

Identificación de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 1 en banano manzano (*Musa* AAB, subgrupo Silk) en Nayarit, México

Manuel de Jesús Bermúdez-Guzmán^{1*}; Mario Orozco-Santos¹; Karina de la Paz García-Mariscal¹; Francisco Javier Delgado-Virgen²; Raúl Rodríguez-Guerra³; Gilberto-Manzo Sánchez⁴; Luciano Martínez Bolaños⁵

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Tecomán; ²Instituto Tecnológico Nacional de México, Campus Colima; ³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental General Terán; ⁴Universidad de Colima, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias; ⁵Universidad Autónoma de Chapingo, Centro Académico Regional Sur. Ingeniería en Agricultura Sostenible.

***Autor de Correspondencia:**

Manuel de Jesús Bermúdez-Guzmán
bermudez.manuel@inifap.gob.mx

Contribución:

Nota de Investigación

Sección:

Fitosanidad

Recibido:

15 diciembre, 2024

Publicado:

30 abril, 2025

Cita:

Bermúdez-Guzmán MJ, Orozco-Santos M, García-Mariscal K de la P, et al. 2025. Identificación de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 1 en banano manzano (*Musa* AAB, subgrupo Silk) en Nayarit, México. *Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia* 2(1): 101
<https://doi.org/10.62498/ARTC.25101>

RESUMEN

Los bananos y plátanos (*Musa* spp.) son frutas tropicales de importancia económica para México y de las más importantes a nivel mundial. Dependiendo de los cultivares, son afectados por razas del hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC), el cual causa la enfermedad conocida como Marchitez por Fusarium, que genera pérdidas económicas significativas. En México, se han reportado la presencia de FOC raza 1 y 2 afectando a diversas variedades de bananos y plátanos. Este estudio tuvo como objetivo la identificación morfológica y molecular de FOC en banano “Manzano” (*Musa* AAB, subgrupo Silk) en el estado de Nayarit, México. Se obtuvieron aislamientos de FOC de pseudotallos de plantas enfermas en medio de cultivo Papa Dextrosa Agar (PDA) con antibióticos. Los aislamientos fueron caracterizados morfológicamente mediante microscopía óptica. La identificación molecular se realizó por PCR y secuenciación de las regiones ITS. Para las pruebas de patogenicidad, la cepa FOCR1Nay01 se cultivó en medio PDA diluido, cuantificándose una suspensión 1×10^6 esporas mL^{-1} , que se inocularon a plantas sanas de banano “manzano” en invernadero. La morfología microscópica mostró abundante producción de microconidias en falsas cabezas sobre monofilídes cortas, así como clamidosporas intercalares y terminales a partir de las cuatro semanas de cultivo. El análisis BLAST mostró una correspondencia con varias cepas de FOC aisladas a partir de diversos cultivares de bananos procedentes de la India, Sri Lanka y Pakistán con los cuales el aislamiento denominado FOCR1Nay01 de este estudio, comparte entre 90.84 a 99.82 % de identidad. El cladograma generado con secuencias ITS evidenció 2 grupos principales, ubicando el aislamiento FOCR1Nay01 en el grupo 2 junto con otros más de la India y Sri Lanka, principalmente. Las pruebas de patogenicidad evidenciaron alta susceptibilidad de banano “Manzano” a este patógeno, el cual fue reaislado de las plantas inoculadas. Todos estos datos indican que el aislamiento de México corresponde a la raza 1 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*.

Palabras clave: FOC, filogenia, identificación, ITS, microscopía, patogenicidad.

ABSTRACT

Bananas and plantains (*Musa* spp.) are tropical fruits of economic importance for Mexico and one of the most important worldwide. Depending on the cultivars, they are affected by races of the fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC), which causes the disease known as Fusarium wilt, leading to significant economic losses. In Mexico, the presence of FOC race 1 and 2 affecting different varieties of bananas and plantains has been reported. This study aimed to identify FOC morphologically and molecularly in “Manzano” banana (*Musa* AAB, Silk subgroup) in the state of Nayarit, Mexico. Isolations of FOC were obtained from pseudostems



