

Análisis Filogenómico para la Delimitación de Especies de *Fusarium* con Potencial en la
Biotransformación de Plásticos

Sergio Andrés Sepúlveda Ortíz

Trabajo de Grado para Optar el Título de Biólogo

Director

Sergio Andrés Marchant

Doctor en Ciencias Biológicas

Codirectora

María Andrea Reyes Reyes

Magíster en Microbiología

Universidad Industrial de Santander

Facultad de Ciencias

Escuela de Biología

Bucaramanga

2026

Dedicatoria

A mi madre, Angela, por sacar adelante a sus hijos a pesar de las adversidades, siendo una gran fuente de inspiración para mí, a través de su amor, apoyo y fuerza.

A mi hermana, Karen, por ser la mejor hermana del mundo y por apoyarme sin dudar cuando más lo necesitaba.

A mi hermana, Marcela, por ser la real representación de una mujer fuerte y resiliente.

A mis panteritas, porque gracias a ellas pude sentir, desarrollar y comprender el amor hacia los animales.

Y en especial, a Dios.

Agradecimientos

Quiero agradecer primeramente a mi familia, por ser el motor de mi existencia: A mi madre Angela, a mi padre Luis, a mis hermanos Karen, Marcela y Jose.

Agradezco profundamente a mis amigos de toda la vida por estar presentes siempre, por confiar en mí y ser incondicionales: Liseth, Anderson, Anderson, Jefferson y Christian.

A mi pareja, Ana, por su amor incondicional, por cada palabra de ánimo y por su presencia constante. Su cariño, apoyo y compañía fueron mi refugio en los momentos difíciles y la fuerza que me permitió sentirme pleno frente a cada desafío.

A mis compañeros de carrera, que me acompañaron en este proceso inolvidable, en especial, a Sergio Mantilla, Cristian Diaz y Santiago Novoa.

A mi director de trabajo de grado, el Dr. Sergio Marchant, por compartir sus conocimientos conmigo de una manera muy profesional y atenta.

Agradezco profundamente a mi codirectora, María Andrea Reyes, por su paciencia, por su hospitalidad, por transmitirme sus conocimientos de una forma muy amable, dedicada y profesional; por ser una excelente persona y tutora, y por darme la oportunidad de adentrarme en un área de la cuál siempre quise formar parte, LOS HONGOS.

Agradezco a la Corporación para la Investigación de la Corrosión (CIC) por permitirme trabajar y aprender con sus cepas.

Agradecimiento a la Universidad Industrial de Santander por su apoyo en esta investigación. Este proyecto fue financiado con el código 3942, titulado “OMICPLAST.

Integración de tecnologías OMICAS en el estudio de la biotransformación de plásticos utilizando hongos nativos de alto potencial biotecnológico”

Agradezco a la Universidad Industrial de Santander, por ser mi segundo hogar, mi templo de conocimiento, de experiencias y de sueños, mi alma máter.

Tabla de Contenido

Introducción	12
1. Objetivos	18
1.1 Objetivo General	18
1.2 Objetivos Específicos	18
2. Competencias	18
3. Metodología	19
3.1 Preparación de Datos Genómicos y Pre-procesamiento	19
3.2 Ensamblaje de Genomas	20
3.3 Construcción de Árboles y Análisis Filogenómico	21
3.3.1 Identificación de Genes Ortólogos y Control de Calidad	22
3.3.2 Alineamiento de Secuencias y Recorte	22
3.3.3 Inferencia del Árbol de Especies Basada en el Modelo de Coalescencia ..	23
3.3.4 Análisis de Supermatriz por Máxima Verosimilitud	23
3.4 Análisis Comparativo de Similitud Genómica (Identidad Nucleotídica Promedio)	24
4. Resultados	24
4.1 Ensamblaje Genómico	24
4.2 Análisis Filogenómico	28
4.3 Análisis Comparativo de Similitud Genómica - Identidad Nucleotídica Promedio (ANI)	32
5. Discusión	35
5.1 Ensamblajes Genómicos	35
5.2 Análisis Filogenómico	35
5.3 Análisis Comparativo de Similitud Genómica (Identidad Nucleotídica Promedio)	38
5.4 Potencial Biotransformador de Plásticos en las Cepas de <i>Fusarium</i>	39
6. Conclusiones	40

Referencias Bibliográficas	42
Apéndices	53

Lista de Tablas

Tabla 1. Especies fungicas y accesos de secuenciación utilizados en el estudio.	20
Tabla 2. Parámetros de calidad de los ensamblajes finales seleccionados	26
Tabla 3. Genomas con el número de contigs más óptimos según Multiqc.....	27

Lista de Figuras

Figura 1. Filogenia de algunas especies fúngicas.....	14
Figura 2. Árbol de especies bajo el modelo de coalescencia	30
Figura 3. Árbol de Máxima Verosimilitud - supermatriz	31
Figura 4. Tabla de identidad nucleotídica promedio (ANI) entre aislamientos fúngicos	33

Lista de Apéndices

Apéndice A. Parámetros de Calidad de los Ensamblajes Arrojadados por Multiqc
..... 53

Resumen

Título: Análisis Filogenómico para la Delimitación de Especies de *Fusarium* con Potencial en la Biotransformación de Plásticos*

Autor: Sergio Andrés Sepúlveda Ortiz **

Palabras Clave: Filogenómica, Ensamblaje, Microhongos, Bioinformática, Biotransformación, Plásticos.

Descripción:

Frente a la gran problemática ambiental causada por la acumulación excesiva de plásticos en el mundo, existen algunos microorganismos capaces de producir enzimas que transforman y biodegradan la composición química de los polímeros sintéticos como el polietileno, uno de los principales plásticos no biodegradables más utilizados en la actualidad. Frente a este problema global, se han propuesto diferentes estrategias biotecnológicas que permitan aprovechar las características enzimáticas de los hongos para la biotransformación de polímeros. Para lograr eso, es necesario primero entender las relaciones filogenéticas de los hongos que poseen esta capacidad de colonizar ambientes plásticos. Con base en esto, con el fin de aportar información sobre las relaciones evolutivas entre cepas con potencial biotransformador, en este informe se ensamblaron genomas completos de 4 cepas locales del género *Fusarium* que fueron recolectadas de tuberías de polietileno biodegradadas, junto con secuencias de genoma completo de otros hongos del género para inferir relaciones evolutivas mediante un análisis filogenómico a partir de cientos de genes ortólogos. Los resultados mostraron relaciones filogenéticas robustas entre las cepas locales, distribuyéndose en varios complejos de especies dentro del género y formando clados con alto soporte, evidenciando una relación evolutiva fuerte. Dos de las cuatro cepas formaron un clado dentro del complejo de especies *Fusarium oxysporum* (FOSC), mientras que las otras dos quedaron separadas entre sí en dos complejos de especies diferentes: *Fusarium solani* (FSSC) y *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC). Estos resultados evidencian la gran diversidad genética característica del género. Así mismo, la separación de las cepas en el árbol puede significar que la capacidad de biodegradar polímeros sintéticos no es una característica propia de un solo linaje, sino que puede aparecer de forma independiente en grupos diferentes producto de una posible convergencia ecológica, abriendo las puertas al descubrimiento de especies con gran potencial en la biotransformación de plásticos.

* Trabajo de Grado

** Facultad de Ciencias. Escuela de Biología. Director: Sergio Andrés Marchant. Doctor en Ciencias Biológicas. Codirector: María Andrea Reyes Reyes. Magíster en Microbiología.

Abstract

Title: Phylogenomic Analysis for the Delimitation of *Fusarium* Species with Potential in the Biotransformation of Plastics*

Author: Sergio Andrés Sepúlveda Ortiz**

Key Words: Phylogenomics, Assembly, Fungi, Bioinformatics, Biotransformation, Plastics.

Description:

Faced with the major environmental problem caused by the excessive accumulation of plastics worldwide, some microorganisms are capable of producing enzymes that transform and biodegrade the chemical composition of synthetic polymers such as polyethylene, one of the most widely used non-biodegradable plastics today. In response to this global problem, various biotechnological strategies have been proposed to harness the enzymatic characteristics of fungi for polymer biotransformation. To achieve this, it is first necessary to understand the phylogenetic relationships of fungi that possess this ability to colonize plastic environments. Based on this understanding, and in order to provide information on the evolutionary relationships among strains with biotransformation potential, this report presents the assembly of complete genomes from four local strains of the genus *Fusarium*, collected from biodegraded polyethylene pipes, along with complete genome sequences from other fungi of the genus. This was done to infer evolutionary relationships through phylogenomic analysis using hundreds of orthologous genes. The results showed robust phylogenetic relationships among the local strains, distributed across several species complexes within the genus and forming clades with strong support, demonstrating a strong evolutionary relationship. Two of the four strains formed a clade within the *Fusarium oxysporum* (FOOSC) species complex, while the other two were separated from each other into two different species complexes: *Fusarium solani* (FSSC) and *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC). These results highlight the high genetic diversity characteristic of the genus. Furthermore, the separation of the strains in the phylogenetic tree may indicate that the ability to biodegrade synthetic polymers is not a characteristic of a single lineage, but rather can arise independently in different groups as a result of possible ecological convergence, opening the door to the discovery of species with great potential for the biotransformation of plastics.

* Degree Work

**Faculty of Sciences. School of Biology. Director: Sergio Andrés Marchant, Ph.D. in Biological Sciences. Co-Director: María Andrea Reyes Reyes, M.Sc. in Microbiology.

Introducción

La sociedad contemporánea enfrenta diversos desafíos ante el fenómeno del plástico, una fuente importante de ingresos y desarrollo industrial que ha contribuido directamente a la sobreproducción de estos polímeros. Esto se ha constituido como una de las principales amenazas ambientales del siglo XXI ante la acumulación excesiva de residuos, la cual supera la capacidad del planeta para gestionarlos de forma sostenible (Barrientos et al., 2024; OCDE, 2022).

De acuerdo con Liu et al. (2025), de los aproximadamente 54 millones de toneladas de plásticos producidos en Europa para el año 2023, los principales polímeros correspondieron a polietileno (PE), polipropileno (PP), cloruro de polivinilo (PVC), poliestireno (PS), tereftalato de polietileno (PET) y poliuretano (PU), que en conjunto representaron el 60.9 % de la producción total. Esto contrasta con los plásticos reciclados, que constituyeron únicamente cerca del 19 %. Dentro de este conjunto, el PE se destaca como uno de los polímeros más producidos a nivel global junto con el PET, representando aproximadamente el 10.2 % de la producción total de plásticos en 2023. Debido a su amplia producción y uso, las poliolefinas como el PE se han convertido en una de las principales causas de la acumulación de residuos plásticos, dada su elevada resistencia a la degradación. Esta resistencia, relacionada con la alta estabilidad de los enlaces Carbono–Carbono presentes en su estructura, ocasiona un limitado desarrollo de estrategias biotecnológicas eficientes para su biotransformación en comparación con polímeros tipo poliésteres como el PET (Liu et al., 2025).

Ante este escenario, el avance científico ha permitido identificar distintos microorganismos capaces de producir enzimas específicas que degradan y transforman los polímeros, entre ellos los hongos filamentosos como *Aspergillus* sp., *Trichoderma* sp. y *Fusarium* sp. Estos son capaces de producir cutinasas, catalasas, glicosidasas y otras enzimas que permiten descomponer polímeros

sintéticos con el fin de obtener una fuente de carbono para su supervivencia (Gulzar & Khan, 2024).

