTCCG  
GCGGGCGCCCCCGCGTGAGCGGGGCCGGGGCGCGAGGCCGCCACCCGCCGA  
AGCAACAGTTAAAGGTATGTTCACAAAGGGTTGTAGAGCGTAAACTCAGTAATGAT  
CCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTGTTACGACTTTACTTCCA
```

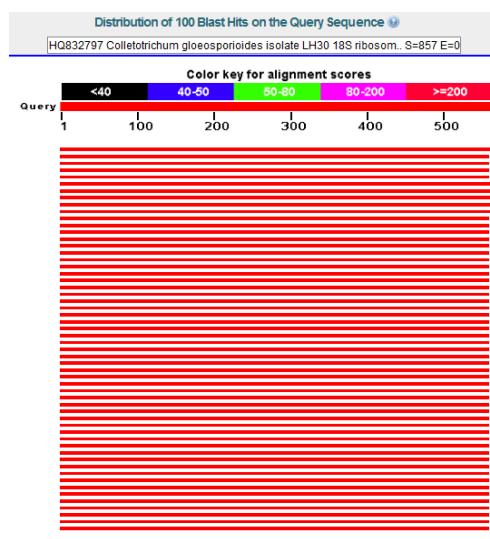


Figura 108. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado GrcPue1B.

### 3.9.37.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS HQ832797 599 bp DNA linear PLN 14-MAR-2011

DEFINITION *Colletotrichum gloeosporioides* isolate LH30 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION HQ832797

VERSION HQ832797.1 GI:325563870

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum gloeosporioides*

ORGANISM *Colletotrichum gloeosporioides*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
Glomerella.

ORIGIN

1 tggaaagtaaa agtcgtaaca aggtctccgt tggtaaccca gcggaaaggat cattactgag  
61 ttacgcctc acaaccctt gtgaacatac ctataactgt tgcttcggcg gtagggct  
121 ccgtgacccc cccggctcc cgccccggg cgggtcggcg cccgccggag gataaccaa  
181 ctctgattt acgacgttc ttctgagtgg tacaagcaaa taatcaaaaac ttttaacaac  
241 ggatctctg gttctggcat cgatgaagaa cgcagcggaa tgcgataagt aatgtgaatt  
301 gcagaattca gtgaatcatc gaatcttga acgcacattg cgcccgccag cattctggcg  
361 ggcatgcctg ttcgagcgctc attcaaccc tcaagctctg cttgggttg gggccctacg  
421 gctgacgtag gccctcaaag gtagtggcgg accctccgg agcctcctt gcgttagtaac

481 ttacgtctc gcactggat ccggagggac tcttgccgta aaaccccaa tttccaaag

541 gttgacctcg gatcaggtag gaataccgc tgaacttaag catatcaata agcggagga

Score = 857 bits (464), Expect = 0.0  
Identities = 534/566 (94%), Gaps = 12/566 (2%)  
Strand=Plus/Minus

Query 1	TTCC-ACCTGATCGAGGTCAACCTTGTA	AAAAAATTGGGGGTTTACGGCAAGGTCCCT	59
Sbjct 563	TCCTACCTGATCGAGGTCAACCTTGAA	TTGGGTTTACGGCAAGGTCCCT	505
Query 60	CGGGATCCAGTGGAGACGTTAAGTTACTAC	CCAAAGGGAGCTCCGGGAGGGTCCGCCA	119
Sbjct 504	CGGGATCCAGTGGAGACGTTAAGTTACTAC	CCAAAGGGAGCTCCGGGAGGGTCCGCCA	445
Query 120	CTACCTTAAAGGCTACGTACGGTAGGGCCCC	AAAACCAAGGGTGTGAGGGTTG	179
Sbjct 444	CTACCTTAAAGGCTACGTACGGTAGGGCCC	AAAACCAAGGGTGTGAGGGTTG	385
Query 180	AAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCGA	AATGCTGGCCTCAATGTCGGTCAAAG	239
