

IDENTIFICACIÓN DE LA BACTERIA CAUSANTE DE HUANGLONGBING¹

Carmen Bieberach-Forero²; Zanya Aguilar-Reyes²; Melvin Jaén²

RESUMEN

El objetivo del trabajo fue identificar la bacteria causante de Huanglongbing (HLB) en las áreas de producción de cítricos, para esto se colectaron muestras foliares en plantaciones comerciales y huertos caseros en las provincias de Bocas del Toro, Chiriquí, Coclé, Herrera, Panamá Oeste y Veraguas. También se analizaron muestras del Banco de Germoplasma de Cítricos de IDIAP. El ADN se obtuvo mediante el método CTAB 2X. Se realizó la PCR con iniciadores específicos para identificar HLB: OI1/OI2c, OI2/23S1, HLB65/HLB66, GB1/GB3 y cebador 226pb. Los productos de PCR se visualizaron a través de electroforesis en gel de agarosa al 1,5%. Se obtuvieron las secuencias de 10 muestras de cítricos que corresponden a naranja criolla, limón criollo, lima Rangpur y naranja agria, de plantaciones comerciales y de traspatio. En las muestras del Banco de Germoplasma de cítricos de IDIAP y en las muestras de mirto (*Murraya paniculata* L.) no se encontró el HLB. Las secuencias obtenidas con los iniciadores HLB65/HLB66 y OI1/OI2c prueban que el agente causal de HLB en Panamá es *Candidatus Liberibacter asiaticus*.

Palabras clave: ADN, *Candidatus Liberibacter asiaticus*, *Citrus* spp., PCR.

¹Recepción: 05 de mayo de 2025. Aceptación: 11 de diciembre de 2025. Proyecto FID 18-050 Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (SENACYT); Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP) 501.B.2.34 Mejoramiento de la naranja criolla *Citrus sinensis* L. para resistencia a Huanglongbing.

²IDIAP. Centro de Innovación Agropecuaria Divisa (CIA Divisa), Laboratorio Agrobiotecnología.

e-mail: carmen.bieberach@idiap.gob.pa; ORCID iD: <https://orcid.org/0009-0002-6607-9332>

e-mail: zanya.aguilar@idiap.gob.pa; ORCID iD: <https://orcid.org/0009-0002-4458-9833>

e-mail: mjaen31@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0002-6006-3463>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

IDENTIFICATION OF THE BACTERIA CAUSING HUANGLONGBING

ABSTRACT

The objective of this study was to identify the bacterial agent responsible for huanglongbing (HLB) in citrus production areas of Panama. Leaf samples were collected from commercial citrus plantations and home orchards in the provinces of Bocas del Toro, Chiriquí, Coclé, Herrera, Panamá Oeste, and Veraguas. Samples from the IDIAP Citrus Germplasm Bank were also included. Genomic DNA was extracted using the 2× CTAB method. Polymerase chain reaction (PCR) assays were performed using specific primer sets for HLB detection, including OI1/OI2c, OI2/23S1, HLB65/HLB66, GB1/GB3, and a 226-bp primer pair. PCR products were visualized by agarose gel electrophoresis. DNA sequencing was conducted on ten citrus samples, including Creole orange, Creole lemon, Rangpur lime, and sour orange, obtained from commercial and backyard plantations. HLB was not detected in myrtle samples or in samples from the IDIAP Citrus Germplasm Bank. Sequence analysis of amplicons generated with primers HLB65/HLB66 and OI1/OI2c confirmed that the causal agent of HLB in Panama is *Candidatus Liberibacter asiaticus*. These results provide molecular confirmation of the presence of the HLB pathogen in affected citrus production areas and contribute to disease surveillance and management efforts in the country.

Keywords: DNA, *Candidatus Liberibacter asiaticus*, *Citrus* spp., PCR.

INTRODUCCIÓN

El HLB se reportó en Panamá por primera vez en el 2016, en las comunidades de Guabito y Las Tablas, en la provincia de Bocas del Toro (Arcia Tejedor, 2016). Declarando el Ministerio de Desarrollo Agropecuario de Panamá (MIDA), el estado de emergencia nacional fitosanitaria a través de la Resolución N°OAL-039-ADM-2016 (Gaceta Oficial Digital 27991 del jueves 17 de marzo de 2016) y puso en marcha un plan de contingencia para contener la enfermedad, incluyendo un programa de certificación y producción de material vegetativo sano.

