



Identificación de hongos fitopatógenos causantes de manchas foliares en caña de azúcar ecuatoriana variedad EC-08

Detection of phytopathogenic fungi that cause leaf spots in Ecuadorian sugarcane EC-08 variety

¹José Humberto Vera Rodríguez, ²Robinson J. Herrera Feijoo, ³Gustavo Martínez Valenzuela, ⁴Javier Soto Valenzuela, ⁴Leonel Rolando Lucas Vidal

¹Universidad Agraria del Ecuador UAE. Vía Puerto Marítimo - Avenida 25 de Julio y Pío Jaramillo (Campus principal) Guayaquil, Guayas, Ecuador, 091307.

²Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Research group YASUNI-SDC. Sede Orellana, El Coca 220001. Ecuador.

³Universidad Estatal Península de Santa Elena, Santa Elena, Ecuador.

⁴Universidad Espíritu Santo, Samborombón, Ecuador.

RESUMEN: La identificación de hongos fitopatógenos en caña de azúcar es fundamental para establecer estrategias de control eficaces, que garanticen la sostenibilidad y la producción de esta importante gramínea. El objetivo del estudio fue identificar los agentes fúngicos causantes de las manchas necróticas en las hojas de caña de azúcar variedad EC-08. Tras la desinfección, las muestras de hojas con síntomas fueron sembradas en un medio de cultivo agar papa dextrosa (PDA). Se obtuvieron cultivos puros para el análisis molecular mediante la extracción de ácido desoxirribonucleico (ADN) y espaciador transcrito interno (ITS). Además, se realizó un análisis metagenómico utilizando metabarcoding de secuenciación masiva paralela (ITS), y las secuencias se identificaron utilizando BLAST. Los resultados del análisis molecular ITS arrojaron un 100 % de ADN puro en los fragmentos amplificados. La electroforesis en gel de agarosa al 1 % visualizó bandas para las especies: *Curvularia petersonii* (535 pb), *Aspergillus arachidicola* (536 pb) y *Rhinocladiella* sp. (529 pb) según las lecturas de secuenciación SANGER, mientras que el resultado del perfil taxonómico detectó un 100 % de *Fusarium pseudoanthophilum* y un 97 % de *Nigrospora osmanthi*. En conclusión, los métodos de código de barras ITS y metacódigo de barras permitieron identificar los hongos fitopatógenos *C. petersonii*, *A. arachidicola*, *Rhinocladiella* sp., *F. pseudoanthophilum* y *N. osmanthi* como causas de la necrosis foliar en este cultivar.

Palabras clave: agricultura, ecosistema, enfermedad, fitopatología, patógeno.

ABSTRACT: The importance of identifying phytopathogenic fungi in sugarcane is crucial for establishing effective control strategies that ensure the sustainability and production of this important grass. The study aimed to identify the fungal causal agents that cause necrotic leaf spots in the EC-08 variety of sugarcane. After disinfection, the samples were inoculated in potato dextrose agar (PDA) culture medium. Pure cultures were obtained for molecular analysis by extracting deoxyribonucleic acid (DNA) and internal transcribed spacer (ITS). In addition, a metagenomic analysis was performed using parallel mass sequencing metabarcoding (ITS), and the sequences were identified using BLAST. The results of the ITS molecular analysis yielded 100 % pure DNA in the amplified fragments. Agarose gel electrophoresis at 1 % visualized bands for the species: *Curvularia petersonii* (535 bp), *Aspergillus arachidicola* (536 bp), and *Rhinocladiella* sp. (529 bp) based on SANGER sequencing readings, while the taxonomic profile result detected 100 % *Fusarium pseudoanthophilum* and 97 % *Nigrospora osmanthi*. In conclusion, ITS barcoding and metabarcoding methods enabled the identification of the phytopathogenic fungi *C. petersonii*, *A. arachidicola*, *Rhinocladiella* sp., *F. pseudoanthophilum*, and *N. osmanthi* as causes of leaf necrosis in this cultivar.

Key words: Agriculture, ecosystem, disease, phytopathology, pathogen.

*Autor para correspondencia: [jhvera@uagraria.edu.ec](mailto:jhver@uagraria.edu.ec)

Recibido: 20/11/2025

Aceptado: 11/03/2026

Conflicto de intereses: Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Contribución de autores. Conceptualización, Redacción - revisión y edición: José Humberto Vera Rodríguez. **Investigación:** José Humberto Vera Rodríguez, Robinson J. Herrera Feijoo. **Metodología:** José Humberto Vera Rodríguez, Javier Soto Valenzuela.