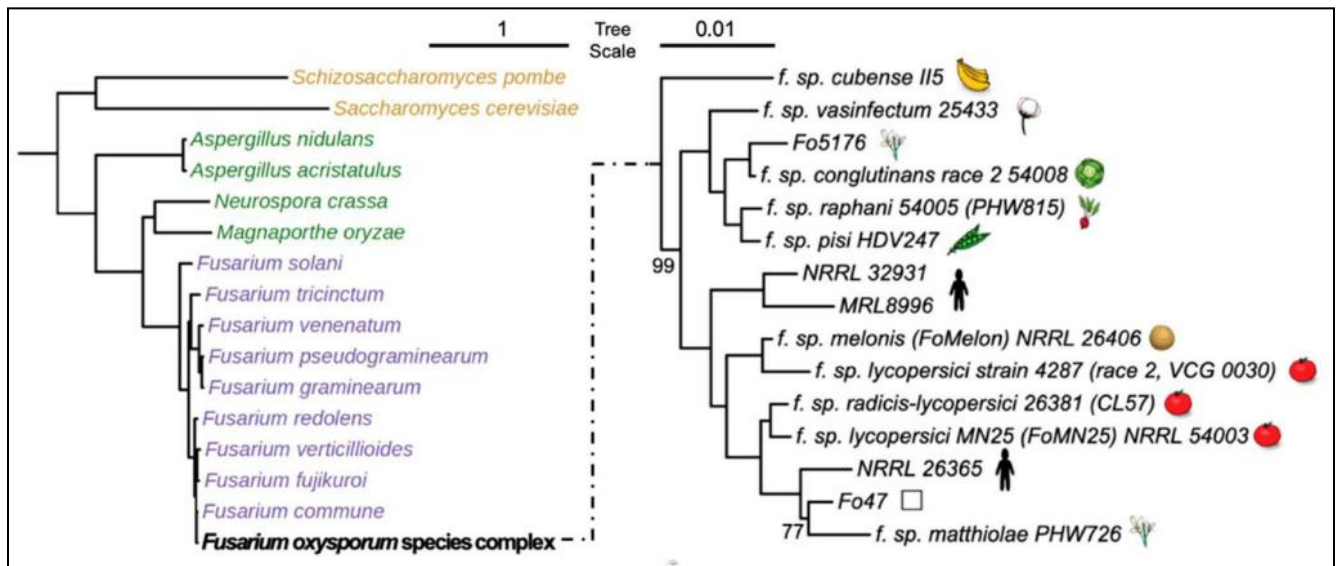
La biodegradación de plásticos mediada por hongos representa una alternativa tecnológica crítica y sostenible frente a los métodos mecánicos y químicos tradicionales, que suelen generar impactos nocivos e irreversibles en el medio ambiente. Dado que los plásticos convencionales son polímeros de alta estabilidad y elevado peso molecular derivados de fuentes fósiles, su acumulación en vertederos constituye una de las mayores amenazas ecológicas actuales, de modo que, esta alternativa representa una forma innovadora para reducir las cifras alarmantes de producción, consumo y acumulación de residuos poliméricos (Khatua et al., 2024). En este escenario, los hongos actúan como descomponedores fundamentales en el ciclo global de la materia, portando una capacidad enzimática única para fragmentar moléculas complejas y partículas de gran tamaño que otros microorganismos no logran procesar. Al colonizar diversos nichos ecológicos y desarrollar biomasa micelial incluso en condiciones de baja disponibilidad de nutrientes, géneros como *Fusarium* han evolucionado estrategias extraordinarias para utilizar estos polímeros sintéticos como fuente de carbono y energía. Así, la intervención fúngica no solo facilita la reintegración de componentes aislados a la biosfera sin producir subproductos dañinos, sino que transforma un residuo persistente en un sustrato asimilable, sentando las bases para una gestión de residuos plásticos verdaderamente eficiente y respetuosa con la naturaleza (Gulzar & Khan, 2024).

Entre los géneros fúngicos asociados a procesos de degradación de materiales orgánicos y polímeros sintéticos se encuentra *Fusarium*, que comprende un grupo cosmopolita de microhongos filamentosos ampliamente distribuidos en diversos ambientes, incluyendo suelos, residuos vegetales y tejidos de plantas. Las especies de este género presentan una notable diversidad ecológica y pueden actuar como fitopatógenos, endófitos o saprófitos. Sin embargo, la

clasificación taxonómica de *Fusarium* ha representado históricamente un desafío debido a la elevada diversidad de especies y a la presencia de complejos de especies que agrupan linajes estrechamente relacionados y morfológicamente similares (Figura 1) (Laurence et al., 2014). Esta situación ha dificultado la delimitación precisa de especies dentro del género, ya que muchas presentan características morfológicas superpuestas; ante estas limitaciones, se han desarrollado y adoptado herramientas con enfoques moleculares y filogenéticos orientadas a mejorar su identificación y clasificación. (Nelson et al., 1994; Kamil et al., 2025).

Figura 1

Filogenia de algunas especies fúngicas



Nota. Relación filogenética entre diferentes especies de hongos. El filograma de la derecha ilustra la diversidad genética dentro del complejo de especies de *Fusarium oxysporum* (FOSC), evidenciando la diferenciación entre sus distintos linajes. Estos se agrupan en clados bien definidos según su similitud genética, lo que refleja la variabilidad evolutiva dentro del complejo. Tomado de Yu et al. (2023).

Estudios recientes han enfatizado la necesidad de enfoques multi-ómicos y genómicos para resolver las relaciones filogenéticas dentro del género, en tanto las herramientas de códigos de barras de ADN convencionales han demostrado limitaciones en la resolución de linajes estrechamente relacionados. La filogenómica se presenta como una herramienta consistente a través del análisis de genomas completos y la identificación de miles de genes ortólogos, lo que permite una delimitación de especies con una precisión sin precedentes (Bugingo et al., 2025). Esta resolución es fundamental para asociar de manera confiable la identidad taxonómica con el arsenal enzimático responsable de la biotransformación de polímeros, garantizando así la bioprospección segura de cepas nativas.

En Colombia, la investigación en este ámbito aún presenta un desarrollo limitado. Un estudio de la escuela de microbiología de la Universidad Santiago de Cali proporcionó una revisión sistemática sobre la capacidad de algunos microhongos para degradar Polietileno de Baja Densidad (LDPE), en el que se incluye a *Fusarium* sp. (Banguera, 2023). Por su parte, Ortega y Acosta (2021) evaluaron la capacidad de *Fusarium solani* para biodegradar LDPE; y un estudio reciente de la Universidad Industrial de Santander (UIS) investigó el potencial de dos cepas nativas de *Fusarium* para degradar LDPE desde un enfoque metabólico (Corrales, 2025).

De lo expuesto, se desprende la necesidad de identificar herramientas biológicas eficientes para el control y mitigación de la contaminación por polímeros sintéticos como el polietileno. El estudio de las capacidades metabólicas del género *Fusarium* requiere una transición desde la caracterización fenotípica hacia el análisis genómico de alta resolución. Para llevar a cabo este abordaje computacional de manera estandarizada, herramientas como MpGAP (Multi-platform Genome Assembly Pipeline) (Almeida et al., 2023) resultan fundamentales. Este es un *pipeline* reproducible basado en Nextflow, diseñado para el ensamblaje de genomas microbianos a partir

de datos de secuenciación generados por plataformas Illumina, Oxford Nanopore y PacBio, siendo ampliamente utilizado en estudios de genómica (Araya et al., 2024).

Desde este enfoque, el ensamblaje de genomas completos permite no sólo acceder al catálogo total de genes y clústeres biosintéticos relacionados con la degradación de polímeros, sino también superar las limitaciones de la taxonomía convencional. Esta investigación permitió realizar una caracterización filogenómica y comparativa de cepas colombianas de *Fusarium* aisladas de tuberías de polietileno de media densidad biodegradadas, aportando evidencia sobre su afinidad taxonómica y diversidad genómica.

Este abordaje favorece la trazabilidad taxonómica y permite correlacionar la identidad genética de las cepas con su potencial en la biodegradación de plásticos, sentando las bases para el desarrollo de futuras aplicaciones biotecnológicas seguras y reproducibles (Perez et al., 2023). En este contexto, el presente estudio consolida un marco científico para la comprensión de las relaciones filogenéticas de cepas locales de *Fusarium* asociadas a procesos de biotransformación de polímeros, formulándose la siguiente hipótesis: las cepas de *Fusarium* aisladas de tuberías de polietileno han experimentado procesos de adaptación evolutiva asociados a la colonización de polímeros sintéticos, los cuales podrían reflejarse en diferencias genómicas respecto a especies del mismo género vinculadas a otros nichos ecológicos. De este modo, se proyectaba que estas cepas compartieran una historia evolutiva común, manifestada en su agrupación como un clado monofilético claramente diferenciado dentro del árbol filogenético.

Mediante el análisis comparativo de genomas completos se busca evaluar si la capacidad de colonizar ambientes poliméricos, está asociados a patrones filogenéticos específicos, proporcionando evidencia para la delimitación taxonómica y la interpretación funcional de cepas

con potencial en la biotransformación de plásticos. En este sentido, la presente investigación contribuye al estudio del género *Fusarium* asociado a ambientes con polímeros como el LDPE, ofreciendo un recurso adicional para el estudio de la degradación controlada del plástico por medio de aplicaciones biotecnológicas.

1. Objetivos

1.1 Objetivo General

Determinar las relaciones filogenéticas de cuatro cepas de *Fusarium* aisladas de tuberías de polietileno, utilizando datos genómicos para poner a prueba la hipótesis de una agrupación evolutiva asociada a la capacidad de colonizar polímeros sintéticos.

1.2 Objetivos Específicos

- Ensamblar y evaluar los genomas de *Fusarium* y otras especies fúngicas relacionadas disponibles en GenBank, seleccionando aquellos de mejor calidad para el análisis.
- Inferir las relaciones filogenéticas de las cuatro cepas locales de *Fusarium* en comparación con especies del mismo género y de géneros relacionados.

2. Competencias

En el marco de la pasantía de investigación, y en cumplimiento del objetivo general, se desarrollaron las siguientes competencias:

- Maneja bases de datos genómicas y herramientas bioinformáticas para el ensamblaje, alineamiento y edición de secuencias.
- Realiza análisis filogenómicos mediante diferentes softwares para inferir relaciones evolutivas entre cepas.
- Interpreta árboles filogenéticos para identificar agrupaciones relacionadas con adaptación a sustratos sintéticos.

3. Metodología

3.1 Preparación de Datos Genómicos y Pre-procesamiento

La metodología bioinformática empleada en este estudio se fundamentó en una adaptación del pipeline descrito por Almeida et al. (2023). El conjunto de datos primarios consistió en secuencias de genoma completo obtenidas mediante tecnología Illumina correspondientes a cuatro cepas locales de hongos filamentosos del género *Fusarium* aisladas por la Corporación para la Investigación de la Corrosión (CIC) a partir de tuberías de polietileno con indicios de biodegradación en Colombia (FG16-FCIC0; FG14-FOCIC01; FG15-FECIC02 y FG17-FCIC24). Adicionalmente, se descargaron genomas completos de 10 especies de *Fusarium* y taxones relacionados disponibles en la base de datos GenBank (SRA-NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>) (ver Tabla 1). Con el fin de establecer comparaciones filogenéticas robustas, se seleccionaron representantes de los géneros *Trichoderma* y *Fusarium* con base en estudios previos de bioprospección para biodegradación de plásticos (Londoño et al., 2019; Lope, 2024; Gonzáles, 2020; Ortega & Acosta, 2021; Ali et al., 2022; Dimarogona et al., 2015) priorizando linajes pertenecientes a los complejos de *Fusarium oxysporum*, *F. fujikuroi*, *F. equiseti* y *F. solani*. (Nirmaladevi et al., 2016; Maryani et al., 2019). Para la reconstrucción filogenética y una óptima polarización de los caracteres, se designó a *Trichoderma reesei* como grupo externo (*outgroup*), dado que ambos géneros pertenecen al orden Hypocreales pero divergen a nivel de familia. Esta relación filogenética ofrece una distancia evolutiva que maximiza la retención de genes ortólogos informativos y proporciona una raíz robusta que informa la topología interna de los complejos de *Fusarium* (Kullnig-Gradinger et al., 2002).