En 2018 la Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (CIPF) registró la presencia de Huanglongbing (HLB) en Panamá como plaga presente, no ampliamente distribuida y bajo control oficial, aunque señalaba que se había dispersado dentro de la provincia de Bocas del Toro 119 km, desde Las Tablas y Guabito, distrito de Changuinola,



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

hasta Paso Catalina en el corregimiento de Punta Peña, distrito de Chiriquí Grande. En 2021 el MIDA detectó un brote en árboles de traspatio en El Valle de Antón, provincia de Coclé y emitió una alerta fitosanitaria a través de la Resolución N° OAL-051-ADM-2021 (Gaceta Oficial Digital N° 29251-A de 19 de marzo de 2021).

El objetivo de esta investigación fue identificar la bacteria causante de HLB en las áreas de producción de naranja en Panamá.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se colectaron muestras foliares en plantaciones comerciales y huertos caseros en las provincias de Bocas del Toro, Chiriquí, Coclé, Herrera, Panamá Oeste y Veraguas. Inicialmente, el muestreo estuvo orientado a la identificación de plantas de cítricos criollos para trabajos de mejoramiento genético y, al mismo tiempo, se colectaron muestras foliares con síntomas aparentes de HLB (moteado amarillo de las hojas, nervaduras engrosadas), en zona afectada por HLB (Bocas del Toro) y zona no afectada (Coclé).

En 2018 se colectaron cuatro muestras en la provincia de Bocas del Toro (Ci7 al Ci10). En 2019 y 2020 se colectaron muestras de diferentes especies de cítricos en la provincia de Coclé (Ci11 a Ci 52). En 2021 y 2022 se colectaron muestras en Bocas del Toro, Coclé, Chiriquí, Herrera, Panamá Oeste y Veraguas. En este período se obtuvieron seis muestras de mirto (*Murraya paniculata* L.), planta hospedero del insecto *Diaphorina citri*, vector de HLB.

Se colectaron muestras del Banco de Germoplasma de Cítricos de Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), en 2020 y 2022, con la finalidad de verificar que los materiales estuvieran libres de HLB. El ADN de 255 muestras de cítricos y seis muestras de mirto se obtuvo mediante el método CTAB 2X.

El diseño experimental fue completamente al azar. Se realizó PCR a cada muestra con cinco cebadores específicos para identificar HLB: OI1/OI2c, OI2/ 23S1, HLB65/ HLB66, GB1/GB3 y cebador 226F/226R, además se utilizó el cebador para



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

bacterias 27F/1492R. Se repitió la PCR al menos dos veces para cada muestra y cebador. La información sobre las secuencias de los cebadores, la temperatura de hibridación, tamaño de producto y región blanco se describe en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Secuencia de los cebadores utilizados en la identificación de HLB.

Cebador	Secuencia 5' – 3'	Temp °C	Productos pb	Región blanco	Referencia
OI1 OI2c	GCGCGTATGCAATACGAGCGGCA GCGTCGCGACTTCGCAACCCAT	62	1160	16S rDNA CLas	Jagoueix et al., 1996.
OI2 23S1	ATGGGTTGCGAAGTCGCGAGC CGCCCTTCTCTCGCGCTTGA	55	900	16S/23S rDNA	Jagoueix et al., 1996.
HLB 65 HLB 66	TCCTGAGAATTACACACAAAC TCTAAGTCTATCCTGTAACCC	54	1000	DNA polimerase gene M94320	Tatineni et al., 2008.
GB1 GB3	AAGTCGAGCGAGTACGCAAGTACT CCAACCTTAATGATGGCAAATATAG	64	1027	16S rDNA CLam	Texeira et al., 2005.
226F 226R	CACCGAAGATATGGACAACA GAGGTTCTTGTGGTTTTCTG	56	226	CLas	Hung et al., 1999.
27F 1492R	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG GGTTACCTTGTTACGACTT	54,3	1400	16S rRNA Bacterias	Ragavi et al., 2019.