Supervisión: Leonel Rolando Lucas Vidal. **Redacción - borrador original:** Robinson J. Herrera Feijoo, Gustavo Martínez Valenzuela.

Curación de datos: Gustavo Martínez Valenzuela.

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



INTRODUCCIÓN

El cultivo de caña de azúcar (*Saccharum officinarum* L.) es uno de los más importantes en Ecuador, debido a su contribución a la economía agrícola y a la elevada producción de azúcar (1). A pesar de ello, la necrosis foliar, una afección común que afecta el rendimiento y la calidad, se ha convertido en una amenaza importante en las últimas décadas (2). Identificar los patógenos que causan esta enfermedad es esencial para un manejo eficaz del cultivo y una producción sostenible (3).

Estos hongos fitopatógenos son responsables de diversas enfermedades, por lo que su detección temprana para un manejo oportuno evitaría pérdidas significativas de rendimiento (4). El Centro Ecuatoriano de Investigación en Caña de Azúcar (CINCAE) ha desempeñado un papel fundamental en la mejora de la producción de caña de azúcar (5). Sin embargo, su enfoque ha estado más orientado a la agronomía y a la mejora genética, lo que ha generado una brecha significativa en la investigación sobre los microorganismos fitopatógenos que afectan a este cultivo.

Existe información limitada sobre fitopatógenos en las nuevas variedades de cultivo de caña de azúcar, lo que limita el establecimiento de un manejo de control efectivo (6). La necrosis foliar se manifiesta como muerte localizada o generalizada de la hoja, lo que afecta la fotosíntesis de la planta y puede provocar efectos secundarios como detención del crecimiento, marchitamiento e incluso hasta la muerte de la planta (2). Un enfoque multidisciplinario que involucre microbiología, fitopatología y biología molecular puede generar una comprensión más profunda de las interacciones entre la caña de azúcar y sus patógenos (7).

La diversidad de ecosistemas de Ecuador, combinada con variaciones climáticas y prácticas agrícolas deficientes, crea un entorno favorable para la aparición de nuevas amenazas fitopatológicas (8). Comprender la dinámica de las enfermedades fúngicas y su impacto en la salud del cultivo es fundamental para desarrollar estrategias de control eficaces (9). Por lo tanto, es esencial establecer una relación entre los síntomas observados y los patógenos causantes (10).

Diversas especies fúngicas están asociadas con una variedad de enfermedades que pueden provocar pérdidas en las gramíneas; *Aspergillus* sp., conocido por su

producción de micotoxinas, afecta la calidad de la gramínea y la salud del suelo (11). En contraste, *Curvularia* sp., se asocia con enfermedades que causan manchas foliares, reduciendo el rendimiento en maíz y trigo (12). *Rhynocladiella* sp., también se ha convertido en un patógeno de alto interés debido a su incidencia en cultivos de gramíneas, causando estrés en las plantas y afectando su fisiología (13).

Así mismo, *Fusarium* sp., es un fitopatógeno que ha atraído el interés de la comunidad científica, principalmente por su impacto en cultivos agrícolas, especialmente aquellos de importancia económica como lo es la caña azucarera (14). Este patógeno se asocia con pudrición de raíces, marchitez y amarillamiento de las plantas, conduciendo en última instancia a pérdidas de rendimiento (15). Investigaciones actuales han mostrado que *Fusarium* no solo afecta la salud vegetal, sino que también compromete la seguridad alimentaria mediante la producción de sus micotoxinas dañinas (16). *Nigrospora osmanthi* es un hongo fitopatógeno que causa pérdidas significativas en cultivos de gramíneas (17). Posee la capacidad de adaptarse a diversas condiciones ambientales, lo que presenta desafíos en el control del patógeno (18).

En este contexto, la sostenibilidad del cultivo de caña de azúcar en Ecuador y los medios de vida de los agricultores están en riesgo, lo que subraya la necesidad de priorizar estudios microbiológicos y fitopatológicos orientados a identificar los patógenos que afectan este cultivo y mitigar su impacto. El estudio tuvo como objetivo identificar los agentes fúngicos causales asociados con manchas necróticas en hojas de caña de azúcar de la variedad EC-08.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se recolectaron hojas con síntomas de manchas foliares de caña de azúcar del cultivar EC-08 (Figura 1) en la finca "Agrícola Cepeda S.A.", ubicada en La Puntilla, cantón La Troncal, provincia de Cañar, Ecuador, georreferenciada en las coordenadas (2°26'18.74" S, 79°23'45.54" W), a una altitud de 110 m.s.n.m. La propiedad abarca una superficie de 450 hectáreas y se caracteriza por una topografía completamente plana y suelos franco-limosos. Las muestras de hojas con síntomas de necrosis se tomaron en cuatro parcelas diferentes.