Las secuencias crudas fueron proporcionadas por la CIC en formato FASTQ comprimido (.fastqsanger.gz) y sometidas inicialmente a un proceso de control de calidad y preprocesamiento mediante la herramienta fastp 1.0 (Chen, 2023), integrada en el pipeline MpGAP (Multi-platform genome assembly pipeline for Illumina, Nanopore and PacBio reads) (Almeida et al., 2023). Este proceso incluyó la eliminación automática de adaptadores, el recorte de bases de baja calidad, la corrección de errores basada en la superposición de lecturas pareadas y la generación de reportes detallados de calidad.

Tabla 1

Especies fúngicas y accesos de secuenciación utilizadas en el estudio

ESPECIE	ACCESO SRA
<i>Fusarium oxysporum</i> Fo47 (referencia)	SRR11523115
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>albedinis</i>	SRR35993446
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i>	SRR25037564
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>fragariae</i>	SRR35660540
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>	SRR32606958
<i>Fusarium proliferatum</i>	SRR34933776
<i>Fusarium verticillioides</i>	SRR35777317
<i>Fusarium equiseti</i>	SRR5194938
<i>Fusarium solani</i>	SRR35384911
<i>Trichoderma reesei</i> (outgroup)	SRR34016940

3.2 Ensamblaje de Genomas

El ensamblaje de los genomas de las cepas de *Fusarium* se realizó empleando MpGAP (Multi-platform Genome Assembly Pipeline) (Almeida et al., 2023). En el presente estudio, el pipeline fue utilizado exclusivamente con lecturas Illumina paired-end, sin la implementación de

estrategias de ensamblaje híbrido. Para evaluar empíricamente el desempeño de diferentes estrategias algorítmicas, las lecturas fueron ensambladas mediante múltiples algoritmos optimizados para datos Illumina integrados en MpGAP, incluyendo MEGAHIT (Li et al., 2015), SPAdes (Bankevich et al., 2012), Shovill (Sheemann, 2015), SKESA (Souvorov et al., 2018) y Unicycler (Wick et al., 2017).

La evaluación de la calidad de los ensamblajes genómicos se realizó integrando métricas de completitud y contigüidad mediante BUSCO v6.0.0 (Manni et al., 2021) y QAST v5.3.0 (Gurevich et al., 2013), respectivamente. Dado el enfoque filogenómico de esta investigación, el criterio principal para seleccionar el ensamblaje óptimo de cada cepa radicó en maximizar la recuperación de genes ortólogos de copia única completos, en congruencia con lo esperado para la base de datos de referencia empleada. Como filtro de exclusión estricto, se priorizaron aquellos ensamblajes que exhibieron la menor proporción de genes duplicados; este paso es crítico para mitigar el riesgo de incorporar secuencias parálogas que pudieran introducir sesgos topológicos o falsas homologías durante la inferencia evolutiva. De manera paralela, las métricas estructurales de contigüidad (menor número de *contigs* y mayor valor N50) sirvieron como criterio para identificar y reservar los genomas más íntegros físicamente. Esta alta resolución estructural resulta indispensable para habilitar futuras investigaciones enfocadas en la anotación funcional y la minería de clústeres de genes asociados a procesos metabólicos de biodegradación.

3.3 Construcción de Árboles y Análisis Filogenómico

El diseño del análisis filogenómico se basó en los flujos de trabajo metodológicos propuestos por Araya et al., (2024), Moore-Pollard (2023) y Lawson et al., (2026). Para reconstruir las relaciones evolutivas entre las cepas locales de *Fusarium*, se implementó un enfoque filogenómico dual, en el cual se utilizaron paralelamente métodos de concatenación (supermatriz)

y el modelo multiespecie de coalescencia. El análisis —incluyendo la extracción de genes ortólogos de copia única y la generación de alineamientos iniciales— se ejecutó mediante el *pipeline* BUSCO Phylogenomics (McGowan, 2026) (disponible en https://github.com/jamiemcg/BUSCO_phylogenomics), generando alineamientos de alta calidad para cada gen BUSCO con MAFFT v7.525 (Kato & Standley, 2013); a partir de estos alineamientos, se construyeron árboles génicos mediante el método de máxima verosimilitud implementado en IQ-TREE. Para inferir el árbol de especies bajo un enfoque de coalescencia, los árboles génicos fueron integrados utilizando ASTRAL, permitiendo estimar las relaciones evolutivas entre las cepas analizadas y otros linajes relacionados. De manera complementaria, se realizó un análisis filogenómico basado en supermatriz, concatenando los alineamientos de genes ortólogos, y la aplicación de métodos de inferencia filogenética por máxima verosimilitud (IQ-TREE). Los árboles filogenéticos resultantes fueron visualizados y editados utilizando FigTree, con la intención de facilitar la interpretación de los patrones de agrupamiento evolutivo, a continuación, se detalla la metodología para cada punto.

3.3.1 Identificación de Genes Ortólogos y Control de Calidad

Los genes ortólogos de copia única y completos se identificaron a partir de los ensamblajes finales mediante BUSCO v6.0.0 (Manni et al., 2021) contra la base de datos del linaje *fungi_odb10*. Para reducir el impacto de los datos restantes preservando la señal filogenética, se aplicó un filtro de ocupación estricto: solo se retuvieron para los análisis posteriores aquellos ortólogos presentes como mínimo en el 70% de los genomas analizados (un mínimo de 11 de los 14 taxones en total)

3.3.2 Alineamiento de Secuencias y Recorte

Las secuencias de aminoácidos correspondientes a los grupos de ortólogos filtrados se alinearon de manera independiente utilizando MAFFT v7.525 (Kato & Standley, 2013) bajo la

estrategia *--auto*. Con el fin de mitigar el impacto de las regiones con alineamiento deficiente y la presencia de inserciones/deleciones (*gaps*) altamente divergentes, los alineamientos se depuraron de forma rigurosa mediante trimAl v1.5.rev1 (Capella-Gutiérrez et al., 2009), aplicando el método heurístico *gappyout*. Posteriormente, se implementó un control de calidad post-depuración para excluir aquellos alineamientos con una extensión inferior a 50 aminoácidos, previniendo así la introducción de ruido filogenético derivado de secuencias carentes de información o con un recorte excesivo.

3.3.3 Inferencia del Árbol de Especies Basada en el Modelo de Coalescencia

A fin de considerar la eventual discrepancia topológica inherente entre los filogramas de genes, producto del sorteo incompleto de linajes (ILS, por sus siglas en inglés) o sucesos de introgresión, se aplicó un abordaje coalescente de resumen. Inicialmente, se estimaron árboles de genes individuales mediante máxima verosimilitud para cada uno de los alineamientos depurados, empleando FastTree v2.2.0 (Price et al., 2010). Los árboles de genes no enraizados obtenidos se emplearon posteriormente como datos de entrada para ASTRAL v5.7.8 (Zhang et al., 2018) con el objetivo de inferir la topología definitiva del árbol de especies.

3.3.4 Análisis de Supermatriz por Máxima Verosimilitud

De forma paralela, el abordaje basado en la concatenación de secuencias (supermatriz) se ejecutó mediante un análisis de máxima verosimilitud (ML) mediante el software IQ-TREE v3.0.1 (Nguyen et al., 2015). Con el propósito de ajustar la dinámica evolutiva heterogénea de los distintos loci, el proceso se configuró bajo un esquema completamente particionado (-S); el modelo de sustitución de aminoácidos con el óptimo ajuste empírico para cada partición génica independiente se estableció de manera automática a través de ModelFinder Plus (Kalyaanamoorthy et al., 2017). La confiabilidad estadística y soporte de los clados se evaluaron mediante 1,000

réplicas de la aproximación *Ultrafast Bootstrap* (UFBoot) (Hoang et al., 2018) y 1,000 réplicas del test de razón de verosimilitud aproximado de *Shimodaira-Hasegawa* (SH-aLRT) (Guindon et al., 2010). Finalmente, todos los filogramas generados en ambos abordajes se enraizaron empleando a *Trichoderma reesei* como grupo externo (*outgroup*) y se visualizaron utilizando FigTree v1.4.4 (Rambaut, 2018).

3.4 Análisis Comparativo de Similitud Genómica (Identidad Nucleotídica Promedio)

Para validar de manera cuantitativa los límites de especie de los aislamientos secuenciados y examinar la congruencia con la topología filogenética inferida, se estimó la Identidad Nucleotídica Promedio (ANI, por sus siglas en inglés) a nivel de genoma completo. Las comparaciones cruzadas pareadas (todos contra todos) entre los 13 ensamblajes genómicos pertenecientes al género *Fusarium* se computaron mediante el algoritmo FastANI v1.34 (Jain et al., 2018). Se adoptó el umbral genómico de consenso biológico del 95% de similitud de ANI como criterio de referencia para la delimitación de especies (Richter & Rosselló-Móra, 2009). La matriz de similitud resultante se representó mediante un mapa de calor (heatmap) programado en el entorno estadístico R utilizando el paquete ggplot2 (Wickham, 2016). Con el fin de optimizar la interpretación visual de los datos, los ejes de la matriz se organizaron jerárquicamente de acuerdo con la topología del árbol de especies inferido bajo el modelo coalescente (ASTRAL), empleando una escala de colores divergente centrada específicamente en el umbral del 95%.

4. Resultados

4.1 Ensamblaje Genómico

El pipeline MpGAP logró ensamblar los genomas de todas las especies evaluadas, generando un total de 76 ensamblajes (ver apéndice 1). Durante el proceso, se observó que ciertos

algoritmos no lograron procesar algunos genomas, resultando en procesos fallidos o altamente fragmentados para dichos motores específicos. En congruencia con los criterios metodológicos establecidos, la selección de los ensamblajes finales se estratificó en dos enfoques. En primer lugar, para el análisis filogenómico, se seleccionó un ensamblaje representativo por cada genoma priorizando la mayor recuperación de genes BUSCO completos de copia única y la menor proporción de genes duplicados (Tabla 2). De manera paralela, con el objetivo de conformar un catálogo genómico optimizado para futuros estudios de anotación funcional y minería metabólica, se seleccionó un segundo conjunto priorizando exclusivamente la integridad estructural, es decir, el menor número de contigs y el mayor valor N50 arrojado por MultiQC (Tabla 3).

El conjunto de ensamblajes genómicos seleccionados para la inferencia filogenética (Tabla 2) presentó tamaños totales que oscilaron entre 33.8 Mb y 60.4 Mb. Los aislamientos locales evaluados en este estudio presentaron tamaños de genoma de 45.1 Mb (FG14-FOCIC01), 45.4 Mb (FG15-FECIC02), 37.9 Mb (FG16-FCIC0) y 52 Mb (FG17-FCIC24). En cuanto a la contigüidad, el número de contigs varió ampliamente entre los ensamblajes, con valores que fluctuaron entre 367 y 5904, siendo FG17-FCIC24 el que presentó el mayor grado de fragmentación (5904 contigs), mientras que FG16-FCIC0 registró el menor número (367 contigs). Los valores de N50 oscilaron entre 78.6 Kb y 1210.5 Kb, destacándose el aislamiento FG15-FECIC02 con el valor más alto (1210.5 Kb), seguido por FG16-FCIC0 (803.5 Kb) y FG14-FOCIC01 (548.7 Kb), mientras que FG17-FCIC24 presentó un N50 de 100.5 Kb. En relación con la completitud genómica, los porcentajes de genes BUSCO completos fueron consistentemente altos en todos los ensamblajes, con valores comprendidos entre 97.5% y 98.9%. Los aislamientos FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02 alcanzaron un 98.4%, FG16-FCIC0 un 98.7% y FG17-FCIC24 un 98.0%, valores comparables a los observados en los genomas de referencia incluidos en el análisis. Para este

conjunto, los valores de N50 oscilaron entre 100.5 Kb y 1210.5 Kb, destacándose el aislamiento FG15-FECIC02 con el valor más alto (1210.5 Kb), seguido por FG16-FCIC0 (803.5 Kb).