of infected plants on Potato Dextrose Agar (PDA) supplemented with antibiotics. The isolations were morphologically characterized by optical microscopy. Molecular identification was performed using PCR and sequencing of the ITS regions. For pathogenicity tests, the FOCR1Nay01 strain was cultured in low-strength potato dextrose agar (LSPDA), achieving a suspension of 1×10^6 spores/mL, which was inoculated into healthy "Manzano" banana plants in a greenhouse. Microscopic morphology revealed abundant production of microconidia in false heads on short monophialides, along with intercalary and terminal chlamydospores beginning four weeks post-cultivation. BLAST analysis showed a match with several strains of FOC isolated from various banana cultivars from India, Sri Lanka, and Pakistan, sharing 90.84% to 99.82% identity with the isolation termed FOCR1Nay01 from this study. The cladogram generated with ITS sequences revealed two main groups, placing the FOCR1Nay01 isolation in group 2 along with others from India and Sri Lanka, primarily. Pathogenicity tests demonstrated a high susceptibility of "Manzano" bananas to this pathogen, which was reisolated from the inoculated plants. All these data indicate that the isolation from Mexico corresponds to *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 1.

Keywords: FOC, phylogeny, identification, ITS, microscopy, pathogenicity.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de bananos y plátanos representa una fuente fundamental para la seguridad alimentaria a nivel mundial y desempeña un papel importante en la economía de muchos países, incluyendo a México. En este contexto, la identificación y manejo de patógenos que afectan a este cultivo es crucial para prevenir pérdidas económicas significativas. La especie *Fusarium oxysporum* es una de las económicamente más importantes y comprende un amplio rango de aislamientos patogénicos en diversos hospedantes, causando enfermedad en más de 150 plantas (Fourie *et al.*, 2011); sin embargo, cada cepa es patogénica en una o pocas especies hospedantes. Estos aislamientos patogénicos son divididos entonces en formas especiales (f. sp.) de acuerdo a las especies vegetales en las que causan enfermedad, y donde es posible, clasificarlas en razas fisiológicas de acuerdo a la especificidad en diversos cultivares de un mismo hospedante (Meldrum *et al.*, 2012).

En este sentido, a nivel global la marchitez causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC) ha sido histórica, y actualmente es la enfermedad más destructiva que afecta al cultivo de bananos y plátanos. Cuatro razas se han descrito de acuerdo a su especificidad en las variedades de musáceas (Dita *et al.*, 2010). La raza 1 causa enfermedad en la variedad Gros Michel y genotipos con genoma AAB; la raza 2 afecta a la variedad Bluggoe y sus genotipos relacionados (genomas ABB); la raza 3 es patogénica a las especies del género *Heliconia*, por lo tanto, ya no es considerada como parte de la estructura de FOC (Meldrum *et al.*, 2012); finalmente la raza 4 ataca a las

variedades Cavendish y todas aquellos susceptibles a la raza 1 y 2. Así mismo, la raza 4 es dividida en raza 4 tropical (RT4) y raza 4 subtropical (ST4), donde los aislamientos RT4 causan enfermedad en condiciones de trópico y subtrópico, mientras que los aislados de ST4 causan enfermedad únicamente en condiciones subtropicales (Fourie *et al.*, 2011).

En el continente americano, la diseminación de FOC raza 4 se ha reportado en plantaciones de banano de países como Colombia, Perú y recientemente, en el 2023 en Venezuela (Acuña *et al.*, 2022; García-Bastidas *et al.*, 2020; Mejías Herrera *et al.*, 2023). En México, se han reportado las razas 1 y 2 de FOC afectando cultivos de bananos y plátanos (SENASICA, 2022). Aunque hasta la fecha, la raza 4 se ha documentado ausente en el país, se plantea un escenario de alerta y la necesidad de un monitoreo constante (DGSV-DCNRF, 2023). El problema de la presencia y potencial introducción de FOC raza 4 en México es alarmante, dado el riesgo que representa para la industria bananera, donde este cultivo es de vital importancia económica y social. Con base en lo anterior, el riesgo de introducción de FOC raza 4 a México es alto, debido a su fácil diseminación, el cual se propaga en gran medida por suelo contaminado y material vegetativo infectado (Dita *et al.*, 2018; Pegg *et al.*, 2019). El objetivo del estudio fue realizar la identificación morfológica y molecular de FOC en plantas de banano “Manzano” del estado de Nayarit.