Figura 1. Lesiones foliares en el cultivo de caña de azúcar, variedad EC-08

Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Microbiología de la Facultad de Ciencias e Ingeniería de la Universidad Estatal de Milagro (UNEMI). La preparación de la muestra vegetal consistió en cortar los tejidos en piezas de 3 cm², lavarlas con jabón líquido neutro y enjuagarlas con agua destilada. A continuación, las muestras se desinfectaron con hipoclorito de sodio (NaClO) al 2 % durante 2 minutos, se realizaron enjuagues consecutivos en agua estéril y se introdujeron en etanol al 70 % durante 1 minuto. Posteriormente, las muestras se trasladaron a una cámara de seguridad estéril (BIOBASE FH1200), donde se cortaron en fragmentos de 5 mm² a la altura de la vena foliar e inocularon en placas de Petri con agar dextrosa de papa (PDA) a una dosis de 39 g·L⁻¹. Las placas se incubaron a 28 °C durante 10 días para su posterior purificación.

Los micelios fúngicos de los cultivos iniciales se transfirieron a nuevas placas de Petri con PDA, según sus características colorimétricas, para su purificación. Estas se incubaron a la misma temperatura durante 14 días. Este proceso dio como resultado cuatro placas con cepas puras para la identificación del género por caracterización morfológica con la técnica de tinción con azul de lactofenol, para la posterior identificación de la especie por técnicas moleculares.

Tres de los cultivos purificados, codificados como H700, H701 y H769 fueron identificados molecularmente mediante extracción de ácido desoxirribonucleico (ADN), amplificados por fragmentos espaciador transcrito interno (ITS), secuenciación convencional, ensamblaje de los productos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y búsqueda en bases de datos. El procedimiento se llevó a cabo de la siguiente manera.

La extracción de ADN se realizó mediante métodos convencionales (19) con aproximadamente 100 mg de muestra. La integridad y calidad del ADN se evaluaron mediante espectrofotometría de microvolumen y visualización en gel agarosa de poliacrilamida al 1 %. A una concentración de 20 ng·μL⁻¹, el ADN se diluyó para la amplificación por PCR utilizando los cebadores ITS1/ITS4 (20). El producto final de la PCR se purificó y secuenció mediante el método de Sanger. Las secuencias obtenidas se limpiaron y ensamblaron con el software bioinformático Geneious (versión 11.1.2). Las secuencias ensambladas se compararon con las de la base de datos GenBank de NCBI para la identificación taxonómica, empleando la herramienta BLAST para encontrar similitudes.

Se realizó un análisis del perfil taxonómico de la región ITS mediante secuenciación masiva de alto rendimiento (metabarcoding) en las muestras purificadas etiquetadas como H631 y H710. Este análisis incluyó la extracción de ADN y el metabarcoding del ITS, como se detalla a continuación:

Aproximadamente 500 mg de cada micelio fúngico aislado de la muestra de tejido foliar afectado, se utilizaron para la extracción de ADN mediante métodos convencionales. La calidad del ADN extraído se evaluó mediante espectrofotometría con NanoDrop.

La integridad del ADN se verificó por electroforesis horizontal en gel de agarosa al 1 %. Tras la evaluación de calidad, las secuencias objetivo se amplificaron utilizando cebadores ITS (CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA y TCCTCCGCTTATTGATATGC) específicos para hongos. Los productos de PCR resultantes se purificaron, cuantificaron y agruparon para la preparación de la biblioteca. Se realizó control de calidad de las bibliotecas, y aquellas que cumplieron los criterios, se procesaron para su secuenciación en la plataforma Illumina. Las lecturas resultantes se limpiaron, ensamblaron y contabilizaron mediante herramientas bioinformáticas. Se eliminaron las secuencias quiméricas y las secuencias finales se identificaron mediante BLAST, utilizando un umbral de identidad del 97 % frente a la base de datos UNITE de hongos. Los resultados se visualizaron mediante gráficos Krona.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