Sbjct 384	AAATGACGCTCGAACAGGCATGCCGCCGA	AATGCTGGCCTCAATGTCGGTCAAAG	325
Query 240	ATTCGATGAACTCACTGAACTCTCAATTCA	CTTACATTTGCTTCGTTCTTC	299
Sbjct 324	ATTCGATGAACTCACTGAACTCTCAATTCA	CTTACATTTGCTTCGTTCTTC	265
Query 300	ATCGATGCCAACGAAAGAGATCCTTGTTA	AAAGTTTGTATTTGCTTGTCTTC	359
Sbjct 264	ATCGATGCCAACGAAAGAGATCCTTGTTA	AAAGTTTGTATTTGCTTGTCTTC	205
Query 360	AGAAAGAAAGTCGTTAAATCGAGTTGGTG	GACCTCCGGCGGCC--CC-GC-GTG	414
Sbjct 204	AGAAAGAAAGTCGTTAAATCGAGTTGGTG	GACCTCCGGCGGCCCGACCCCGCCGG	145
Query 415	AGCGGG-6-CGGGGGGCGCGCG-AGCGCGCCACCCGCGAAGCACAGTTAAAGGTAT	471	
Sbjct 144	AGCGGGAGGGCGGGG-GGTCACGGAGACC-CTACCGCGAACACAGTTAAAGGTAT	87	
Query 472	GTTCACAAAGGGTTGTAGACGTAAACTCA	GTAAATGATCCTCGCTGGTACACACGG	531
Sbjct 86	GTTCACAAAGGGTTGTAGACGTAAACTCA	GTAAATGATCCTCGCTGGTACACACGG	27
Query 532	AGACCTGTTACGACTTTACTTCCA	557	
Sbjct 26	AGACCTGTTACGACTTTACTTCCA	1	

Figura 109. Mapa de alineamiento del aislado GrcPue1B.

### 3.9.38 Aislado de granada china procedente del estado de Puebla (GrcPue1C)

#### 3.9.38.1 Secuencia edita

```
GC GGAGGGTCTTACTGAGTTACCGCTCTACAACCCTTGTGAACATACCTACAACTG  
TTGCTTCGGCGGGTAGGCCGTCCCCTGAAAAGGACGCCTCCGGCCGGACCAGAC  
CCCCTGCGGGGCCGGACCCGGCGCCGCCGGAGGATAACCAAACGCTATTAAACG  
ACGTTCTTCTGAGTGGCATAAGCAAAATAATCAAAACTTTAACAAACGGATCTCTT  
GGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGAGA  
ATTCAAGTGAATCATCGAATCTTGAACGCACATTGCGCCGCCAGCATTCTGGCGGG  
CATGCCTGTTCGAGCGTCATTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCTCTACG  
GTCGACGTAGGCCCTCAAAGGTAGTGGCGGACCCCTCCGGAGCCTCCTTGCCTAGT  
AACATTCTCGTCTCGCACTGGATCCGGAGGGACTCTGCCGTAAAACCCCCAATT  
TTCAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAACACCCGCTTAACCTAACGATATCAATA
```

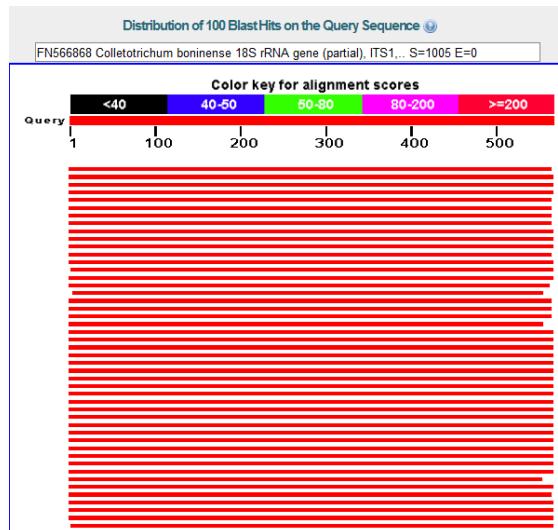


Figura 110. Mapa de distribución de la alineación de la secuencia consultada del aislado GrcPue1C.

### 3.9.38.2 Datos de la secuencia de alineación

LOCUS FN566868 611 bp DNA linear PLN 10-JAN-2012

DEFINITION *Colletotrichum boninense* 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate 434.

ACCESSION FN566868

VERSION FN566868.1 GI:371907728

KEYWORDS .