Para el año 2023, en el estado de Nayarit, México se reportaron 614 hectáreas de banano “Manzano” (*Musa* AAB, subgrupo Silk) (SIAP, 2024). El principal problema fitosanitario de este cultivar es la marchitez por *Fusarium*, el cual está ampliamente diseminado en todas las zonas productoras de banano de la entidad. A pesar de su importancia económica, existe poca información publicada sobre la raza de FOC afectando este cultivar. En julio del año 2022, se realizó un recorrido en la localidad de Gavilán Grande (georreferencia: 21.79694, -105.28417), perteneciente al municipio de Santiago Ixcuintla en el estado de Nayarit, México con el propósito de obtener muestras de plantas enfermas en una finca con banano “Manzano”. Se cortaron plantas enfermas en varios puntos del predio, buscando la colonización de FOC en los haces vasculares del pseudotallo y se tomaron láminas delgadas de tejido, a partir de las cuales se realizaron los aislamientos utilizando PDA suplementado con cloranfenicol (100 mg L⁻¹) y estreptomycin (50 mg L⁻¹). Los cultivos axénicos fueron caracterizados morfológicamente mediante observación al microscopio óptico.

La caracterización molecular de los aislamientos de FOC se realizó a partir de crecimientos en medio líquido PDB (caldo Dextrosa y Papa), de donde se extrajo el DNA del hongo, utilizando entre 200-300 mg de biomasa de FOC, para ello se usó el método clásico basado en el uso del CTAB (Bermúdez-Guzmán *et al.*, 2016). El DNA

extraído fue cuantificado y se evaluó su pureza con un espectrofotómetro NanoDrop 2000. La integridad del DNA se corroboró mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 % con buffer TAE. Se amplificó por PCR la región ITS (Internal Transcribed Spacer) de 3 aislamientos (White *et al.*, 1990) y se envió a un servicio de secuenciación para su posterior análisis bioinformático. A partir de una base de datos local creada con 61 secuencias ITS de FOC descargadas de la base de datos Popset de NCBI (National Center for Biotechnology Information) se realizó un análisis BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) del cual se seleccionaron 25 secuencias con mayor porcentaje de identidad, las cuales fueron alineadas y editadas utilizando el algoritmo ClustalW y se elaboró un cladograma con el método de construcción UPGMA y un análisis de Bootstrap con 1,000 réplicas utilizando una licencia vigente del software CLC Main Workbench 24.0.2.

Para las pruebas de patogenicidad se utilizó la cepa FOCR1Nay01 para la producción masiva de esporas del hongo en medio LSPDA (low-strength potato dextrose agar). Este medio contiene 12.5 g L⁻¹ de agar de dextrosa y papa y 19.5 g L⁻¹ de agar-agar, según lo descrito por Moradi *et al.* (2017). La cuantificación de las esporas se realizó con ayuda de una cámara de Neubauer (hematocitómetro) y un microscopio óptico hasta obtener una concentración de 1x10⁶ esporas mL⁻¹ (Arredondo-Vega y Voltolina, 2007), con la cual se inocularon mediante “drench” (causando heridas en raíz) plantas sanas de banano “Manzano” de 40 días de edad en condiciones de invernadero.

Se obtuvieron tres aislamientos de *Fusarium* sp. procedentes de Nayarit, México. De manera general los aislados presentaron colonias con un diámetro de 8 cm a los 7 días de incubación a 28 °C en Agar Papa Dextrosa (PDA), abarcando la totalidad del medio, con micelio algodonoso, hialino y producción de pigmento violeta en el reverso de la colonia. Microscópicamente, se observó abundante producción de microconidias ovaladas-elípticas, rectas, mayormente unicelulares, en falsas cabezas sobre monofiálides cortas, así como de clamidosporas intercalares y terminales a partir de las 4 semanas de cultivo (Figura 1), características que concuerdan con lo reportado por Leslie y Sumerell (2006) y Maryani *et al.* (2019) para *Fusarium oxysporum*, que presenta una diversidad morfológica colonial.

Para la extracción del DNA genómico se pulverizó la biomasa de los hongos con

nitrógeno líquido y se utilizó un método clásico basado en el uso del CTAB, comúnmente aplicado para plantas (Bermúdez-Guzmán *et al.*, 2016). Finalmente, para todas las muestras se obtuvo una concentración promedio de $400 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$ de DNA con valores de pureza promedio de 2 y 1.7 para las relaciones de absorbancia de 260/280 y 260/230, respectivamente. Los productos de PCR presentaron bandas únicas y fueron secuenciados en Macrogen. La edición y análisis de las secuencias se realizaron con el programa CLC Main Workbench 24.0.2. Las secuencias “Forward” y “Reverse” fueron ensambladas para obtener secuencias consenso, las cuales fueron utilizadas para realizar el análisis BLAST. Para este fin, se descargaron secuencias de regiones ITS de FOC procedentes de PopSet en NCBI para realizar una base de datos local de 61 secuencias.