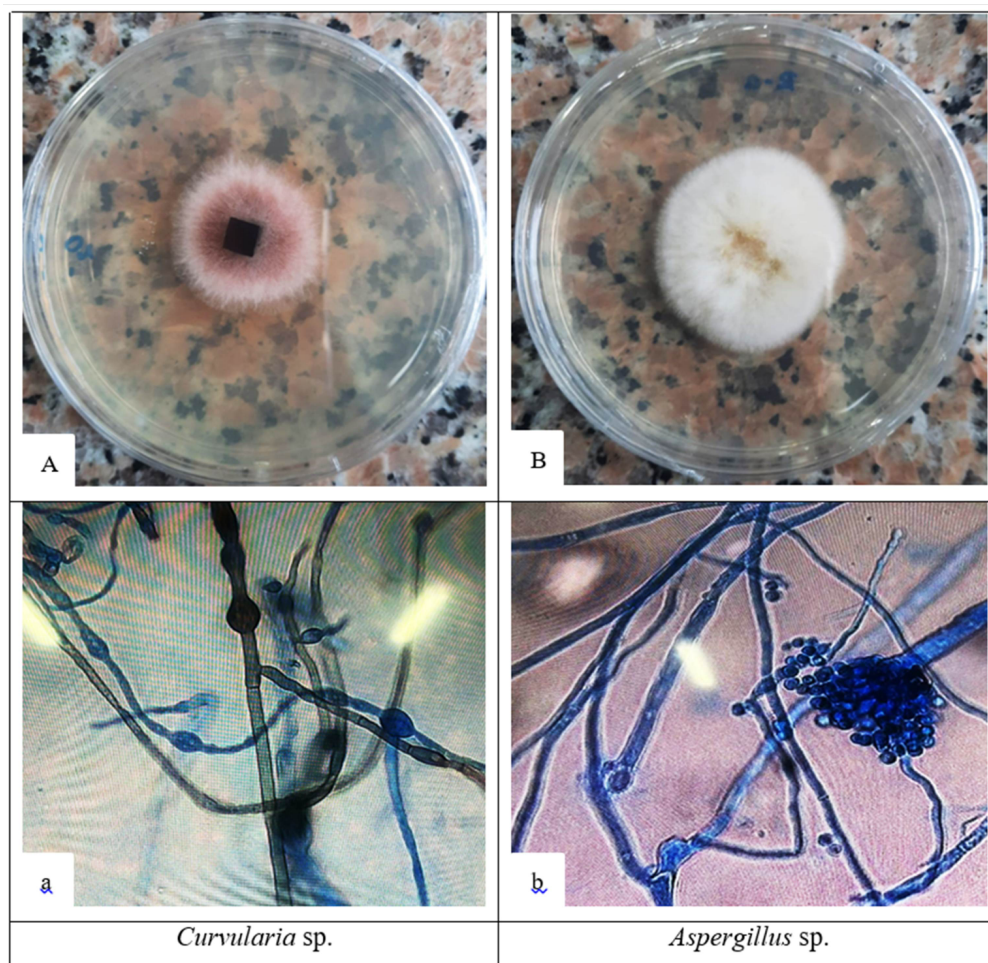
La Figura 2 muestra la caracterización morfológica de los hongos fitopatógenos aislados en las muestras de tejido necrótico foliar de la caña de azúcar.

La caracterización morfológica de los aislados permitió identificar estructuras importantes en la aproximación al género de los hongos aislados (*Curvularia* sp. y *Aspergillus* sp.) comparados con códigos taxonómicos de literatura publicada. *Curvularia* sp tuvo un crecimiento de textura algodonosa de color oscuro melanizada, presenta hifas tipo dematiácea de color oscura, sus estructuras con forma macroconidias tabicadas, sus conidios son de forma curva en forma de celdas desiguales. *Aspergillus* sp tuvo un crecimiento con textura granulosa de color blanca, sus hifas hialinas de color más clara con conidióforos con cabeza conidial en forma de vesícula, sus conidios son pequeñas y redondas.

Las características encontradas son concordantes con lo publicado por literatura científica, *Curvularia* posee un micelio de crecimiento rápido y macroconidias multiseptadas con una célula central prominente y curvada (11), mientras que, el género *Aspergillus* presenta una morfología hialina, se caracteriza por la presencia de filides con forma radial (11). Estas características fenotípicas permiten realizar una aproximación hacia el agente causal de enfermedades para poder establecer planes de manejo y control en cultivos agrícolas de alto valor económico para los productores.

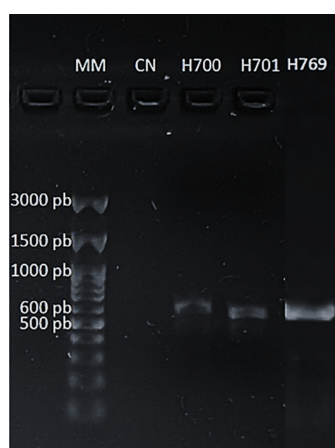
La caracterización molecular de las cepas fúngicas aisladas mediante el método ITS confirmó la presencia de ADN de alta calidad, apto para el proceso de amplificación (Figura 3).