Los productos de PCR se visualizaron a través de electroforesis en gel de agarosa al 1,5%, en búfer de corrida TBE 0,5X, a 90 Voltios constantes, durante 2:30 horas. Los productos de PCR fueron secuenciados por Macrogen S.A. (Corea del Sur). Las secuencias se analizaron con la herramienta de alineamiento local BLAST nucleotide del National Center for Biotechnology Information (NCBI). <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diversos cebadores han sido diseñados para el diagnóstico de *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas), *Candidatus Liberibacter africanus* (CLaf) y *Candidatus Liberibacter americanus* (CLam), para diferentes genes diana: 16S rRNA, la región intergénica 16S/23S rRNA, el gen β -operón, nusG-rplK, el gen OMP, el gen profago hipervariable hyvI y hyvII, rplA-rplJ, CLIBASIA_01645, CLIBASIA_RS01220, entre otros (Kokane et al., 2020; Nugroho et al., 2025).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

El desarrollo de cebadores específicos se considera necesario para ampliar la base de datos de marcadores moleculares que permita mejorar la detección de HLB y el análisis de la diversidad genética del patógeno. De acuerdo con Hong et al. (2019) en los ensayos de detección molecular de HLB pueden presentarse falsos negativos, por ello se hace necesario usar diversos cebadores y estandarizar las pruebas.

En este trabajo se utilizaron tres cebadores recomendados en la norma internacional para el diagnóstico HLB de cítricos (International Plant Protection Convention [IPPC], 2022): OI1/OI2c y OI2/23S1 para identificación de CLas y CLaf (Jagoueix et al., 1996) y GB1/GB3 para CLam (Texeira et al., 2005). Se identificaron dos muestras positivas para HLB con los cebadores OI1/OI2c (Ci37 y Ci 79) (Figura 1B). No hubo muestras positivas con OI2/23 S1 y GB1/GB3.

El cebador HLB65/HLB66 fue diseñado con base en el gen del ADN polimerasa M94320 de la bacteria HLB (Tatineni et al., 2008). Con HLB65/HLB66 hubo cinco muestras positivas (Figura 1A), que corresponden a naranja criolla (Ci36), limón criollo (Ci9, Ci37, Ci37AR), lima Rangpur (Ci10). Las muestras positivas provienen de huertos caseros de Bocas del Toro (Ci9, Ci10), huertos caseros de Coclé (Ci36, Ci37, Ci37AR) y plantaciones comerciales de Coclé (Ci79).

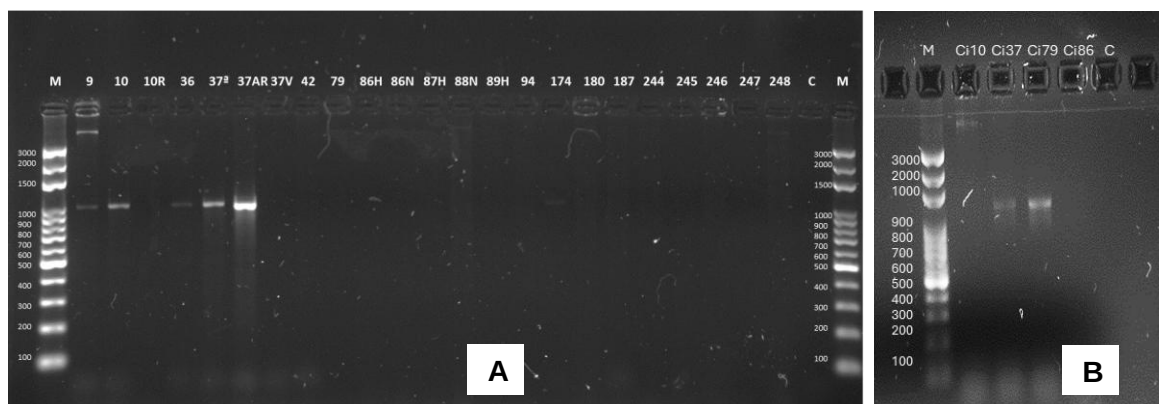


Figura 1. Muestras positivas al HLB. A) cebador HLB65/HLB66. B) cebador OI1/OI2c.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

El análisis de las secuencias de los amplicones HLB65/HLB66 y OI1/OI2c confirmó que el agente causal de HLB en Bocas del Toro y Coclé es *Candidatus Liberibacter asiaticus* (Cuadro 2). En las seis muestras de mirto analizadas no se encontró el HLB.

Cuadro 2. Alineamiento de las secuencias obtenidas con los cebadores HLB65/HLB66 y OI1/OI2c.