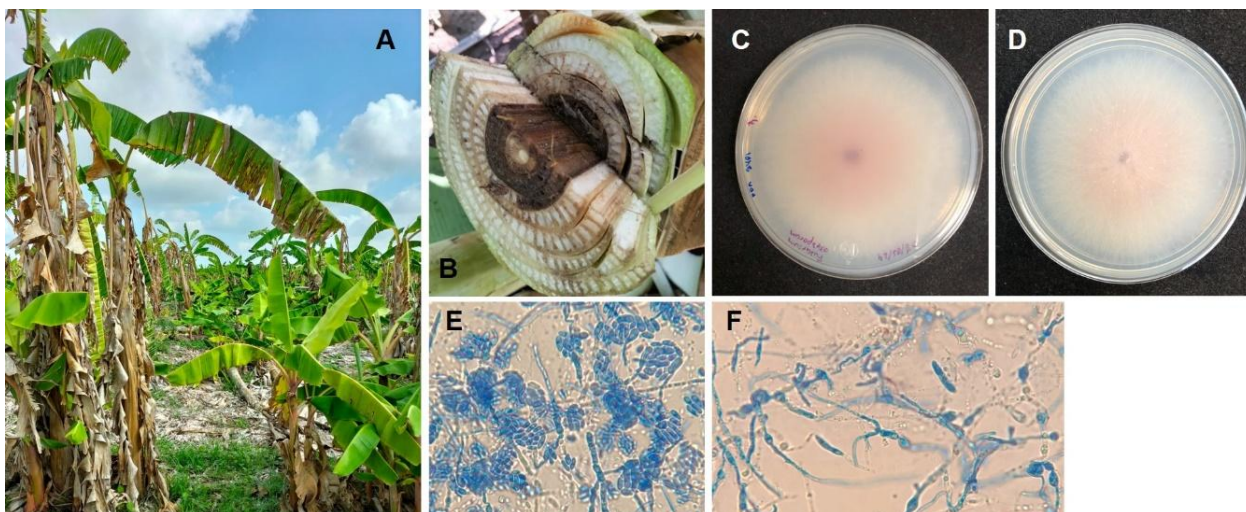


Figura 1. Aislamiento y caracterización morfológica de FOC raza 1 de plantas de banano “Manzano”. A) Plantas de banano “Manzano” con síntomas de marchitez por *Fusarium*. B) Colonización de los haces vasculares por FOC en el pseudotallo. C) y D) Anverso y reverso de cepa purificada de FOC. E) y F) Estructuras de clamidosporas y macroconidias de Foc.

Las secuencias ITS de los tres aislamientos de este estudio fueron homólogas, se trata de secuencias de 559 pb de longitud, por lo que es muy probable se trate del mismo aislamiento, debido también a que los hongos se aislaron de plantas del mismo predio, por tal motivo se consideró solamente como un único aislamiento denominado FOCR1Nay01. De manera similar Muhammad *et al.* (2017) también obtuvieron secuencias homólogas en 3 aislamientos de FOC en banano procedentes de Pakistán.

El análisis BLAST en la base de datos de NCBI de FOCR1Nay01 coincidió con secuencias de regiones ITS de FOC aislados a partir de diversas variedades de plantas

de bananos procedentes de la India, Sri Lanka y Pakistán, con las cuales el aislamiento denominado FOCR1Nay01 de este estudio, comparte entre 90.84 a 99.82 % de identidad. La gran mayoría de información sobre secuencias ITS de FOC en la base de datos de NCBI corresponde a raza 4, debido a la gran amenaza que representa para los bananos y plátanos. En este sentido hay muy poca información en relación a esta región para las razas 1 y 2. La secuencia FOCR1Nay01(NCBI: PQ787221) presentó en una cobertura de 482 nucleótidos un porcentaje de identidad de 99.38 % con la cepa M1 de FOC raza 1 (NCBI: OR617432) aislado de plantas de plátano procedentes de Costa de Marfil.