Se visualizaron bandas de 536 pares de bases para la muestra H700, mientras que 535 pb en la muestra H701 y 529 pb en la muestra H769 corresponden al marcador ITS. A partir de las lecturas obtenidas por secuenciación SANGER se generaron secuencias ensambladas que permitieron determinar la identificación de las especies fúngicas, como se describe en la Tabla 1.



A: vista superior del hongo *Curvularia* sp. B: vista superior de hongo *Aspergillus* sp. a: hifas y conidios de *Curvularia* sp. b: hifas, conidióforos y conidios de *Aspergillus* sp

Figura 2. Caracterización morfológica de los hongos fitopatógenos aislados en las muestras de tejido necrótico foliar de la caña de azúcar



MW: marcador de peso molecular en pares de bases (pb). CN: control negativo ITS

Figura 3. Gel de agarosa al 1 % con productos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Fragmentos del espaciador transcrito interno (ITS)

Con la identificación molecular se puede confirmar con precisión cual es el agente causal que afecta a este cultivo en Ecuador. En este estudio se identificaron tres especies fúngicas predominantes mediante el método de código de barras ITS: *A. arachidicola*, *C. petersonii* y *Rhinochadiella* sp. Este método es reconocido por su eficacia en la identificación taxonómica de organismos fúngicos, lo que permite la determinación precisa de las especies implicadas en la patogenicidad (21).

La presencia de *A. arachidicola* es particularmente significativa, ya que este hongo se asocia con la producción de compuestos tóxicos que pueden afectar gravemente la seguridad del cultivo y de los alimentos. Investigaciones publicadas han mostrado que la presencia de este hongo en los cultivos puede provocar pérdidas económicas sustanciales debido a la reducción del rendimiento y la calidad de la caña de azúcar (22). Por tanto, la identificación precisa del patógeno es esencial para implementar estrategias de manejo eficaces.

C. petersonii es conocido como un hongo fitopatógeno que contribuye a la necrosis foliar en cultivares de gramíneas. Se ha demostrado que este hongo puede afectar negativamente la fotosíntesis y, en consecuencia, reducir la producción de biomasa vegetal (23). *Curvularia* spp es un género que representa un desafío para la agricultura y subraya la necesidad de monitorear y gestionar las condiciones ambientales que favorecen su proliferación (24).

La presencia de *Rhinochadiella* sp entre los aislados fúngicos identificados indica una diversidad de organismos potencialmente implicados en la enfermedad. Se ha reportado que puede causar diversas patologías en plantas (25, 26). Estos hallazgos resaltan la necesidad de un enfoque integrado para el manejo de enfermedades fúngicas, que incluya vigilancia continua y el uso de métodos de identificación molecular.

La muestra H710 fue sometida a un perfil taxonómico de la región ITS mediante secuenciación masiva de alto rendimiento (Tabla 2).

La concentración y calidad adecuadas del ADN obtenidas de los aislados fúngicos para la preparación de bibliotecas y la posterior secuenciación metagenómica mediante metabarcoding del ITS son evidentes. Los resultados de la búsqueda BLAST para la identificación de hongos a nivel de género y especie se presentan en los gráficos Krona (Figuras 4 y 5) para el Phylum *Ascomycota*, lo que permite un análisis interactivo de los resultados.

Los resultados indican que la muestra H710, dentro del Phylum *Ascomycota*, presentó un predominio del 100 % para la especie *Fusarium pseudoanthophilum*, mientras que la muestra H631 fue 97 % predominante para *Nigrospora osmanthi*.

Tabla 1. Resumen de los resultados de la caracterización molecular mediante el fragmento ITS

Código	Calidad del ADN (%)	Organismo	Gen	Identidad (%)	Accesión	Cobertura (%)	Valor-E
H700	100	<i>Aspergillus arachidicola</i>	ITS	100,00	MF668184.1	100	0,0
H701	100	<i>Curvularia petersonii</i>	ITS	99,68	NR_158448.1	100	0,0
H769	98	<i>Rhinochadiella</i> sp.	ITS	98,00	HQ022439.1	100	0,0

Tabla 2. Resultados de la extracción de ADN y la secuenciación masiva

Código	Concentración (ng/μl ⁻¹)	A260 / A280	A260 / A230	Total de lecturas	OTUs*	Número de secuencias
H710	2756,9	2,05	2,12	80,146	155	75,294
H631	698,2	2,01	1,98	37,763	120	37,564