Por otra parte, al evaluar el conjunto de genomas seleccionados por su alta contigüidad estructural (Tabla 3), el número de contigs se redujo significativamente en la mayoría de los taxones. Bajo este criterio, el algoritmo Unicycler demostró el mejor rendimiento en la mayoría de las muestras. Entre los aislamientos locales, FG16-FCIC0 registró el menor nivel de fragmentación estructural con apenas 74 contigs, seguido de FG15-FECIC02 (193 contigs) y FG14-FOCIC01 (219 contigs). En contraste, la cepa FG17-FCIC24 mantuvo el mayor grado de fragmentación dentro del grupo local, reportando 2615 contigs en su ensamblaje más óptimo.

Tabla 2

Parámetros de calidad de los ensamblajes finales seleccionados (Criterio Filogenómico)

MUESTRA	ENSAMBLADOR SELECCIONADO	TAMAÑO DEL GENOMA (MB)	N50* (KB)	GENES BUSCO COMPLETOS (%)
FG14-FOCIC01	MEGAHIT	45.1	548.7	98.4%
FG15-FECIC02	Shovill-SPAdes	45.4	1210.5	98.4%
FG16-FCIC0	MEGAHIT	37.9	803.5	98.7%
FG17-FCIC24	Shovill-SKESA	52	100.5	98%
<i>Trichoderma reesei</i>	Shovill-SPAdes	33.8	247.8	98.9%
<i>Fusarium equiseti</i>	MEGAHIT	41.1	492.1	98.7%
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>albedinis</i>	Shovill-SPAdes	60.4	111.7	98.4%
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i>	Shovill-SPAdes	49.3	515.3	98.3%
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>fragariae</i>	Shovill-SKESA	53.8	180.3	98.4%

<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>	Shovill-SKESA	52.4	137.3	98.3%
<i>Fusarium oxysporum</i> Fo47 (referencia)	MEGAHIT	49.2	585	98.4%
<i>Fusarium proliferatum</i>	Shovill-SPAdes	56.8	597.8	97.5%
<i>Fusarium solani</i>	Shovill-MEGAHIT	53.8	228	97.6%
<i>Fusarium verticillioides</i>	Unicycler	42.1	158.5	98.8%

Nota. *El parámetro N50 está definido como la longitud mínima del contig requerida para cubrir el 50 % del genoma ensamblado y ampliamente utilizado como parámetro determinante de calidad en genómica (Bankevich et al., 2012).

Tabla 3

Genomas con el número de contigs más óptimos según MultiQC (Criterio Estructural/Funcional)

MUESTRA	ALGORITMO DE ENSAMBLAJE	NUMERO DE CONTIGS
FG14-FOCIC01	Unicycler	219
FG15-FECIC02	Unicycler	193
FG16-FCIC0	Unicycler	74
FG17-FCIC24	Unicycler	2615
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>albedinis</i>	Shovill-SKESA	4121
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i>	Unicycler	1666
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>fragariae</i>	Shovill-SKESA	1823
<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>	Shovill-SKESA	2513

<i>Fusarium oxysporum</i> Fo47 (referencia)	Unicycler	1935
<i>Fusarium solani</i>	Unicycler	1224
<i>Fusarium equiseti</i>	Shovill-SKESA	409
<i>Fusarium verticillioides</i>	Unicycler	559
<i>Fusarium proliferatum</i>	Unicycler	243
<i>Trichoderma reesei</i>	Unicycler	365

4.2 Análisis Filogenómico

El *pipeline* bioinformático permitió recuperar un total de 750 genes ortólogos BUSCO de copia única en todas las cepas evaluadas. Tras la aplicación del filtro de ocupación, que exigía la presencia del gen en al menos el 70% de los taxones, se retuvo el conjunto completo de 750 ortólogos. El proceso subsiguiente de alineamiento individual y depuración de regiones ambiguas mediante trimAl no condujo a la exclusión de ningún gen, ya que la totalidad de los alineamientos cumplió con el umbral mínimo establecido de 50 aminoácidos de longitud. En consecuencia, el conjunto de datos final destinado a la reconstrucción filogenética estuvo constituido por 750 genes, conformando una supermatriz concatenada de cientos de miles de posiciones de aminoácidos informativas.

El análisis particionado de máxima verosimilitud evaluó los 750 genes de manera independiente, determinando el modelo de sustitución evolutiva con el mejor ajuste para cada locus. El archivo de registro evidenció una alta diversidad de modelos empíricos seleccionados, destacándose variantes de las matrices LG, Q.PLANT, JTT, DAYHOFF, Q.PFAM, VT y Q.YEAST. Para capturar adecuadamente la dinámica evolutiva de las secuencias, la mayoría de las particiones incorporó parámetros destinados a modelar la heterogeneidad de tasas entre sitios,

incluyendo la proporción de sitios invariables (+I), distribuciones Gamma discretas (+G4) y modelos de tasas libres (+R2, +R3), así como frecuencias empíricas de aminoácidos (+F) cuando fue requerido, alcanzando una log-verosimilitud (LogL) óptima del árbol de -2303395.56.

Las reconstrucciones filogenéticas obtenidas mediante el modelo coalescente multiespecie (ASTRAL, Figura 2) y el enfoque de supermatriz bajo máxima verosimilitud (IQ-TREE, Figura 3) mostraron topologías altamente congruentes. Ambos análisis recuperaron con éxito la separación de los cuatro grandes complejos de especies documentados para el género. Utilizando a *Trichoderma reesei* como grupo externo, el primer linaje en divergir correspondió al complejo de especies de *Fusarium solani* (FSSC, clado verde). En esta ramificación basal, la cepa local FG17-FCIC24 se agrupó con la especie de referencia *F. solani*, soportado por valores de confianza absolutos (SH-aLRT = 100%, UFBoot = 100%, LPP \geq 0.95).

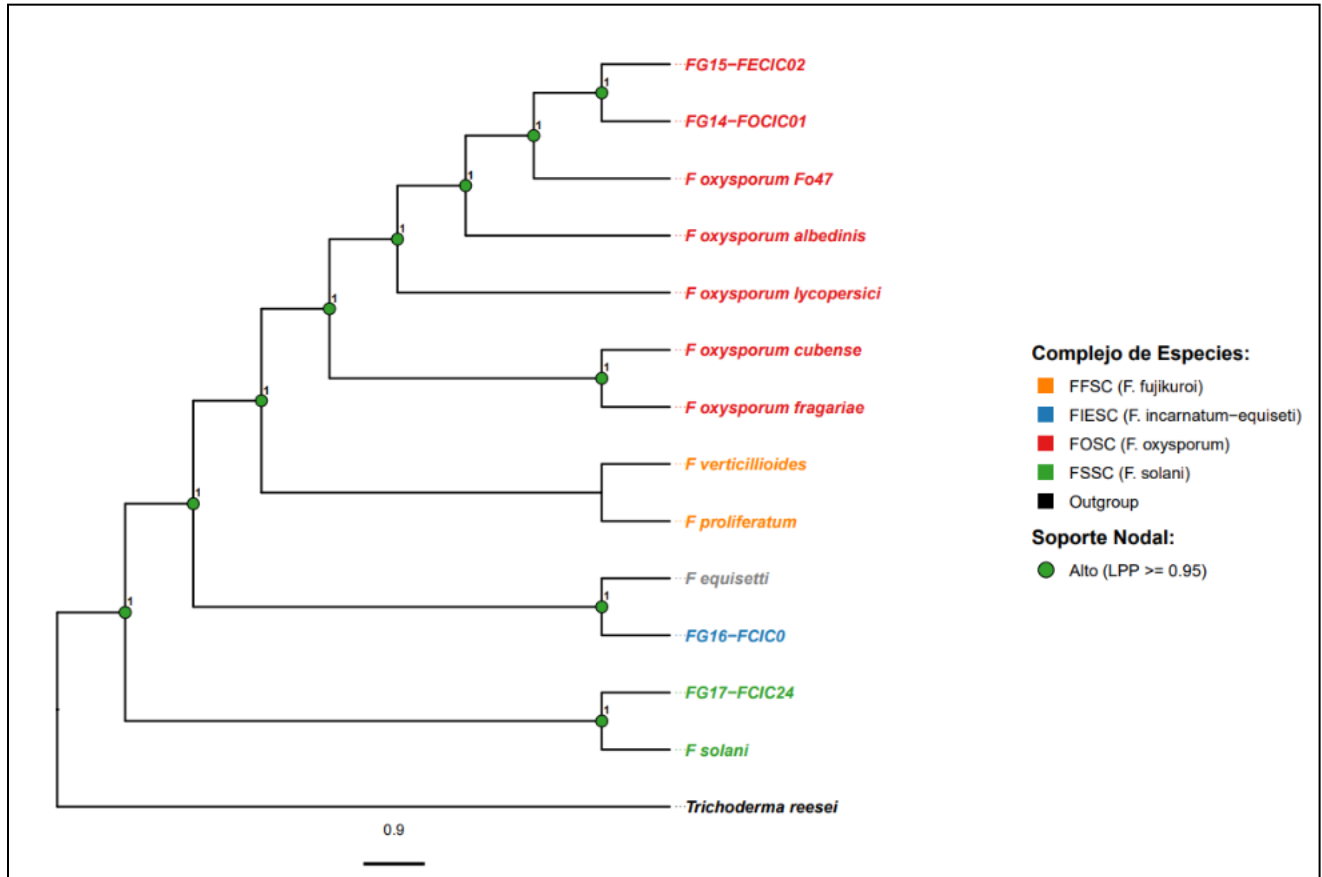
El segundo gran clado divergente agrupó a los miembros del complejo de especies *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC, clado azul). En este grupo, la cepa local FG16-FCIC0 se posicionó como el taxón hermano de *F. equiseti*, mostrando igualmente un soporte nodal máximo en ambos métodos (100/100). Avanzando hacia las ramificaciones más derivadas, el árbol reveló una estrecha relación de clados hermanos (soporte 98.9/98) entre el complejo de *Fusarium fujikuroi* (FFSC, clado naranja), representado por *F. proliferatum* y *F. verticillioides* (soporte interno 97.1/96), y el clado de especies representado de color rojo.

Dicho clado correspondió al complejo de especies *Fusarium oxysporum* (FOSC, clado rojo), el cual albergó a los dos aislamientos locales restantes. Las cepas FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02 formaron un subclado monofilético altamente soportado (SH-aLRT = 91.5%, UFBoot = 92%). Este subclado se situó en estrecha proximidad topológica con la cepa de referencia *F.*

oxysporum Fo47 y la forma especial *F. oxysporum* f. sp. *albedinis*, dentro de la compleja radiación evolutiva que caracteriza a FOOSC (soporte del clado superior 96.4/95).