Para la construcción del cladograma de la Figura 2, se utilizaron secuencias ITS con una cobertura de 427 pb, revelando dos grupos principales que agrupan diversas cepas de FOC procedentes de suelo, cormo y rizoma de plantas de banano y plátano de distintas variedades. El grupo 1 está conformado principalmente por aislamientos de Pakistán, mientras que el grupo 2 incluye aislamientos de FOC principalmente de India y Sri Lanka. El aislamiento de México se ubicó en el grupo 2, y su análisis filogenético sugiere un probable origen a partir de cepas de FOC de estos países asiáticos. Solamente tres cepas de FOC del grupo 2 procedentes de la India (MH454072.1, MH454073.1 y MH454071.1) fueron identificadas a nivel de raza, perteneciendo a la raza 4 tropical, y comparten un 99.77 % de identidad con el aislamiento mexicano. De forma similar, el resto de los aislamientos de FOC del grupo 2 muestran el mismo porcentaje de identidad con el aislamiento mexicano (99.77 %), mientras que las cepas del grupo 1 presentan entre 97.89-99.06 % de identidad con el aislamiento FOCR1Nay01.

Estos datos indican que la región ITS está altamente conservada en FOC. Por lo tanto, es recomendable secuenciar y realizar análisis filogenéticos con otras regiones, como TEF-1 α e IGS (Dita *et al.*, 2010). Alternativamente se puede hacer uso de marcadores específicos para la identificación de razas de FOC, tales como FOCR1F/FOCR1R, FOCR4F/FOCR4R, FOCTR4F/FOCTR4R y FOCSTR4F/FOCSTR4R (Thangavelu *et al.*, 2022). Actualmente, con la reducción de costos en la tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS), se pueden analizar los genomas completos de las cepas de FOC para determinar de forma precisa la raza a la que pertenecen (Raman *et al.*, 2021). En un estudio de Muhammad *et al.* (2017) una secuencia parcial de 444 pb del espaciador intergénico del ARN ribosomal 28S-18S, amplificada con oligonucleótidos FOCTR4 F/R, de tres aislados representativos de Pakistán (números de acceso de Genbank: KF270879, KP893342 y KP893343, respectivamente) tuvieron 100 % de identidad entre sí, es decir, son secuencias homólogas, por lo que esta región también está altamente conservada en

FOC. El análisis filogenético con el espaciador intergénico indicó que los aislados paquistaníes pertenecen al linaje V caracterizado previamente (Fourie *et al.*, 2009) de la raza tropical 4 de FOC (Fourie *et al.*, 2009).

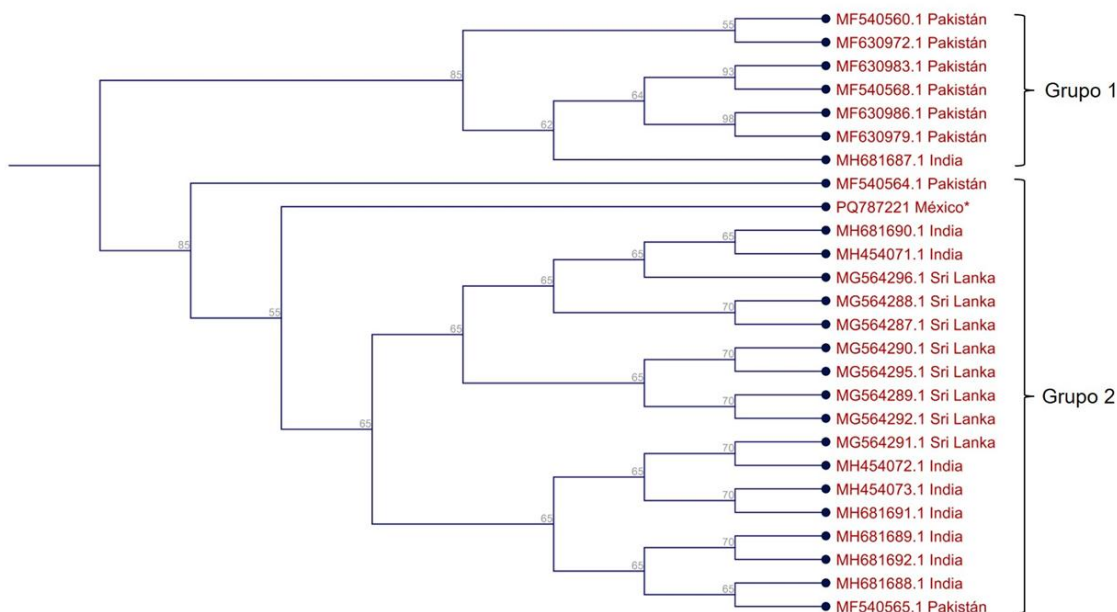


Figura 2. Cladograma de la región ITS de diversos aislamientos de FOC. Se muestra el ID de Genbank seguido del país de origen del aislamiento. La muestra con asterisco corresponde a este estudio. Los números en los nodos corresponden al porcentaje de Bootstrap.