Código	Iniciador	Organismo	Accesión	Porcentaje de Identidad	E Value
Ci9	HLB66	Cl asiaticus strain UF506	HQ377374.1	99.57	0.0
		Cl asiaticus strain psy62	CP001677.5		
		Cl asiaticus JRPAMB1	CP040636.1		
Ci10	HLB65 HLB66	Cl asiaticus strain UF506	HQ377374.1	98.22	0.0
		Cl asiaticus strain psy62	CP001677.5		
		Cl asiaticus JRPAMB1	CP040636.1		
Ci36	HLB65 HLB66	Cl asiaticus strain UF506	CP040636.1	97.57	0.0
		Cl asiaticus strain psy62	CP001677.5	97.57	
		Cl asiaticus JRPAMB1	CP040636.1	97.44	
Ci37A	HLB65	Cl asiaticus strain UF506	HQ377374.1	99.78	0.0
		Cl asiaticus strain psy62	CP001677.5		
	HLB66	Cl asiaticus strain UF506	HQ377374.1	99.89	
		Cl asiaticus strain psy62	CP001677.5		
Ci37AR	HLB65	Cl asiaticus strain UF506	HQ377374.1	99.67	0.0
	HLB66	Cl asiaticus JRPAMB1	CP040636.1	99.35	0.0
Ci79	OI1/OI2c	Cl asiaticus CALasi MR4	KY990821.1	98.92	0.0
		Cl asiaticus YNNL8506	CP131152.1	98.83	0.0

Los cultivares conservados en el Banco de Germoplasma de Cítricos de IDIAP dieron resultados negativos con los seis cebadores usados en el estudio, lo que indica que las plantas estuvieron libres de HLB. El análisis del Banco de Germoplasma de Cítricos de IDIAP es importante, ya que tanto los portainjertos como las naranjas dulces que lo conforman constituyen una fuente de germoplasma sano para la renovación de plantaciones comerciales y huertos en Panamá.

El cebador 27F/1492R, que amplifica el gen 16S rRNA de bacterias, se ha usado para identificar bacterias fitopatógenas en diversos cultivos (Ragavi et al., 2019, Ferdous,



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

2024; Santosa et al., 2024; Lu et al., 2025) y también microorganismos de control biológico (Mirsam et al., 2022). Este se usó en la PCR de todas las muestras colectadas. Con el cebador 27F/1492R se obtuvieron bandas de aproximadamente 1200 pb en las muestras Ci36, Ci76, Ci77, Ci79, Ci81, Ci174 (Figura 2).

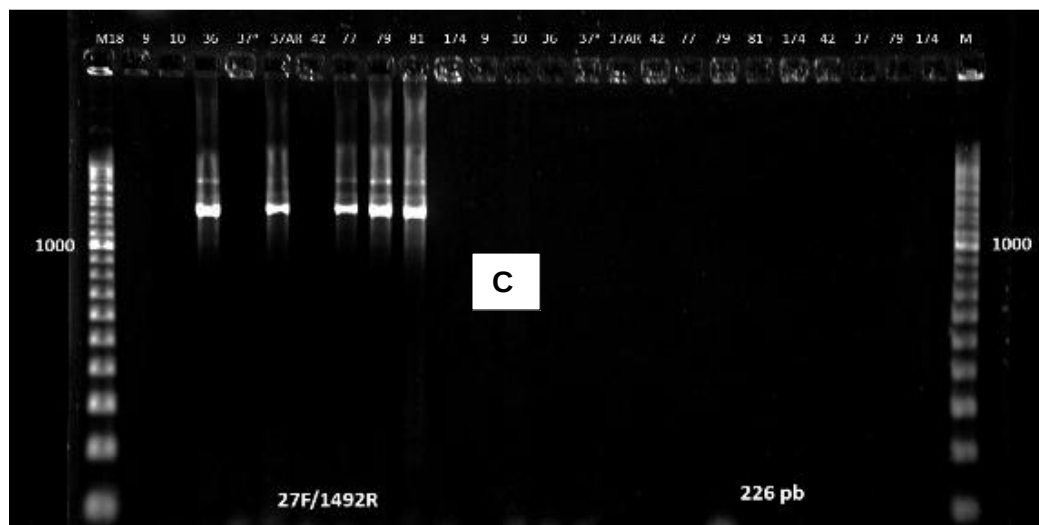


Figura 2. Muestras positivas con el cebador 27F/1492R.