Figura 2

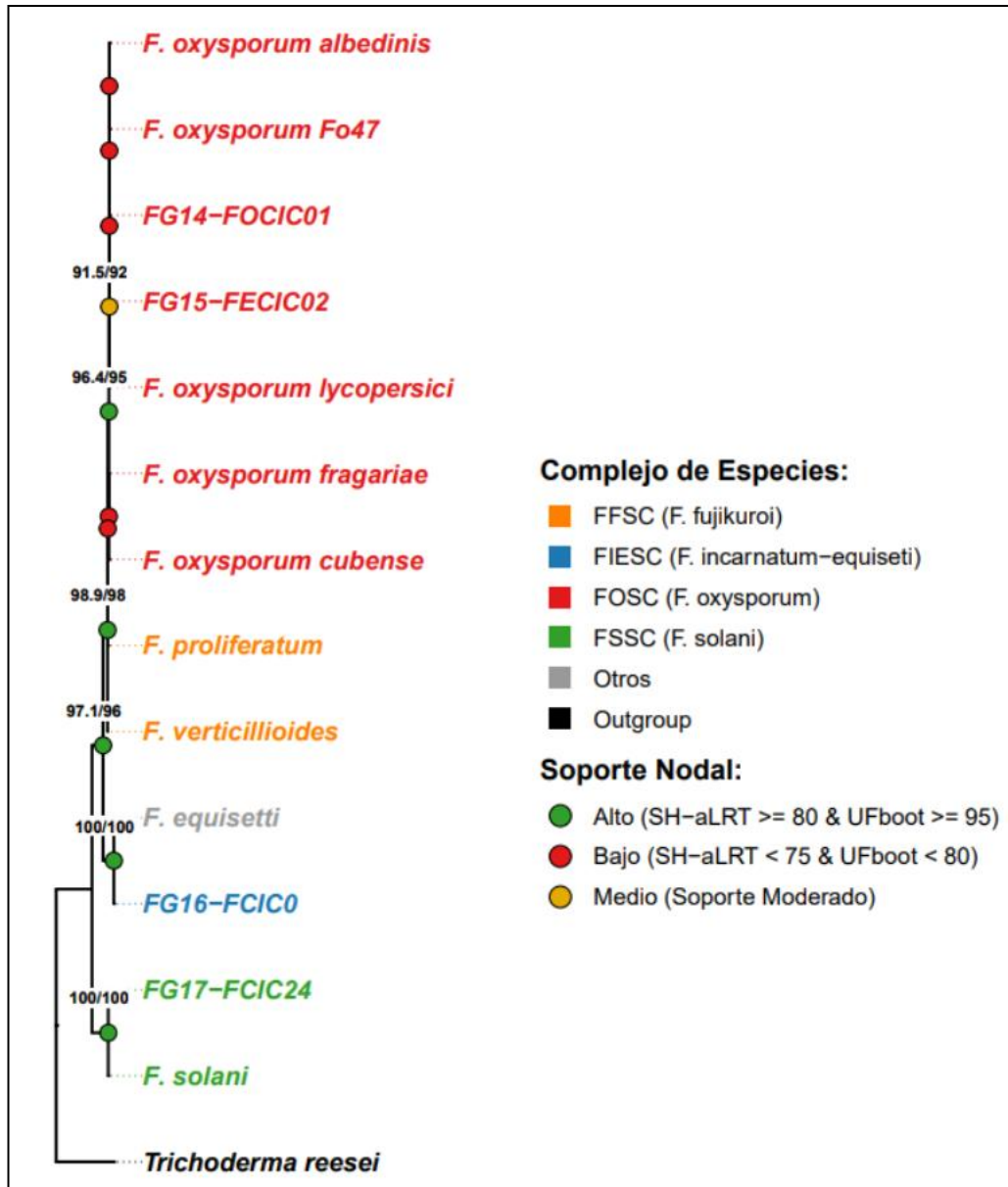
Árbol de especies bajo el modelo de coalescencia



Nota. La figura muestra el árbol de especies reconstruido mediante el modelo coalescente ASTRAL, enraizado con *Trichoderma reesei* como grupo externo. Los nodos con un soporte de Probabilidad Posterior Local (LPP) \geq 0.95 se indican con círculos verdes. Se delimitan claramente los cuatro complejos de especies: *F. oxysporum* (FOOSC, rojo); *F. fujikuroi* (FFSC, naranja); *F. incarnatum-equiseti* (FIESC, azul) y *F. solani* (FSSC, verde), demostrando la ubicación de los cuatro aislamientos locales dentro de tres de estos complejos.

Figura 3

Árbol de Máxima Verosimilitud - supermatriz



Nota. La figura representa el árbol filogenético generado mediante el análisis de supermatriz por Máxima Verosimilitud (IQ-TREE). El soporte nodal está representado por círculos codificados por color y por los valores numéricos directos sobre las ramas (SH-aLRT / UFBoot). La topología confirma las relaciones estructurales de los complejos de especies descritos

por el modelo coalescente, mostrando altos niveles de soporte para la ubicación de los aislamientos locales (FG14-FOCIC01 a FG17-FCIC24). La barra de escala representa el número de sustituciones por sitio.

4.3 Análisis Comparativo de Similitud Genómica - Identidad Nucleotídica Promedio (ANI)

El análisis de Identidad Nucleotídica Promedio (ANI) a nivel de genoma completo aportó evidencia complementaria y consistente con los patrones de afinidad recuperados en la reconstrucción filogenética. La matriz de similitud pareada (Figura 4) reveló la formación de bloques densos de alta identidad correspondientes a los complejos de especies, con valores que oscilaron desde un 78.0% en las divergencias más profundas (comparaciones inter-complejos, representadas en tonos azules fríos), hasta un 100% absoluto en las comparaciones intra-aislamiento.

Dentro del complejo *Fusarium oxysporum* (FOSC), las cepas locales FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02 exhibieron un valor de ANI excepcional del 100.0% entre sí, indicando que a nivel genómico son virtualmente idénticas (clonales). Al compararse con la cepa de referencia *F. oxysporum* Fo47, ambos aislamientos mostraron un valor de ANI de 99.20%. Al superar ampliamente el umbral genómico de referencia del 95%, este hallazgo es consistente con su afinidad genómica respecto a miembros de *F. oxysporum*.

Por su parte, la evaluación del aislamiento FG17-FCIC24 frente al genoma de referencia de *Fusarium solani* arrojó un valor de ANI de 95.05%. Este valor limítrofe sitúa a la cepa local justo en el umbral estricto de delimitación de especie (~95%), lo que respalda su pertenencia al

complejo FSSC y, a su vez, sugiere una diferenciación genómica considerable respecto a la cepa de referencia empleada.

Finalmente, un contraste notable se observó en el aislamiento FG16-FCIC0. La comparación pareada de este genoma frente a su taxón más cercano filogenéticamente, la cepa de referencia *Fusarium equiseti*, resultó en un valor de ANI de 91.61%. Dado que este porcentaje se ubica por debajo del umbral de referencia del 95% comúnmente utilizado para comparaciones a nivel de especie, los datos genómicos sugieren que, aunque la cepa FG16-FCIC0 se agrupa dentro del clado FIESC, presenta una diferenciación genómica respecto a *F. equiseti*.

Figura 4

Tabla de identidad nucleotídica promedio (ANI) entre aislamientos fúngicos



Nota. Mapa de calor (*heatmap*) representativo de la Identidad Nucleotídica Promedio (ANI) calculada a nivel de genoma completo entre todos los ensamblajes del género *Fusarium*. Las celdas indican el porcentaje exacto de similitud pareada, estructurado mediante un dendrograma jerárquico que refleja los clados filogenéticos. La escala de gradiente de color facilita la identificación visual de los límites taxonómicos: los bloques en tonos cálidos (naranja-rojo) denotan congruencia a nivel de especie ($\geq 95\%$ ANI), mientras que los tonos fríos (azul) evidencian divergencias genómicas correspondientes a especies o complejos distintos.

5. Discusión

5.1 Ensamblajes Genómicos

Los ensamblajes genómicos obtenidos para los 14 genomas analizados presentaron métricas consistentes con los estándares de calidad requeridos para análisis filogenómicos de alta resolución. Los tamaños de los genomas inferidos oscilaron dentro de los rangos reportados históricamente para el género *Fusarium* (aproximadamente 35 y 60 Mb, Ma et al., 2010), lo que sugiere una adecuada reconstrucción del espacio genómico. La estrategia de implementar un doble criterio de selección metodológica demostró ser efectiva. Por un lado, la priorización de ortólogos BUSCO (>97.5%) aseguró la retención de un alto contenido de información filogenética, minimizando el riesgo de incluir secuencias parálogas. Por otro lado, la métrica N50 y el número de contigs reflejaron diferencias notables de continuidad: las cepas locales FG14-FOCIC01, FG15-FECIC02 y FG16-FCIC0 presentaron ensamblajes altamente continuos, con un bajo número de contigs, superando incluso a genomas de referencia como *Fusarium oxysporum* Fo47. Esto demuestra la factibilidad de utilizar estas secuencias para futuras exploraciones funcionales. Aunque la cepa FG17-FCIC24 evidenció un mayor grado de fragmentación estructural, su alta completitud génica validó su inclusión y no comprometió la inferencia evolutiva, demostrando que en genómica comparativa la fragmentación no es un limitante estricto siempre que el contenido ortólogo esté preservado (Coil et al., 2014; Simão et al., 2015; Dunitz et al., 2015).

5.2 Análisis Filogenómico

Las topologías obtenidas mediante los enfoques de supermatriz (IQ-TREE) y coalescencia multiespecie (ASTRAL) mostraron congruencia en la separación de los cuatro complejos principales evaluados (FOSC, FFSC, FIESC y FSSC). Si bien las divergencias más profundas exhibieron valores de soporte nodal excepcionalmente altos (100%), se observó un soporte

moderado en algunas ramificaciones internas recientes dentro del análisis de supermatriz. Las diferencias observadas en los valores de soporte entre los enfoques de concatenación y coalescencia han sido ampliamente documentadas en la literatura. Se reconoce que la discordancia entre árboles génicos, derivada de procesos como el sorteo incompleto de linajes (ILS) o variaciones en las tasas evolutivas, puede generar señales conflictivas en análisis basados en supermatrices (Degnan & Rosenberg, 2009; Kubatko & Degnan, 2007; Mirarab et al., 2014). En este contexto, los métodos coalescentes como ASTRAL permiten recuperar relaciones evolutivas más consistentes al integrar la variabilidad entre genes individuales (Zhang et al., 2018), lo que confirma que la señal filogenética subyacente en este estudio es altamente confiable.

Las cepas FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02 se agruparon con alto soporte dentro del FOOSC, formando un clado hermano de la cepa de referencia *F. oxysporum* Fo47. Este resultado es consistente con estudios que demuestran que el FOOSC es un complejo con una notable diversidad ecológica y funcional, compuesto por múltiples linajes con estilos de vida contrastantes (patógenos, endófitos y saprófitos) sin presentar necesariamente una gran divergencia a nivel de secuencia (Gordon & Martyn, 1997; Ma et al., 2010, 2013). Particularmente, la cepa Fo47 es un linaje no patógeno bien documentado y usado en biocontrol (Olivain et al., 2006). Su cercanía filogenética sugiere que los aislamientos FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02 podrían compartir rasgos ecológicos de estilo de vida libre; sin embargo, la patogenicidad o el potencial metabólico de estas cepas no fue evaluado, por lo que estas inferencias deben interpretarse con cautela y validadas mediante análisis funcionales adicionales.

El aislamiento FG16-FCIC0 se posicionó con alto soporte como taxón hermano de *Fusarium equiseti*. Esta relación es consistente con la estructura filogenética del complejo *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC), el cual se caracteriza por agrupar múltiples

linajes evolutivos en clados bien definidos, incluyendo el clado *equiseti* (O'Donnell et al., 2007; Maryani et al., 2019). Diversos estudios han demostrado que aislamientos morfológicamente asignados a *F. equiseti* pueden corresponder a distintas especies filogenéticas, evidenciando una alta diversidad genética y la presencia de especies crípticas (Castellá & Cabañes, 2014; Xia et al., 2019).

Simultáneamente, la cepa FG17-FCIC24 se ubicó en una posición basal junto a *Fusarium solani*, confirmando su pertenencia al complejo FSSC. Este grupo es ampliamente reconocido por su elevada diversidad genética y la presencia de múltiples linajes estrechamente relacionados (O'Donnell et al., 2008; Geiser et al., 2013). Estudios previos han advertido que lo tradicionalmente identificado como *F. solani* corresponde en realidad a un complejo de especies, en el cual diferentes taxones pueden ocupar posiciones cercanas sin representar la misma entidad biológica (Zhang et al., 2006). La afinidad filogenética observada en FG17-FCIC24 refleja precisamente esta complejidad evolutiva interna.