Recientemente, la amplificación por PCR del gen TEF1- α produjo fragmentos de ~690 pb en 46 aislados de FOC. A partir de estos datos se generó un árbol filogenético cuyo análisis evidenció dos clados principales denominados A y B. El clado A contiene todos los aislados FOC R1, y el clado B contiene todos los aislados FOC R4, que incluyen los aislados TR4 y STR4 (Thangavelu *et al.*, 2024). Aunque este estudio solo determina el origen geográfico del aislamiento mexicano, la mayoría de las investigaciones actuales se enfoca en identificar las agrupaciones de cepas de FOC basadas en los diferentes genes asociados a las distintas razas a las que pertenecen.

En las pruebas de patogenicidad realizadas con plantas de banano “Manzano” (genotipo AAB), se inocularon cinco plantas con la cepa FOCR1Nay01, mientras que otras cinco plantas sanas, que no fueron inoculadas, fueron consideradas como controles. La manifestación de los síntomas característicos de marchitez por *Fusarium* (amarillamiento y marchitez en hojas) se presentó a los 30 días después de la inoculación. Las plantas permanecieron en malla sombra por 60 días más y

posteriormente fueron cortados los pseudotallos para buscar colonización por FOCR1Nay01 en los haces vasculares, tejido a partir del cual se reisló el patógeno (Figura 3). La muerte total o parcial de las plantas de banano “Manzano” ocurrió a los 120 días.