Las secuencias de los productos de PCR obtenidos con el cebador 27F/1492R identificaron la especie *Candidatus Liberibacter asiaticus*, aunque el porcentaje de identidad con las accesiones NCBI fue menor al 90% (Cuadro 3). Las muestras positivas fueron: naranja criolla (Ci36, Ci79, Ci81), de huertos caseros de Coclé, en las localidades de La Mata (Río Hato) y Miraflores (Penonomé); naranja Valencia (Ci76, Ci77) de plantación comercial en Coclé y naranja agria (Ci174) de huerto casero en Bocas del Toro.

La muestra Ci36 dio respuesta con dos cebadores que identifican *Candidatus Liberibacter asiaticus* HLB65/ HLB66 y 27F/1492R, al igual que la muestra Ci79 que dio respuesta con los cebadores OI1/OI2c y 27F/1492R.

De 255 muestras analizadas, solo 10 plantas dieron resultado positivo (3,9%) y estuvieron concentradas en dos provincias: Bocas del Toro y Coclé. En este trabajo no se



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

identificaron muestras positivas al HLB de las provincias de Chiriquí, Herrera, Panamá Oeste y Veraguas.

Las secuencias obtenidas con HLB65/HLB66 muestran identidad (97- 99%) con accesiones del GenBank NCBI HQ377374.1, CP001677.5 y CP040636.1 de Florida, Estados Unidos; la secuencia de OI1/OI2c tiene similitud (98%) con la accesión KY990821 de Irán y CP131152 del Sur de China; las secuencias derivadas del cebador 27F/1492R muestran similitud (81% - 88%) con la accesión CP131145 de CLas del Sur de China.

Cuadro 3. Alineamiento de las secuencias obtenidas con el cebador 27F/1492R.

Código	Iniciador	Organismo	Accesión	Porcentaje de Identidad	E Value
Ci36	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	88.89	6.00E-47
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	86.06	0.00
Ci76	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	83.31	0.00
		Cl caribbeabus clone 934	KP012550.1	79.33	2e-166
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	84.62	0.00
Ci77	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	83.53	0.00
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	84.98	0.00
Ci79	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	82.99	0.00
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	83.48	0.00
Ci81	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	81.80	0.00
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	84.41	0.00
Ci174	27F	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	83.73	0.00
	1492R	Cl asiaticus YNLR13	CP131145.1	83.87	0.00

CONCLUSIÓN

- El agente causal de la enfermedad de Huanglongbing en Panamá es la bacteria *Candidatus Liberibacter asiaticus*, de acuerdo con las secuencias de ADN de las muestras foliares de cítricos procedentes de huertos caseros y plantaciones comerciales en las provincias de Bocas del Toro y Coclé.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

REFERENCIAS

- Arcia Tejedor, A. A. (2016). *Caracterización molecular del agente causal de la enfermedad Huanglongbing (HLB) en Panamá*. S-05-D. XVI Congreso Nacional de Ciencia y Tecnología. Ciencia para la Equidad u el desarrollo sostenible. Asociación Panameña para el Avance de la Ciencia (APANAC) y Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (SENACYT) 19 al 22 de octubre, Hotel Wyndham Panamá, Albrook Mal. p.116.
https://apanac.org.pa/wp-content/uploads/2024/07/6-libro_xvi_congreso_nacional_de_ciencia_y_tecnologia.pdf
- Convención Internacional de Protección Fitosanitaria (2018). Presencia de HLB de los cítricos / Presence of Citrus HLB.
<https://www.ippc.int/es/countries/panama/pestreports/2018/11/presencia-de-hlb-de-los-citricos-presence-of-citrus-hlb-19/>
- Ferdous, R. (2024). Natural field diagnosis and molecular confirmation of fungal and bacterial watermelon pathogens in Bangladesh: A case study from the Natore and Sylhet districts. PLOS ONE, 19(11), e0307245.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0307245>
- Gaceta Oficial Digital No. 27991 del jueves 17 de marzo de 2016. Ministerio de Desarrollo Agropecuario. Resolución No. OAL-039-ADM-2016 del 3 de febrero de 2016.
<https://faolex.fao.org/docs/pdf/pan163996.pdf>
- Gaceta Oficial Digital No. 29251-A del lunes 29 de marzo de 2021. Ministerio de Desarrollo Agropecuario. Resolución No. OAL-051-ADM-2021 del 19 de marzo de 2021.
https://www.gacetaoficial.gob.pa/pdfTemp/29251_A/GacetaNo_29251a_20210329.pdf
- Hong, Y., Luo, Y., Yi, J., He, L., Dai, L., & Yi, T. (2019). Screening nested-PCR primer for 'Candidatus Liberibacter asiaticus' associated with citrus Huanglongbing and application in Hunan, China. PLOS ONE, 14(2), e0212020.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212020>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Hung, T. H., Wu, M. L., & Su, H. J. (1999). Development of a rapid method for the diagnosis of Citrus greening disease using polymerase chain reaction. *Journal of Phytopathology*, 147(10), 599-604.