A nivel general, los resultados obtenidos no respaldan completamente la hipótesis inicial de este estudio, la cual proponía que las cepas de *Fusarium* aisladas de tuberías de polietileno conformarían un clado monofilético asociado a una adaptación evolutiva común. Por el contrario, las reconstrucciones evidenciaron que los aislamientos pertenecen a linajes filogenéticamente independientes y divergentes.

Aunque los genes BUSCO de copia única proporcionan loci ortólogos robustos y comparables entre taxones, estos tienden a ser conservados. En escalas evolutivas recientes, esta característica podría reducir la resolución de nodos internos. Adicionalmente, el empleo de secuencias de aminoácidos prioriza cambios no sinónimos y puede omitir variación nucleotídica

potencialmente informativa. En futuros análisis, el uso de secuencias codificantes nucleotídicas con esquemas de partición por posición de codón podría incrementar la señal filogenética en divergencias recientes.

De igual forma, si bien enfoques de inferencia de ortología filogenéticamente informados, como UPhO (Unrooted Phylogenetic Orthology) podrían ampliar el número de loci potencialmente informativos y favorecer la resolución de divergencias recientes entre taxones estrechamente relacionados, su implementación requería la incorporación de un pipeline metodológico adicional no contemplado en el diseño inicial del estudio. En este sentido, y considerando el alcance planteado para la presente investigación, se priorizó el uso de loci derivados de BUSCO como un marco estandarizado, reproducible y ampliamente utilizado en análisis filogenómicos. No obstante, la aplicación futura de enfoques complementarios como UPhO podría contribuir a fortalecer la resolución filogenética en escalas evolutivas recientes (Ballesteros & Hormiga, 2016).

5.3 Análisis Comparativo de Similitud Genómica (Identidad Nucleotídica Promedio)

El análisis de Identidad Nucleotídica Promedio (ANI) respaldó cuantitativamente la topología del árbol de especies. Los valores de ANI >99% entre las cepas FG14-FOCIC01, FG15-FECIC02 y la referencia *F. oxysporum* Fo47 superan el límite de delimitación de especie (~95%) propuesto para microorganismos (Jain et al., 2018). Estos resultados respaldan su asignación dentro del FOOSC. Asimismo, la similitud de 99.99% entre ambas cepas indica una relación genómica muy estrecha, compatible con variantes intraespecíficas estrechamente emparentadas.

El aislamiento FG17-FCIC24, con un 95.05% de similitud frente a *F. solani*, se sitúa de manera limítrofe en el umbral estricto de delimitación genómica (~95%). Este valor marginal

sugiere fuertemente una relación a nivel de especie o subespecie dentro del altamente diverso complejo FSSC.

El hallazgo más significativo derivó de la cepa FG16-FCIC0. A pesar de agruparse como taxón hermano de *F. equiseti* en la filogenia, su ANI del 91.61% sugiere que no pertenece a dicha especie, al ubicarse significativamente por debajo del umbral estándar. Este resultado permite inferir que FG16-FCIC0 corresponde a un linaje genómicamente diferenciado dentro del complejo FIESC, y resalta la utilidad del análisis de genomas completos como herramienta complementaria para evaluar relaciones entre taxones estrechamente relacionados.

Los valores de ANI que se obtuvieron en este estudio deben interpretarse como una medida comparativa de similitud genómica entre las cepas analizadas y los genomas de referencia disponibles. En este sentido, los resultados aportan evidencia complementaria para reconocer distintos niveles de afinidad y diferenciación entre linajes de *Fusarium*. No obstante, debido al número limitado de secuencias incluidas y al alcance del enfoque empleado, estos resultados no se interpretan como una delimitación taxonómica formal en sentido estricto, sino como una aproximación exploratoria útil para contextualizar los patrones recuperados en los análisis filogenómicos.

5.4 Potencial Biotransformador de Plásticos en las Cepas de *Fusarium*

Las cepas analizadas (FG14-FOCIC01, FG15-FECIC02, FG16-FCIC0 y FG17-FCIC24), recuperadas de tuberías de polietileno biodegradadas, sugieren un posible papel en procesos de biotransformación. Varios estudios han demostrado que algunos hongos filamentosos, y particularmente especies de *Fusarium* recuperadas de ambientes contaminados, pueden

transformar compuestos recalcitrantes gracias a su versatilidad metabólica y a la acción de enzimas oxidativas como lacasas y peroxidasas (Restrepo-Flórez et al., 2014; Sánchez, 2020).

La distribución de estos aislamientos en diferentes clados (FOSC, FSSC y FIESC) sugiere que la capacidad de colonizar o persistir en ambientes asociados a polímeros sintéticos no está restringida a un único linaje evolutivo. En este sentido, los resultados apuntan hacia un fenómeno de convergencia ecológica, donde diferentes grupos han desarrollado de manera independiente la capacidad de colonizar ambientes similares, posiblemente debido a la plasticidad metabólica compartida dentro del género. En contraste, la ausencia de representantes del complejo *Fusarium fujikuroi* (FFSC) en esta muestra podría reflejar diferencias en la especialización ecológica entre complejos, aunque también podría atribuirse a la cantidad limitada de cepas evaluadas, por lo que sería recomendable aumentar el muestreo para corroborarlo.

6. Conclusiones

La implementación de un doble criterio de evaluación en el ensamblaje genómico (filogenético y estructural) constituyó una estrategia efectiva para seleccionar conjuntos de datos adecuados según distintos objetivos analíticos. Esto permitió priorizar loci ortólogos informativos para la inferencia evolutiva y, simultáneamente, conservar ensamblajes de alta contigüidad (con valores de N50 superiores a 1 Mb) de utilidad para futuros análisis funcionales y comparativos.

Las reconstrucciones filogenómicas mediante ASTRAL e IQ-TREE permitieron resolver la ubicación de las cepas aisladas de tuberías de polietileno, distribuyéndolas en tres complejos de especies distintos: *Fusarium oxysporum* species complex (FOSC; cepas FG14-FOCIC01 y FG15-FECIC02), *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex (FIESC; cepa FG16-FCIC0) y *Fusarium solani* species complex (FSSC; cepa FG17-FCIC24).

La distribución de estas cepas en múltiples complejos de especies no respalda la hipótesis de un origen monofilético asociado exclusivamente a este nicho. En cambio, su coexistencia en un mismo ambiente antropogénico es compatible con un patrón de convergencia ecológica, posiblemente favorecido por la plasticidad metabólica ampliamente reconocida en el género *Fusarium*.

El análisis de Identidad Nucleotídica Promedio (ANI) complementó la evidencia filogenómica obtenida, permitiendo reconocer patrones de similitud y diferenciación genómica entre las cepas analizadas y genomas de referencia. Estos resultados resaltan la utilidad del ANI como herramienta comparativa para contextualizar relaciones entre taxones estrechamente relacionados.

Finalmente, aunque la presencia y supervivencia de estos linajes en polietileno biodegradado sugiere un fuerte potencial biotecnológico, su rol como biotransformadores activos debe tratarse como inferencial. Este estudio proporciona los cimientos genómicos de alta calidad necesarios para guiar la inminente validación de este potencial mediante ensayos enzimáticos *in vitro* y minería de clústeres metabólicos.

Referencias Bibliográficas

- Ali, S. A., Zakarya, S., & Khaled, S. (2022). Screening and Optimisation of the Biodegradation Potential for Low Density Polyethylene (LDPE) Films by *Fusarium Equiseti* and *Brevibacillus Parabrevis*. *Biosciences Biotechnology Research Asia*, 19(1), 215. <https://doi.org/10.13005/bbra/2980>
- Almeida FMd, Campos TAd and Pappas Jr GJ. Scalable and versatile container-based pipelines for de novo genome assembly and bacterial annotation. *F1000Research* 2023, 12:1205 (<https://doi.org/10.12688/f1000research.139488.1>)
- Araya, M., Villarreal, P., Moyano, T., Santos, A. R. O., Díaz, F. P., Bustos-Jarufe, A., Urbina, K., Del Pino, J. E., Groenewald, M., Gutiérrez, R. A., Rosa, C. A., & Cubillos, F. A. (2024). *Nakazawaea atacamensis* f.a., sp. nov. a novel nonconventional fermentative ascomycetous yeast species from the Atacama Desert. *Yeast (Chichester, England)*, 41(1-2), 52–63. <https://doi.org/10.1002/yea.3920>
- Banguera O., A. S., Rangel H., P., & Caicedo B., L. D. (2023). Degradación del polietileno de baja densidad mediada por hongos filamentosos: Una revisión sistemática. Universidad Santiago de Cali. Recuperado de <https://repositorio.usc.edu.co/bitstreams/f8f1985d-815c-480a-93e8-e996bc5683cb/download>
- Bankevich, A., Nurk, S., Antipov, D., Gurevich, A. A., Dvorkin, M., Kulikov, A. S., Lesin, V. M., Nikolenko, S. I., Pham, S., Prjibelski, A. D., Pyshkin, A. V., Sirotkin, A. V., Vyahhi, N., Tesler, G., Alekseyev, M. A., & Pevzner, P. A. (2012). SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *Journal of computational biology : a journal of computational molecular cell biology*, 19(5), 455–477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>

- Barrientos Urdinola, K, Montoya Álvarez, M, Gaviria, M y Gutiérrez Betancur, J. (2024). Plásticos: identificando sus impactos socioeconómicos en un mundo en evolución. Universidad de Antioquia. Disponible en: <https://hdl.handle.net/10495/44823>
- Bugingo, C., Infantino, A., Okello, P., Perez-Hernandez, O., Petrović, K., Turatsinze, A. N., & Moparthi, S. (2025). From Morphology to Multi-Omics: A New Age of Fusarium Research. *Pathogens*, 14(8), 762. <https://doi.org/10.3390/pathogens14080762>
- Capella-Gutiérrez, S., Silla-Martínez, J. M., & Gabaldón, T. (2009). trimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses. *Bioinformatics*, 25(15), 1972-1973.
- Castellá, G., & Cabañes, F. J. (2014). Phylogenetic diversity of *Fusarium incarnatum*-*equiseti* species complex isolated from Spanish wheat. *Antonie van Leeuwenhoek*, 106(2), 309–317. <https://doi.org/10.1007/s10482-014-0200-x>
- Chen S. (2025). fastp 1.0: An ultra-fast all-round tool for FASTQ data quality control and preprocessing. *iMeta*, 4(5), e70078. <https://doi.org/10.1002/imt2.70078>
- Coil, Jospin & Darling (2014). Coil D, Jospin G, Darling AE. A5-miseq: an updated pipeline to assemble microbial genomes from Illumina MiSeq data. *Bioinformatics*. 2014;31(4):587–589. doi: 10.1093/bioinformatics/btu661.
- Corrales Murillo, S. J. (2025). Identificación de marcadores metabólicos en la biodegradación de plásticos por hongos nativos del género *Fusarium* [Tesis de maestría, Universidad Industrial de Santander]. Repositorio institucional NOESIS. <https://noesis.uis.edu.co/handle/20.500.14071/45280>

de Almeida, F. M., de Campos, T. A., & Pappas, G. J., Jr (2023). Scalable and versatile container-based pipelines for de novo genome assembly and bacterial annotation. *F1000Research*, 12, 1205. <https://doi.org/10.12688/f1000research.139488.1>

Degnan, J. H., & Rosenberg, N. A. (2009). Gene tree discordance, phylogenetic inference and the multispecies coalescent. *Trends in ecology & evolution*, 24(6), 332–340. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2009.01.009>

Dimarogona, M., Nikolaiivits, E., Kanelli, M., Christakopoulos, P., Sandgren, M., & Topakas, E. (2015). Structural and functional studies of a *Fusarium oxysporum* cutinase with polyethylene terephthalate modification potential. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1850(11), 2308–2317. <https://doi.org/10.1016/j.bbagen.2015.08.009>

Dunitz, M. I., Lang, J. M., Jospin, G., Darling, A. E., Eisen, J. A., & Coil, D. A. (2015). Swabs to genomes: a comprehensive workflow. *PeerJ*, 3, e960. <https://doi.org/10.7717/peerj.960>

Simão, F. A., Waterhouse, R. M., Ioannidis, P., Kriventseva, E. V., & Zdobnov, E. M. (2015). BUSCO: assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 31(19), 3210–3212. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv351>

Geiser, D. M., Aoki, T., Bacon, C. W., Baker, S. E., Bhattacharyya, M. K., Brandt, M. E., Brown, D. W., Burgess, L. W., Chulze, S., Coleman, J. J., Correll, J. C., Covert, S. F., Crous, P. W., Cuomo, C. A., De Hoog, G. S., Di Pietro, A., Elmer, W. H., Epstein, L., Frandsen, R. J., Freeman, S., ... Zhang, N. (2013). One fungus, one name: defining the genus *Fusarium* in a scientifically robust

way that preserves longstanding use. *Phytopathology*, 103(5), 400–408.
<https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-12-0150-LE>

Gonzales Alcos, V. C. (2020). CAPACIDAD BIODEGRADATIVA DE HONGOS FILAMENTOSOS FRENTE AL POLIETILENO. *Revista De Investigaciones*, 9(3), 1792-1804. <https://doi.org/10.26788/riepg.v9i3.1625>

Guindon, S., Dufayard, J. F., Lefort, V., Anisimova, M., Hordijk, W., & Gascuel, O. (2010). New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic Biology*, 59(3), 307-321.