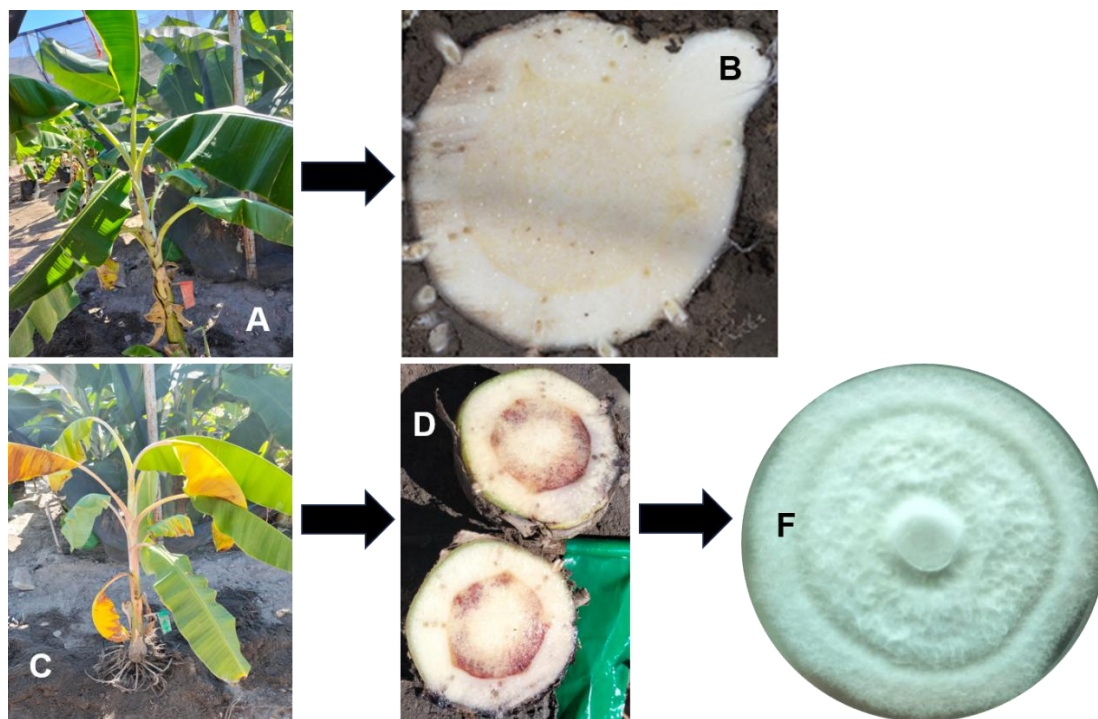


Figura 3. Pruebas de patogenicidad de FOC R1 en banano “Manzano”. A) Planta de banano “Manzano” sana. B) Corte de pseudotallo sin colonización de FOC. C) Planta de banano “Manzano” infectada con la cepa FOCR1Nay01 con síntomas de marchitez por *Fusarium*. D) Corte de pseudotallo con haces vasculares colonizados por FOCR1Nay01. E) Reaislamiento de la cepa FOCR1Nay01 de plantas de banano inoculadas.

Con el fin de llevar a cabo un análisis filogenético más robusto y diagnosticar las distintas razas de FOC, el grupo de trabajo se ha centrado en la identificación de focos de infección por marchitez por *Fusarium* para obtener una colección de aislamientos en diversas zonas plataneras de México. Esto permitirá utilizar marcadores moleculares específicos de las razas, como los descritos recientemente por Thangavelu *et al.* (2022) y, en la medida de lo posible, realizar secuenciación de nueva generación que permita generar información valiosa que contribuya a un análisis más detallado de las diferencias genéticas, facilitando así la elaboración de filogenias y la determinación de razas.

Esta prueba nos indica que el genotipo de banano “Manzano” es altamente susceptible a la cepa FocR1Nay01, por lo que considerando que aún no hay reportes de FOC raza 4 en México y que la raza 2 es patogénica para plátanos de cocción como ‘Bluggoe’ (ABB) (Dita *et al.*, 2018; Ploetz y Pegg, 2000), podemos concluir que el aislamiento de este trabajo corresponde a la raza 1 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*.

REFERENCIAS

1. Acuña, R., Rouard, M., Leiva, A. M., Marques, C., Olortegui, J. A., Ureta, C., Cabrera-Pintado, R. M., Rojas, J. C., Lopez-Alvarez, D., Cenci, A., Cuellar, W. J., & Dita, M. (2022). First report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* tropical race 4 causing *Fusarium* wilt in Cavendish bananas in Peru. *Plant Disease*, 106(8), 2268. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-1951-PDN>
2. Arredondo-Vega, B., & Voltolina, D. (2007). Concentración, recuento celular y tasa de crecimiento. In: Arredondo Vega B. O. y Voltolina D. (Eds.), Métodos y herramientas analíticas en la evaluación de la biomasa microalgal. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C., La Paz, Baja California Sur, México, pp. 17-25.
3. Bermúdez-Guzmán, M. de J., Guzmán-González, S., Orozco-Santos, M., Velázquez-Monreal, J. J., Buenrostro-Nava, M. T., & Michel-López, C. Y. (2016). Optimización de un protocolo para aislamiento de DNA de hojas de *Saccharum officinarum*. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 7(4), Article 4. <https://doi.org/10.29312/remexca.v7i4.263>.
4. DGSV-DCNRF. 2023. Marchitez por *Fusarium*. (*Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 tropical, Foc R4T). SADER-SENASICA. Dirección General de Sanidad Vegetal-Dirección del Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria. Ficha Técnica. Tecamac, Estado de México. 10 p.
5. Dita, M. A., Waalwijk, C., Buddenhagen, I. W., Souza Jr, M. T., & Kema, G. H. J. (2010). A molecular diagnostic for tropical race 4 of the banana *Fusarium* wilt pathogen. *Plant Pathology*, 59(2), 348-357. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2009.02221.x>
6. Dita, M., Barquero, M., Heck, D., Mizubuti, E. S. G., & Staver, C. P. (2018). *Fusarium* wilt of banana: current knowledge on epidemiology and research needs toward sustainable disease management. *Frontiers in Plant Science*, 9. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01468>.
7. Fourie, G., Steenkamp, E. T., Gordon, T. R., & Viljoen, A. (2009). Evolutionary relationships among the *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* vegetative compatibility groups. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(14), 4770-4781. <https://doi.org/10.1128/AEM.00370-09>.
8. Fourie, G., Steenkamp, E. T., Ploetz, R. C., Gordon, T. R., & Viljoen, A. (2011). Current status of the taxonomic position of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* within the *Fusarium oxysporum* complex. *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases*, 11(3), 533-542. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.01.012>.
9. García-Bastidas, F. A., Quintero-Vargas, J. C., Ayala-Vasquez, M., Schermer, T., Seidl, M. F., Santos-Paiva, M., Noguera, A. M., Aguilera-Galvez, C., Wittenberg, A., Hofstede, R., Sørensen, A., & Kema, G. H. J. (2020). First report of *Fusarium* wilt tropical race 4 in Cavendish bananas caused by *Fusarium odoratissimum* in Colombia. *Plant Disease*, 104(3), 994-994. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-19-1922-PDN>.
10. Leslie, J. F. and B. A. Summerell. 2006. The *Fusarium* laboratory manual. Wiley- Blackwell Publishing. Ames, IA, USA. 388 p.