<https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.1999.00435.x>

International Plant Protection Convention. (2022). International Standard for Phytosanitary Measures 27. DP 31. 'Candidatus Liberibacter' spp. on Citrus spp. Rome, IPPC Secretariat, FAO.

https://assets.ippc.int/static/media/files/publication/en/2022/03/DP_31_2022_CaLiberibacterCitrus_2022-03-15.pdf

Jagoueix, S., Bové, J. M., & Garnier, M. (1996). PCR detection of the two 'Candidatus' Liberibacter species associated with greening disease of citrus. *Molecular and Cellular Probes*, 10, 43-50. <https://doi.org/10.1006/mcpr.1996.0006>

Kokane, S. B., Bhose, S., Kokane, A., Gubyad, M., & Ghosh, D. K. (2020). Molecular detection, identification, and sequence analysis of 'Candidatus Liberibacter asiaticus' associated with Huanglongbing disease of citrus in North India. *3 Biotech*, 10, 341. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-02334-x>

Lu, C., Zhang, X., Cai, J., Ou, C., Ding, X., & Fu, Z. (2025). First report of Soft Rot of *Ranunculus ternatus* Thunb. caused by *Pseudomonas fluorescens* in China. The American Phytopathological Society (APS). Online APS Publications. Plant Disease. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-25-1555-PDN>

Mirsam, H., Suriani, Aqil, M., Azrai, M., Efendi, R., Muliadi, A., Sembiring, H., & Azis, A. I. (2022). Molecular characterization of indigenous microbes and its potential as a biological control agent of Fusarium stem rot disease (*Fusarium verticillioides*) on maize. *Heliyon*, 8(12), e11960. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11960>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

- Nugroho, K., Purwito, A., Sukma, D., Kosmiatin, M., Santoso, T. J., Akhdiya, A., Yusuf, H. M., Aditama, R., & Reflinur, R. (2025). Application of newly designed primer for Huanglongbing disease detection in Citrus plants. *BIO Web of Conferences* 184, 02001 (2025). ISISBMB 2025. <https://doi.org/10.1051/bioconf/202518402001>
- Ragavi, G., Muthamilan, M., Nakkeeran, S., Kumaravadivel, N. Sivakumar, U., & Suganthi, A. (2019). Molecular Detection of the Causative Agent of Soft Rot (*Pectobacterium carotovorum subsp carotovorum*) in Banana (*Musa sp.*). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(11), 1854-1868.
https://www.researchgate.net/publication/337791510_Molecular_Detection_of_the_Causative_Agent_of_Soft_Rot_Pectobacterium_carotovorum_subsp_carotovorum_in_Banana_Musa_sp
- Santosa, A. I., Hilmany, T., Dewi, N. A., Rahmawati, N.E., Putri, E. A., Hafidsya, T., Setyaningrum, A. V., Dewi, R. E., Sari G. N. P., Manao Nubatonis, N. B. F., & Widyawan, A. (2024). Cross amplification of 16S rRNA bacterial primer 27F/1492R on horticultural crop chloroplast genome. *Agricultural Science*, 7(2), 172-183.
<https://doi.org/10.55173/agriscience.v7i2.132>
- Tatineni, S., Sagaram, U. S., Gowda, S., Robertson, C. J., Dawson, W. O., Iwanami, T., & Wang, N. (2008). In Planta Distribution of '*Candidatus Liberibacter asiaticus*' as Revealed by Polymerase Chain Reaction (PCR) and Real-Time PCR. *Phytopathology*, 98(5), 592-599. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-5-0592>
- Teixeira, D. C., Danet, J. L., Eveillard, S., Martins, E. C., de Jesus Jr, W. C., Yamamoto, P. T., Lopes, S. A., Bassanezi, R. B., Ayres, A. J., Saillard, C., & Bove, J. M. (2005). Citrus huanglongbing in Sao Paulo State, Brazil: PCR detection of the '*Candidatus*' *Liberibacter* species associated with the disease. *Molecular and Cellular Probes*, 19(3), 173-179. <https://doi.org/10.1016/j.mcp.2004.11.002>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)