OTUs (Unidades taxonómicas operativas)*



Figura 4. Phylum *Ascomycota* como resultado del metabarcoding del ITS de la muestra H710

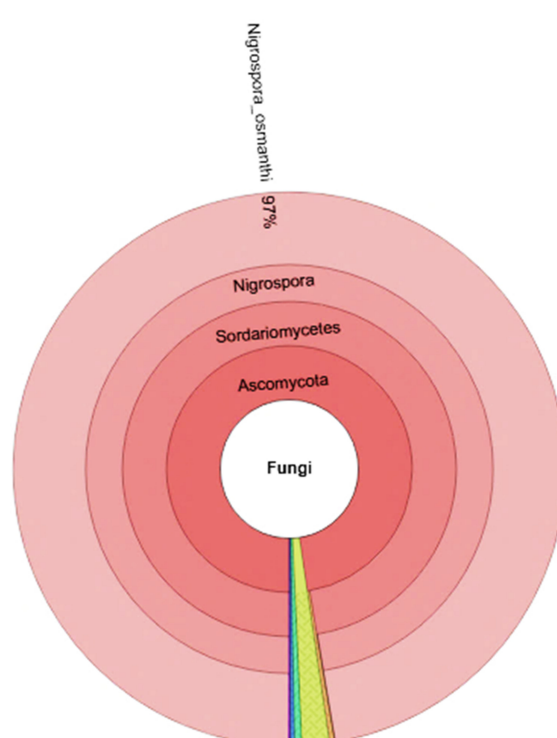


Figura 5. Phylum *Ascomycota* como resultado del metabarcoding del ITS de la muestra H631

Los resultados obtenidos para la muestra H710 resaltan la relevancia de este hongo en el contexto vegetal. *F. pseudoanthophilum* ha sido reconocido por su capacidad para causar enfermedades en cultivos (podría mencionarse cuales para notar la amplitud de estos o su cercanía con caña de azúcar), lo que subraya la importancia de su identificación para el manejo eficaz de fitopatógenos. Investigaciones han documentado que este hongo puede asociarse con marchitez y enrojecimiento foliar en varias especies vegetales, afectando negativamente la producción agrícola (27).

N. osmanthi es un hongo fitopatógeno identificado como agente patógeno en diversos cultivos agrícolas (28). Este hongo pertenece al género *Nigrospora*, que incluye varias especies conocidas por su capacidad de causar daños significativos en plantas (29). La identificación y caracterización de *N. osmanthi* son cruciales para comprender su impacto en la agricultura y desarrollar estrategias de manejo efectivas (17).

Estos hallazgos contrastan con el predominio general del Phylum *Ascomycota*, que incluye muchos de los principales patógenos vegetales. El predominio de *Fusarium* en este contexto refuerza la necesidad de enfoques específicos de monitoreo y control centrados en este género, especialmente en sistemas agrícolas donde la sanidad vegetal es crítica (30).

CONCLUSIONES

La técnica metabarcoding ITS permitió obtener ADN de alta calidad, lo que facilitó la amplificación y posterior identificación de las especies fúngicas presentes en las muestras analizadas, demostrando la eficacia de las técnicas moleculares para identificar con precisión hongos patógenos.

Las secuencias obtenidas mediante secuenciación Sanger confirmaron la existencia de las especies específicas: *A. arachidicola*, *C. petersonii* y *Rhinocladiella* sp., aportando información relevante sobre la diversidad de hongos patógenos en los tejidos foliares de la variedad EC-08 de caña de azúcar estudiada.

El análisis por secuenciación masiva de las muestras H710 y H631 reveló un predominio del 100 % de *F. pseudoanthophilum* y del 97 % de *N. osmanthi*, respectivamente, dentro del Phylum *Ascomycota*. Por tanto, estas especies serían las responsables de causar necrosis foliar en el cultivo de caña de azúcar.

La información derivada de esta investigación tiene importantes implicaciones para el manejo de los cultivos, ya que la identificación precisa (esto se realiza mediante pruebas de patogenidad y completar los postulados de Koch), aquí es una mera suposición de los hongos patógenos puede facilitar el desarrollo de estrategias de control eficaces que mejoren la sanidad del cultivo. Sugiriendo evaluar el grado de patogenidad de estos agentes causales.