Gurevich, A., Saveliev, V., Vyahhi, N., & Tesler, G. (2013). QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics* (Oxford, England), 29(8), 1072–1075.
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086>

Hoang, D. T., Chernomor, O., von Haeseler, A., Minh, B. Q., & Vinh, L. S. (2018). UFBoot2: improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular Biology and Evolution*, 35(2), 518-522.

Jain, C., Rodriguez-R, L. M., Phillippy, A. M., Konstantinidis, K. T., & Aluru, S. (2018). High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. *Nature Communications*, 9(1), 5114. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07641-9>

Ballesteros, J. A., & Hormiga, G. (2016). A New Orthology Assessment Method for Phylogenomic Data: Unrooted Phylogenetic Orthology. *Molecular biology and evolution*, 33(8), 2117–2134.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msw069>

- Kalyaanamoorthy, S., Minh, B. Q., Wong, T. K., von Haeseler, A., & Jermini, L. S. (2017). ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, 14(6), 587-589.
- Kamil, Deeba & Mishra, Ajay & Das, Amrita & Karamballi, Nishmitha. (2025). Genus *Fusarium* and *Fusarium* species complexes. DOI: 10.1016/B978-0-443-13856-0.00016-6
- Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4), 772-780.
- Khatua, S., Simal-Gandara, J. & Acharya, K. Myco-remediation of plastic pollution: current knowledge and future prospects. *Biodegradation* 35, 249–279 (2024). <https://doi.org/10.1007/s10532-023-10053-2>
- Kubatko, L. S., & Degnan, J. H. (2007). Inconsistency of phylogenetic estimates from concatenated data under coalescence. *Systematic biology*, 56(1), 17–24. <https://doi.org/10.1080/10635150601146041>
- Kullnig-Gradinger, C. M., Szakacs, G., & Kubicek, C. P. (2002). Phylogeny and evolution of the genus *Trichoderma*: a multigene approach. *Mycological Research*, 106(7), 757–767. doi:10.1017/S0953756202006172
- Laurence, M. H., Summerell, B. A., Burgess, L. W., & Liew, E. C. (2014). Genealogical concordance phylogenetic species recognition in the *Fusarium oxysporum* species complex. *Fungal biology*, 118(4), 374–384. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2014.02.002>
- Li, D., Liu, C. M., Luo, R., Sadakane, K., & Lam, T. W. (2015). MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph.

Bioinformatics (Oxford, England), 31(10), 1674–1676.

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv033>

Liu X, Park H, Ackermann YS, Avérous L, Ballerstedt H, Besenmatter W, Blázquez B, Bornscheuer UT, Branson Y, Casey W, de Lorenzo V, Dong W, Floehr T, Godoy MS, Ji Y, Jupke A, Klankermayer J, León DS, Liu L, Liu X, Liu Y, Manoli MT, Martínez-García E, Narancic T, Nogales J, O'Connor K, Osterthun O, Perrin R, Prieto MA, Pollet E, Sarbu A, Schwaneberg U, Su H, Tang Z, Tiso T, Wang Z, Wei R, Welsing G, Wierckx N, Wolter B, Xiao G, Xing J, Zhao Y, Zhou J, Tan T, Blank LM, Jiang M, Chen GQ. Exploring biotechnology for plastic recycling, degradation and upcycling for a sustainable future. *Biotechnol Adv.* 2025 Jul-Aug;81:108544. doi: 10.1016/j.biotechadv.2025.108544. Epub 2025 Feb 28. PMID: 40024585.

Londoño, S. P., Buitrago-González, M. E., Lamus-Molina, V., Asprilla-Asprilla, S., Ruíz-Terán, J. E., & Villegas-Méndez, L. C. (2019). Evaluación de la biodegradación del polietileno, poliestireno y polipropileno, mediante ensayos controlados en suspensión sólida con el hongo *Aspergillus flavus*. *Scientia Et Technica*, 24(3), 532–540. <https://doi.org/10.22517/23447214.20731>

Lope, E. S. (2024). Biodegradación de polietileno de baja densidad mediante el empleo del *Aspergillus* sp. aislada de la celda transitoria de Huanuyo. (Tesis de pregrado). Universidad Nacional de Juliaca. Juliaca. <https://hdl.handle.net/20.500.14845/54>

Lawson, L. P., Goutte, S., & Liedtke, H. C. (2026). Whole-genome sequence of the African Common Reed Frog (*Hyperolius viridiflavus viridiflavus*) from Ethiopia. *G3 (Bethesda, Md.)*, 16(1), jkaf257. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkaf257> Ma, L.J., van der Does, H., Borkovich, K. et al. Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in *Fusarium*. *Nature* 464, 367–373 (2010). <https://doi.org/10.1038/nature08850>

- Ma, L. J., van der Does, H. C., Borkovich, K. A., Coleman, J. J., Daboussi, M. J., Di Pietro, A., Dufresne, M., Freitag, M., Grabherr, M., Henrissat, B., Houterman, P. M., Kang, S., Shim, W. B., Woloshuk, C., Xie, X., Xu, J. R., Antoniw, J., Baker, S. E., Bluhm, B. H., Breakspear, A., ... Rep, M. (2010). Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in *Fusarium*. *Nature*, *464*(7287), 367–373. <https://doi.org/10.1038/nature08850>
- Manni, M., Berkeley, M. R., Seppey, M., Simão, F. A., & Zdobnov, E. M. (2021). BUSCO update: novel and streamlined workflows along with broader and deeper phylogenetic coverage for scoring of genomic assemblies. *Molecular Biology and Evolution*, *38*(10), 4647-4654.
- Maryani, N., Lombard, L., Poerba, Y. S., Subandiyah, S., Crous, P. W., & Kema, G. H. J. (2019). Phylogeny and genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in the Indonesian centre of origin. *Studies in mycology*, *92*, 155–194. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2018.06.003>
- Maryani, N., Sandoval-Denis, M., Lombard, L., Crous, P. W., & Kema, G. H. J. (2019). New endemic *Fusarium* species hitch-hiking with pathogenic *Fusarium* strains causing Panama disease in small-holder banana plots in Indonesia. *Persoonia*, *43*, 48–69. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.02>
- Moore-Pollard, Erika & Mandel, Jennifer. (2023). From paralogy to hybridization: Investigating causes of underlying phylogenomic discordance using the complex genus *Packera* (Senecioneae; Asteraceae). [10.1101/2023.08.14.553290](https://doi.org/10.1101/2023.08.14.553290).
- Nagarajan, N., Pop, M. (2013). Conjunto de secuencia desmitificado. *Nat Rev Genet* *14*, 157–167. <https://doi.org/10.1038/nrg3367>

Nelson, P. E., Dignani, M. C., & Anaissie, E. J. (1994). Taxonomy, biology, and clinical aspects of *Fusarium* species. *Clinical microbiology reviews*, 7(4), 479–504.

<https://doi.org/10.1128/CMR.7.4.479>

Nguyen, L. T., Schmidt, H. A., von Haeseler, A., & Minh, B. Q. (2015). IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1), 268-274.

Nirmaladevi, D., Venkataramana, M., Srivastava, R. et al. Molecular phylogeny, pathogenicity and toxigenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Sci Rep* 6, 21367 (2016).

<https://doi.org/10.1038/srep21367>

O'Donnell, K., Sutton, D. A., Fothergill, A., McCarthy, D., Rinaldi, M. G., Brandt, M. E., Zhang, N., & Geiser, D. M. (2008). Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. *Journal of clinical microbiology*, 46(8), 2477–2490. <https://doi.org/10.1128/JCM.02371-07>

O'Donnell, K., Sarver, B. A., Brandt, M., Chang, D. C., Noble-Wang, J., Park, B. J., Sutton, D. A., Benjamin, L., Lindsley, M., Padhye, A., Geiser, D. M., & Ward, T. J. (2007). Phylogenetic diversity and microsphere array-based genotyping of human pathogenic *Fusaria*, including isolates from the multistate contact lens-associated U.S. keratitis outbreaks of 2005 and 2006. *Journal of clinical microbiology*, 45(7), 2235–2248. <https://doi.org/10.1128/JCM.00533-07>

Olivain, C., Humbert, C., Nahalkova, J., Fatehi, J., L'Haridon, F., & Alabouvette, C. (2006). Colonization of tomato root by pathogenic and nonpathogenic *Fusarium oxysporum* strains inoculated together

and separately into the soil. *Applied and environmental microbiology*, 72(2), 1523–1531.

<https://doi.org/10.1128/AEM.72.2.1523-1531.2006>

Ortega, R. I., & Acosta, J. A. (2021). Porcentaje de biodegradación de polietileno de baja densidad por *Fusarium solani*. *Avances en Ciencias e Ingeniería*, 12(2), 13-31. Recuperado de

<https://www.executivebs.org/publishing.cl/aci/2021/Vol12/Nro2/2-ACI1382-21-full.pdf>

Perez Rojo, F., Pillow, J. J., & Kaur, P. (2023). Bioprospecting microbes and enzymes for the production of pterocarpans and coumestans. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*, 11, 1154779.

<https://doi.org/10.3389/fbioe.2023.1154779>

Price, M. N., Dehal, P. S., & Arkin, A. P. (2010). FastTree 2—approximately maximum-likelihood trees for large alignments. *PLoS One*, 5(3), e9490.

Restrepo-Flórez, J., Bassi, A., & Thompson, M. R. (2014). Microbial degradation and deterioration of polyethylene – A review. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 88, 83-90.

<https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2013.12.014>

Reyna I. Ortega, & Ismael Acosta. (2021). Degradación de polietileno de baja densidad por *Fusarium solani*. *Avances en ciencias e ingeniería*, 12(2), 13-31.

<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8081179>

Richter, M., & Rosselló-Móra, R. (2009). Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition to in silico computation of sequence-based methods. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(45), 19126-19131.

Rojas-Miranda, H., Madrigal-Ly, V. & Molina-Mora, J.A. Benchmarking genome assemblers for four bacterial models based on contiguity, correctness, and completeness. *Sci Rep* 15, 42858 (2025).

<https://doi.org/10.1038/s41598-025-26847-8>

S. Mirarab, R. Reaz, Md. S. Bayzid, T. Zimmermann, M. S. Swenson, T. Warnow, ASTRAL: genome-scale coalescent-based species tree estimation, *Bioinformatics*, Volume 30, Issue 17, September 2014, Pages i541–i548, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu462>

Sánchez, C. (2019). Fungal potential for the degradation of petroleum-based polymers: An overview of macro- and microplastics biodegradation. *Biotechnology Advances*, 40, 107501.

