



XXVII CONGRESO CHILENO DE FITOPATOLOGÍA

Arica, 05 al 07
Noviembre
2019



Identificación de microorganismos fúngicos asociados con la Muerte regresiva de *Tectona grandis* L.f. en Ecuador.

Identification of fungal microorganisms associated with the Dieback of Tectona grandis L.f. in Ecuador.

Borja, E.¹, Vera, D.¹ Solís, K.¹, Peñaherrera, S.¹, Cañarte, E.², Navarrete, B.², Muñoz, X.², Guara-Requena, M.³

¹Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP). Estación Experimental Tropical Pichilingue, Mocache, Ecuador. ²INIAP, Estación Experimental Portoviejo, Portoviejo, Ecuador.

³Universidad de Valencia, Facultad de Ciencias Biológicas, Valencia, España.

edwin.borja@iniap.gob.ec

Resumen

La madera es muy cotizadas internacionalmente, incrementándose su cultivo fuera de su área de origen desde la prohibición de la explotación de los bosques naturales. En Ecuador, la teca ha tenido un incremento considerable de área productiva, 45.000ha, situación que ha desencadenado la manifestación de nuevos problemas fitosanitarios como la “Muerte regresiva”, cuyo agente causal es actualmente desconocido. El objetivo del presente estudio es evaluar la incidencia de la enfermedad en las plantaciones e identificar los organismos asociados a esta patología. La incidencia se evaluó en 100 árboles distribuidos entre 32 plantaciones en cinco provincias de la región Litoral (Esmeraldas, Manabí, Santo Domingo, Los Ríos y Guayas). Para la identificación morfológica, se aislaron los organismos a partir de dos métodos de cultivo: i) en medio de Papa Dextrosa Agar y, ii) en sándwich en rodajas de *Daucus carota* L. (zanahoria). Se aplicó el test de Tukey para muestras de tamaños desiguales a fin de evidenciar posibles diferencias entre las plantaciones. Aunque la incidencia de la enfermedad oscila entre el 1 % y el 49 % con un promedio del 8,69 %, entre provincias no se detectaron diferencias significativas ($p=0,2686$); la mayor incidencia (14,89 %) se encontró en la provincia de Los Ríos. Entre los organismos aislados, se identificaron varios hongos, siendo los más frecuentes *Fusarium* sp., *Ceratocystis* sp., *Lasiodiplodia* sp., *Trichoderma* sp. y *Chalaropsis* sp.. Actualmente, se conservan estos organismos aislados para continuar con los estudios de patogenicidad y determinar si son causantes de esta enfermedad.

Agencia Española de Cooperación Internacional para el Desarrollo (AECID) proyecto 2017/SPE/0000400109.