BIBLIOGRAFÍA

1. García R, Guevara DAS, Poma JPP, Sancho D, Sarabia D, Heredia FJM. Utilización de tres métodos químicos para la conservación de caña de azúcar (*Saccharum officinarum* L.), variedad POJ 93, en Pastaza, Ecuador. La Técnica. 2018;(19):61-74. Available from: https://doi.org/10.33936/la_tecnica.v0i19.1308
2. Hoang AT, Lam TT, Thi HTP, Nguyen Thi H, Pham HP, Doan Thi L, et al. Identification of *Nigrospora sphaerica* and *Curvularia lunata* as causal agents of leaf spot disease in cantaloupe (*Cucumis melo* L.) in Southern Vietnam. Australas Plant Pathol. 2025;1-10. Available from: <https://doi.org/10.1007/s13313-025-01028-3>
3. LaO Hechavarria M de la L. Genotipificación y fuentes de resistencia de los agentes causales de virus del mosaico y hoja amarilla de la caña de azúcar. An La Acad Ciencias Cuba [Internet]. 2018;18(1):1-6. Available from: <https://revistaccuba.sld.cu/index.php/revacc/article/view/363>
4. Aliya SSS, Nusaibah SA, Mahyudin MM, Yusop MR. Pathogenicity, enzymatic assays, and differential metabolomics to assess the virulence of fungal pathogens responsible for complex circular leaf spot (CCLS) disease of rubber trees in Malaysia. Physiol Mol Plant Pathol. 2025;136:102582. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.102582>
5. Centro de Investigación de la Caña de Azúcar de Ecuador (CINCAE). Manejo de enfermedades [Internet]. 2026. Available from: <https://cincae.org/areas-de-investigacion/manejo-de-enfermedades/>
6. Arauz EEC, Gaitán YYG, Gómez IES, Estrada SPC. Diagnóstico de enfermedades bacterianas en el cultivo de café (*Coffea arabica* L.) y sensibilidad *in vitro* a bactericidas de uso agrícola. La Calera. 2023;23(40). Available from: <https://doi.org/10.5377/calera.v23i40.15831>
7. Jeger M, Beresford R, Bock C, Brown N, Fox A, Newton A, et al. Global challenges facing plant pathology: multidisciplinary approaches to meet the food security and environmental challenges in the mid-twenty-first century. CABI Agric Biosci. 2021;2(1):1-18. Available from: <https://doi.org/10.1186/s43170-021-00042-x>
8. Castillo Carrillo CI. Biodiversity in Ecuador and its immense potential for agricultural pest control. In: Agricultural, Forestry and bioindustry biotechnology and biodiscovery. springer; 2020. p. 143-61. Available from: https://doi.org/10.1007/978-3-030-51358-0_9
9. Martínez G, Rey JC, Pichardo REP, Manzanilla EE. Marchitez por *Fusarium* raza tropical 4: Estado actual y presencia en el continente americano. Agron Mesoam [Internet]. 2020;31(1):259-76. Available from: <http://dx.doi.org/10.15517/am.v31i1.37925>
10. Guerrero AMC, González M. Micorrizas Autóctonas como Indicadores de Salud y Calidad del Suelo. RECITIUTM [Internet]. 2024;10(2):51-64. Available from: <http://201.249.78.46/index.php/recitiutm/article/view/265/pdf>