11. 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 center of origin. *Studies in Mycology*, 92, 155-194. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2018.06.003>.
12. Mejías Herrera, R., Hernández, Y., Magdama, F., Mostert, D., Bothma, S., Paredes Salgado, E. M., Terán, D., González, E., Angulo, R., Angel, L., Rodríguez, Y., Ortega, R., Viljoen, A., & Marys, E. E. (2023). First report of *Fusarium* wilt of Cavendish bananas caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 in Venezuela. *Plant Disease*. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-23-0781-PDN>.
13. Meldrum, R. A., Fraser-Smith, S., Tran-Nguyen, L. T. T., Daly, A. M., & Aitken, E. A. B. (2012). Presence of putative pathogenicity genes in isolates of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* from Australia. *Australasian Plant Pathology*, 41, 551-557. <https://doi.org/10.1007/s13313-012-0122-x>.
14. Moradi, M., Dehne, H.-W., Steiner, U., & Oerke, E.-C. (2017). Improved procedure for mass inoculum production of *Fusarium* species in a short period of time. *Applied Entomology and Phytopathology*, 84, 21-31. <https://doi.org/10.22092/jaep.2017.109009>.
15. Pegg, K. G., Coates, L. M., O'Neill, W. T., & Turner, D. W. (2019). The epidemiology of *Fusarium* wilt of banana. *Frontiers in Plant Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01395>.
16. Ploetz, R.C. and Pegg, K.G. 2000. *Fusarium* wilt. In: Abaca and Enset. Jones, D.R. (Ed.), Diseases of banana. Wallingford, UK. CABI. Pp. 143-159.
17. Raman, T., Edwin Raj, E., Muthukathan, G., Loganathan, M., Periyasamy, P., Natesh, M., Manivasakan, P., Kotteeswaran, S., Rajendran, S., & Subbaraya, U. (2021). Comparative whole-genome sequence analyses of *Fusarium* wilt pathogen (foc R1, STR4 and TR4) infecting Cavendish (AAA) bananas in India, with a special emphasis on pathogenicity mechanisms. *Journal of Fungi (Basel, Switzerland)*, 7(9), 717. <https://doi.org/10.3390/jof7090717>.
18. SENASICA, 2022. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria. Protocolo de Diagnóstico: *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 Tropical (Marchitez por *Fusarium*) [Versión 2.0]. Tecámac, México: Autor.
19. SIAP, 2024. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/> (Consulta el 1 de noviembre del 2024).
20. Thangavelu, R., Amaresh, H., Gopi, M., Loganathan, M., Nithya, B., Ganga Devi, P., Anuradha, C., Thirugnanavel, A., Patil, K. B., Blomme, G., & Selvarajan, R. (2024). Geographical distribution, host range and genetic diversity of *Fusarium oxysporum* f. Sp. *cubense* causing *Fusarium* wilt of banana in India. *Journal of Fungi*, 10(12), Article 12. <https://doi.org/10.3390/jof10120887>.
21. Thangavelu, R., Edwinraj, E., Gopi, M., Pushpakanth, P., Sharmila, K., Prabakaran, M., Loganathan, M., & Uma, S. (2022). Development of PCR-based race-specific markers for differentiation of Indian *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, the causal agent of *Fusarium* wilt in banana. *Journal of Fungi (Basel, Switzerland)*, 8(1), 53. <https://doi.org/10.3390/jof8010053>.
22. White, T., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J., Innis, M., Gelfand, D., & Sninsky, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. En *Pcr Protocols: A Guide to Methods and Applications*, (Vol. 31, pp. 315-322).