<https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2019.107501>

Seemann, T. (2018). Shovill: Faster SPAdes assembly of Illumina reads (pipeline). GitHub repository.

<https://github.com/tseemann/shovill>

Souvorov, A., Agarwala, R. & Lipman, D. SKESA: strategic k-mer extension for scrupulous assemblies. *Genome Biol* 19, 153 (2018). <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1540-z>

T. R. Gordon, R. D. Martyn. 1997. THE EVOLUTIONARY BIOLOGY OF *FUSARIUM OXYSPORUM*. *Annual Review Phytopathology*. 35:111-128.

<https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.35.1.111>

Wick, R. R., Judd, L. M., Gorrie, C. L., & Holt, K. E. (2017). Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. *PLoS computational biology*, 13(6), e1005595.

<https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005595>

Wickham, H. (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York.

Xia, J. W., Sandoval-Denis, M., Crous, P. W., Zhang, X. G., & Lombard, L. (2019). Numbers to names - restyling the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. *Persoonia*, 43, 186–221.

<https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.05>

Yu, H., Yang, H., Haridas, S., Hayes, R. D., Lynch, H., Andersen, S., Newman, M., Li, G., Martínez-Soto, D., Milo-Cochavi, S., Hazal Ayhan, D., Zhang, Y., Grigoriev, I. V., & Ma, L.-J. (2023).

Conservation and Expansion of Transcriptional Factor Repertoire in the *Fusarium oxysporum* Species Complex. *Journal of Fungi*, 9(3), 359. <https://doi.org/10.3390/jof9030359>

Yusra Gulzar, Nida Tabassum Khan. Biodegradation of Plastics by Fungi. *Journal of Medical and Clinical Case Reports* 1(9). <https://doi.org/10.61615/JMCCR/2024/AUG027140828>

Zhang, C., Rabiee, M., Sayyari, E., & Mirarab, S. (2018). ASTRAL-III: polynomial time species tree reconstruction from partially resolved gene trees. *BMC Bioinformatics*, 19(6), 15-30.

<https://doi.org/10.1186/s12859-018-2129-y>

Zhang, N., O'Donnell, K., Sutton, D. A., Nalim, F. A., Summerbell, R. C., Padhye, A. A., & Geiser, D. M. (2006). Members of the *Fusarium solani* species complex that cause infections in both humans and plants are common in the environment. *Journal of clinical microbiology*, 44(6), 2186–2190.

<https://doi.org/10.1128/JCM.00120-06>

Apéndices

Apéndice A. Parámetros de Calidad de los Ensamblajes Arrojadados por Multiqc

CEPA	MEGAHIT	Shovill- MEGAHIT	Shovill- SKESA	Shovill- SPAdes	SPAdes	Unicycler
FG14-FOCIC01	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.1	<i>Tamaño (Mbp):</i> 46.1	<i>Tamaño (Mbp):</i> 44.8	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.1	<i>Tamaño (Mbp):</i> 43.8
	<i>N50(kbp):</i> 547.8	<i>N50(kbp):</i> 267	<i>N50(kbp):</i> 262.6	<i>N50(kbp):</i> 1107.7	<i>N50(kbp):</i> 795.3	<i>N50(kbp):</i> 622.5
	<i>Contigs:</i> 841	<i>Contigs:</i> 7053	<i>Contigs:</i> 873	<i>Contigs:</i> 634	<i>Contigs:</i> 1284	<i>Contigs:</i> 219
	<i>Contig más largo (kbp):</i> 2059.1	<i>Contig más largo(kbp):</i> 924.8	<i>Contig más largo(kbp):</i> 973.5	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2952.2	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2082.2	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2046.9
	<i>BUSCO completos:</i> 746 (98.4%)	<i>BUSCO completos:</i> 744 (98.2%)	<i>BUSCO completos:</i> 744(98.2%)	<i>BUSCO completos:</i> 744(98.2%)	<i>BUSCO completos:</i> 744 (98.2%)	<i>BUSCO completos:</i> 741(97.8%)
FG15-FECIC02	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.5	<i>Tamaño (Mbp):</i> 46.4	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.3	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.4	<i>Tamaño (Mbp):</i> 45.5	<i>Tamaño (Mbp):</i> 44.4
	<i>N50(kbp):</i> 623.5	<i>N50(kbp):</i> 283	<i>N50(kbp):</i> 279.2	<i>N50(kbp):</i> 1210.5	<i>N50(kbp):</i> 812.2	<i>N50(kbp):</i> 693
	<i>Contigs:</i> 553	<i>Contigs:</i> 6915	<i>Contigs:</i> 824	<i>Contigs:</i> 430	<i>Contigs:</i> 1094	<i>Contigs:</i> 193
	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2171.1	<i>Contig más largo(kbp):</i> 1511.3	<i>Contig más largo(kbp):</i> 985.5	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2952.2	<i>Contig más largo(kbp):</i> 2082.3	<i>Contig más largo(kbp):</i> 1617
				<i>BUSCO completos:</i>		<i>BUSCO completos:</i>

	BUSCO <i>completos:</i> 744(98.2%)	BUSCO <i>completos:</i> 743(98%)	BUSCO <i>completos:</i> 745(98.3%)	746(98.4%)	BUSCO <i>completos:</i> 746(98.4%)	740(97.6%)
FG16-FCIC0	Tamaño <i>(Mbp):</i> 37.9	Tamaño <i>(Mbp):</i> 38.7	Tamaño <i>(Mbp):</i> 37.7	Tamaño <i>(Mbp):</i> 37.8	Tamaño <i>(Mbp):</i> 38.1	Tamaño <i>(Mbp):</i> 37.4
	N50(kbp): 803.5	N50(kbp): 276.1	N50(kbp): 523.4	N50(kbp): 1623.4	N50(kbp): 1123.1	N50(kbp): 1180.1
	Contigs: 367	Contigs: 5491	Contigs: 292	Contigs: 225	Contigs: 1203	Contigs: 74
	Contig más largo(kbp): 2243.4	Contig más largo(kbp): 1363.3	Contig más largo(kbp): 2184	Contig más largo(kbp): 4505.4	Contig más largo(kbp): 3383.7	Contig más largo(kbp): 3035.8
	BUSCO <i>completos:</i> 748(98.7%)	BUSCO <i>completos:</i> 746(98.4%)	BUSCO <i>completos:</i> 747(98.5%)	BUSCO <i>completos:</i> 747(98.5%)	BUSCO <i>completos:</i> 746(98.4%)	BUSCO <i>completos:</i> 747(98.5%)
FG17-FCIC24	Tamaño <i>(Mbp):</i> 50.8	Tamaño <i>(Mbp):</i> 61.1	Tamaño <i>(Mbp):</i> 52	Tamaño <i>(Mbp):</i> 53.3	Tamaño <i>(Mbp):</i> 53.4	Tamaño <i>(Mbp):</i> 51.2
	N50(kbp): 77.1	N50(kbp): 76.5	N50(kbp): 100.5	N50(kbp): 89.6	N50(kbp): 140.3	N50(kbp): 183.8
	Contigs: 4492	Contigs: 65702	Contigs: 5904	Contigs: 9073	Contigs: 12740	Contigs: 2615
	Contig más largo(kbp): 378.5	Contig más largo(kbp): 358	Contig más largo(kbp): 687.7	Contig más largo(kbp): 406.4	Contig más largo(kbp): 817.5	Contig más largo(kbp): 969.5
	BUSCO <i>completos:</i> 740(97.6%)	BUSCO <i>completos:</i> 742(97.9%)	BUSCO <i>completos:</i> 743(98%)	BUSCO <i>completos:</i> 739(97.5%)	BUSCO <i>completos:</i> 742(97.9%)	BUSCO <i>completos:</i> 736(97.1%)

<i>F. oxysporum</i> f. sp <i>albedinis</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	
	60.9	67	57	60.4	58.8	
	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	
	84.5	53.2	78.6	111.7	107.4	
	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	<i>NA</i>
	14788	64654	4121	14483	18629	
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):		
586.1	505.2	491	1 155	1 154.9		
BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:		
745(98.3%)	742 (97.9%)	746 (98.4%)	746 (98.4%)	744 (98.2%)		
<i>F. oxysporum</i> f. sp <i>cubense</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):		Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):
	52.3	53.3		49.3	52.4	47.1
	N50(kbp):	N50(kbp):		N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):
	318.3	174		515.3	309.5	337.9
	Contigs:	Contigs:	<i>NA</i>	Contigs:	Contigs:	Contigs:
	3289	9703		2266	3560	1666
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):		Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	
1 360.3	907.1		1 573.4	1 360.2	1 287.6	
BUSCO completos:	BUSCO completos:		BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	
743 (98%)	743 (98%)		745 (98.3%)	740 (97.6%)	745 (98.3%)	

<i>F. oxysporum</i> f. sp. <i>fragariae</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	
	54.5	56.2	53.8	54.9	54.0	
	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	
	246	144.6	180.3	395.7	291.2	
	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	NA
3892	17484	1823	5494	5629		
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):		
1 595.8	734	778.4	2 466.1	1 686.8		
BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:		
746 (98.4%)	745 (98.3%)	746 (98.4%)	744 (98.2%)	746 (98.4%)		
<i>F. oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):
	53.2	55	52.4	53.5	52.7	52.2
	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):
	164.5	115.1	137.3	201.5	187.7	182
	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:
4890	19311	2513	6246	7634	6498	
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	
1 009.3	645	760.2	1 901.4	1 021.1	1 009.0	
BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	
744 (98.2%)	744 (98.2%)	745 (98.3%)	743 (98%)	744 (98.2%)	745 (98.3%)	

FILOGENÓMICA DE *FUSARIUM* Y BIOTRANSFORMACIÓN DE PLÁSTICOS 57

<i>F. oxysporum</i> Fo47	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):		Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):
	49.2	49.9		49.2	49	48.7
	N50(kbp):	N50(kbp):		N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):
	585	265.5		1 009.9	680.4	686.9
	Contigs:	Contigs:	NA	Contigs:	Contigs:	Contigs:
2123	7599		2005	2682	1935	
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):		Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	
2 851.8	1 092.0		2 919.0	1 985.2	1 848.3	
BUSCO completos:	BUSCO completos:		BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	
746 (98.4%)	744 (98.2%)		745 (98.3%)	744 (98.2%)	744 (98.2%)	
<i>F. proliferatum</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):
	60.1	63.5	56.4	56.8	63.5	55.2
	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):	N50(kbp):
	437.1	171.1	267.3	597.8	440.4	484.6
	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:	Contigs:
7390	39722	801	1342	18073	243	
Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	Contig más largo(kbp):	
1 544.4	692.7	1 067.4	2 155.5	1 761.2	1 530.6	
BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	BUSCO completos:	
737 (97.2%)	737 (97.2%)	737 (97.2%)	739 (97.5%)	738 (97.4%)	734 (96.8%)	
<i>F. solani</i>	Tamaño (Mbp):	Tamaño (Mbp):		Tamaño (Mbp):		
	51.9	53.8	NA	51.8	NA	NA
N50(kbp):	N50(kbp):		N50(kbp):			
498.6	228		638.5			

FILOGENÓMICA DE *FUSARIUM* Y BIOTRANSFORMACIÓN DE PLÁSTICOS 59

621.7	364.1	378.2	1 141.5	816.1	534.1
<i>BUSCO</i>	<i>BUSCO</i>	<i>BUSCO</i>	<i>BUSCO</i>	<i>BUSCO</i>	<i>BUSCO</i>
<i>completos:</i>	<i>completos:</i>	<i>completos:</i>	<i>completos:</i>	<i>completos:</i>	<i>completos:</i>
750 (98.9%)	749 (98.8%)	749 (98.8%)	750 (98.9%)	749 (98.8%)	749 (98.8%)