11. Taniwaki MH, Pitt JI, Magan N. *Aspergillus* species and mycotoxins: occurrence and importance in major food commodities. *Curr Opin Food Sci.* 2018;23:38-43. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2018.05.008>
12. Khan NA, Asaf S, Ahmad W, Jan R, Bilal S, Khan I, *et al.* Diversity, lifestyle, genomics, and their functional role of *Cochliobolus*, *Bipolaris*, and *Curvularia* species in environmental remediation and plant growth promotion under biotic and abiotic stressors. *J Fungi.* 2023;9(2):254. Available from: <https://doi.org/10.3390/jof9020254>
13. Li L, Zhang X, Tan X, Sun B, Wu B, Yu M, *et al.* Rhinoclactones AE, resorcylic acid analogs from desert plant endophytic fungus *Rhinocladiella similis*. *Molecules.* 2019;24(7):1405. Available from: <https://doi.org/10.3390/molecules24071405>
14. Zhong J, Situ J, He C, He J, Kong G, Li H, *et al.* A virulent miRNA of *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense impairs plant resistance by targeting banana AP2 transcription factor coding gene MaPT16L. *Hortic Res.* 2025;12(4):uhae361. Available from: <https://doi.org/10.1093/hr/uhae361>
15. Badiwe M, Fialho RO, Stevens C, Lombard P-H, van Niekerk J. *Fusarium* species associated with diseases of *Citrus*: A comprehensive review. *J Fungi.* 2025;11(4):263. Available from: <https://doi.org/10.3390/jof11040263>
16. Solórzano-Solórzano JA, Zambrano SMV, Olmedo JBV. *Fusarium* spp. en el cultivo de maíz: Identificación, distribución geográfica, sintomatología, micotoxinas, ciclo de la enfermedad, control, y desafíos actuales y futuros. *Sci Agropecu.* 2024;15(4):537-56. Available from: <http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2024.040>
17. Yang K, Yang X, Li M, Li D, Huang X, Li C. Occurrence of *Nigrospora osmanthi* causing leaf spot on *Artemisia argyi* in China. *Crop Prot.* 2025;191:107142. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2025.107142>
18. Ugalde-Monge B, Artavia-Carmona R, Hilje-Rodríguez I, Peraza-Padilla W. Identificación morfológica y molecular de potenciales hongos nematófagos en fincas bananeras de la región huetar atlántica de Costa Rica. *Agron Costarric.* 2024;48(2):111-31. Available from: <https://doi.org/10.15517/rac.v48i2.62489>
19. Vera-Rodríguez JH, Villamar-Aveiga MR, Herrera-Feijoo RJ, Sevilla-Carrasco JD, Moreno D, Gavin-Moyano CS, *et al.* Detection of *Diaporthe* sp. in cacao plants (cv. CCN 51) in Guayas Province, Ecuador. *Rev Fac Agron Univ Zulia.* 2025;42(4). Available from: [https://doi.org/10.47280/RevFacAgron\(LUZ\).v42.n4.III](https://doi.org/10.47280/RevFacAgron(LUZ).v42.n4.III)
20. Ćurčić NŽ, Miljanić JA, Bočarov SAS, Vukelić ID, Bodroža SMI. PCR-RFLP method in combination with on-chip electrophoresis as a tool for determining of variability between important species of *Aspergillus*. *Food Feed Res.* 2024;51(1):31-9. Available from: <https://doi.org/10.5937/ffr0-49318>
21. Paloi S, Luangsa-Ard JJ, Mhuantong W, Stadler M, Kobmoo N. Intragenomic variation in nuclear ribosomal markers and its implication in species delimitation, identification and barcoding in fungi. *Fungal Biol Rev.* 2022;42:1-33. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2022.04.002>
22. Moore GG, Mack BM, Beltz SB, Puel O. Genome sequence of an aflatoxigenic pathogen of Argentinian peanut, *Aspergillus arachidicola*. *BMC Genomics.* 2018;19(1):189. Available from: <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4576-2>
23. Iturrieta-González I, Gené J, Wiederhold N, García D. Three new *Curvularia* species from clinical and environmental sources. *MycKeys.* 2020;68:1. Available from: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.68.51667>
24. Tan YP, Crous PW, Shivas RG. Cryptic species of *Curvularia* in the culture collection of the Queensland Plant Pathology Herbarium. *MycKeys.* 2018;(35):1. Available from: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.35.25665>
25. Madrid H, Hernandez-Restrepo M, Gené J, Cano J, Guarro J, Silva V. New and interesting chaetothyrlean fungi from Spain. *Mycol Prog.* 2016;15(10):1179-201. Available from: <https://doi.org/10.1007/s11557-016-1239-z>
26. Crous PW, Wingfield MJ, Schumacher RK, Akulov A, Bulgakov TS, Carnegie AJ, *et al.* New and interesting fungi. 3. *Fungal Syst Evol.* 2020;6:157. Available from: <https://doi.org/10.3114/fuse.2018.01.08>
27. Amobonye A, Bhagwat P, Ranjith D, Mohanlall V, Pillai S. Characterization, pathogenicity and hydrolytic enzyme profiling of selected *Fusarium* species and their inhibition by novel coumarins. *Arch Microbiol.* 2021;203(6):3495-508. Available from: <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02335-1>
28. Petrović E, Vrandečić K, Ćosić J, Siber T, Godena S. Antifungal efficacy of essential oils and their predominant components against olive fungal pathogens. *Agriculture.* 2025;15(3):340. Available from: <https://doi.org/10.3390/agriculture15030340>
29. Oskay F, Karataş A. *Pinus nigra* subsp. pallasiana ve *Pinus sylvestris* tohumlarında *Diplodia sapinea*'nın yoğunluğu. *Turkish J For.* 2021;22(3):218-28. Available from: <https://doi.org/10.18182/tjf.799849>
30. Shabeer S, Tahira R, Jamal A. *Fusarium* spp. mycotoxin production, diseases and their management: An overview. *Pakistan J Agric Res.* 2021;34(2):278. Available from: <https://dx.doi.org/10.17582/journal.pjar/2021/34.2.278.293>