SOURCE *Colletotrichum boninense*

ORGANISM *Colletotrichum boninense*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;  
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Glomerellales; Glomerellaceae;  
mitosporic Glomerellaceae; *Colletotrichum*.

ORIGIN

1 gtaacaaggt ttccgttagt gaaccagcgg agggatcatt actgagttac cgctctataa  
61 ccctttgtga acataacctac aactgttgct tcggcggcgt aggccgtccc ctgaaaagga  
121 cgcctcccg ccgggacccgg accccctgtg gggccgggcc cggcgccccgc cggaggataa  
181 ccaaacgcta ttttaacgac gtttctctg agtggcataa gcaaaataat caaaactttt  
241 aacaacggat ctctggttc tggcatcgat gaagaacgca gcgaaatgcg ataagtaatg  
301 tgaattgcag aattcagtga atcatcgaaat ctttgaacgc acattgcgcc cgccagcatt  
361 ctggcgggca tgccgttcg agcgtcattt caaccctcaa gctctgctt gtgttggggc  
421 tctacggcgtc acgttaggccc tcaaaggtat tggcggaccc tcccgagcc tccttgcgt  
481 agtaacattt cgtctcgac tggatccgg agggactttt gccgtaaaac ccccaattt  
541 ttcaagggtt acctcgatc aggttagaat acccgctgaa cttaagcata tcaataagcg

601 gagaaaaaga a

Score = 1005 bits (544), Expect = 0.0  
Identities = 562/570 (99%), Gaps = 3/570 (1%)  
Strand=Plus/Plus

Query 1	GCAGGAGGG-TC-TTACTGAGTTACCGCTCTACAACCCTTGTGAACATACCTACAACTGT	58
Sbjct 27	GCAGGAGGGATCAATTACTGAGTTACCGCTCTATAACCCTTGTGAACATACCTACAACTGT	86
Query 59	TGCTTCGGCGG-GTAGGCGCCTCCCTGAAAAGGAGCCTCCCGGCCGGACCGGACCCCC	117
Sbjct 87	TGCTTCGGCGCCTGAGGCCTCCCTGAAAAGGAGCCTCCCGGCCGGACCGGACCCCC	146
Query 118	TGCGGGGCCGACCCCGCGGCCGCGGGAGGATAACCAAACTATTTAACGACGTCT	177
Sbjct 147	TGCGGGGCCGCGGCCGCGGGAGGATAACCAAACTATTTAACGACGTCT	206
Query 178	TCTGAGTGCAATAAGCAAAATATATCAAACCTTTAACACCGHATCTTGTCITGCA	237
Sbjct 207	TCTGAGTGCAATAAGCAAAATATATCAAACCTTTAACACCGHATCTTGTCITGCA	266
Query 238	CGATGAAGAACGCGAGAATGCGATAAGTAATGTAATGCAAGAATTCACTGAAATCATC	297
Sbjct 267	CGATGAAGAACGCGAGAATGCGATAAGTAATGTAATGCAAGAATTCACTGAAATCATC	326
Query 298	GAATCTTGACGGACATTGGCCCGCCAGCATCTGGGGCATGCGCTGTTGGAGGTC	357
Sbjct 327	GAATCTTGACGGACATTGGCCCGCCAGCATCTGGGGCATGCGCTGTTGGAGGTC	386
Query 358	ATTCACCCCTAAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCTCTAGGCTGACGTAGCCCTCAAG	417
Sbjct 387	ATTCACCCCTAAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCTCTAGGCTGACGTAGCCCTCAAG	446
Query 418	GTAGTGGGGACCCCTCCGGAGCCCTCTTGGTAGTAACTTCTGCTGGCACTGGAT	477
Sbjct 447	GTAGTGGGGACCCCTCCGGAGCCCTCTTGGTAGTAACTTCTGCTGGCACTGGAT	506
Query 478	CCGGAGGGACTCTTGGCTAAAAACCCCCCAATTITCAAGGTTGACCTGGATCAGGTAG	537
Sbjct 507	CCGGAGGGACTCTTGGCTAAAAACCCCCCAATTITCAAGGTTGACCTGGATCAGGTAG	566
Query 538	GAACACCCCTTAACTTAAGCATATCAATA	567
Sbjct 567	GAATACCCCTGAACTTAAGCATATCAATA	596

Figura 111. Mapa de alineamiento del aislado GrcPue1C.