



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE PARASITOLOGÍA AGRÍCOLA Maestría en Ciencias en Protección Vegetal

COMPLEJO DE HONGOS Y OOMYCETOS DE LA RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA: EFECTO DE LA COINFECCIÓN EN EL DESARROLLO DE SÍNTOMAS

Que como requisito parcial para obtener el grado de:

Maestro en Ciencias en Protección Vegetal

Presenta

Oscar Francisco González Torres

Bajo la supervisión de:

Ángel Rebollar Alviter, PhD.



Chapingo, Estado de México, junio de 2024



COMPLEJO DE HONGOS Y OOMYCETOS DE LA RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA: EFECTO DE LA COINFECCIÓN EN EL DESARROLLO DE SÍNTOMAS

Tesis realizada por **Oscar Francisco González Torres** bajo la supervisión del
Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial
para obtener el grado de:

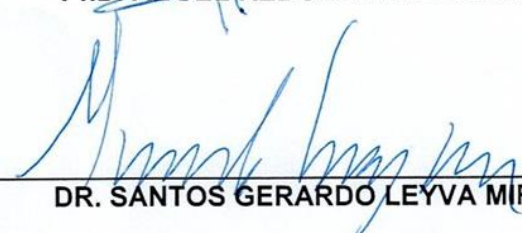
MAESTRO(A) EN CIENCIAS EN PROTECCIÓN VEGETAL:

DIRECTOR:



PhD. ÁNGEL REBOLLAR ALVITER

ASESOR:



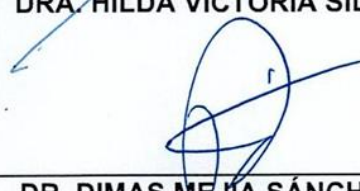
DR. SANTOS GERARDO LEYVA MIR

ASESOR:



DRA. HILDA VICTORIA SILVA ROJAS

ASESOR:



DR. DIMAS MEJÍA SÁNCHEZ

ÍNDICE

DEDICATORIA.....	V
AGRADECIMIENTOS	V
DATOS BIOGRÁFICOS	VI
FORMACIÓN ACADÉMICA PROFESIONAL.....	VI
RESUMEN	VII
ABSTRACT	VIII
INTRODUCCIÓN	IX
JUSTIFICACIÓN.....	XII
OBJETIVOS	XII
HIPÓTESIS.....	XIII
CAPÍTULO I.....	1
1 REVISIÓN DE LITERATURA	1
1.1 Importancia del cultivo de fresa.....	1
1.2 Dinámica de mercado global.....	2
1.3 Importancia de las principales enfermedades de la fresa	3
1.4 Hongos y oomycetes de mayor importancia en la fresa en México.....	5
1.4.1 El género <i>Alternaria</i>	5
1.4.2 Marchitamiento o Fusariosis de la fresa, <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>fragariae</i>	8
1.4.3 Pudrición de raíz, <i>Cylindrocarpon destructans</i>	11
1.4.4 Pudrición carbonosa, <i>Macrophomina phaseolina</i>	12
1.4.5 Pudrición de la raíz, corona y mancha foliar por <i>Neopestalotiopsis rosae</i>	15
1.4.6 Pudrición de corona por <i>Phytophthora</i> spp., y <i>Pythium</i> sp.....	17
1.4.7 Marchitez vascular por <i>Verticillium</i> sp.	17
1.5 Interacciones entre patógenos	19
1.6 Mecanismos de defensa de la planta	20
2 LITERATURA CITADA.....	22
CAPÍTULO II.....	40
1 INTRODUCCIÓN.....	40
2 MATERIALES Y MÉTODOS	42
2.1 Obtención de las Cepas.....	42
2.2 Preparación de cultivos monoconidiales	42
2.3 Incremento de cepas	43

2.4	Preparación del sustrato e Inoculación de complejo de hongos en plántulas de fresa	44
2.5	Variables evaluadas	45
2.6	Altura de la planta	47
2.7	Longitud de la raíz y severidad en corona	47
2.8	Reaislamiento de los hongos y oomycetos inoculados en la corona	48
2.9	Análisis de datos.....	49
2.10	Identificación de Hongos mediante reconstrucción filogenética.....	49
2.10.1	Extracción de ADN	49
2.10.2	PCR, secuenciación y análisis filogenético.....	50
3	RESULTADOS.....	51
3.1	Identificación de los hongos inoculados	51
3.2	Descripción del progreso de síntomas de cada uno de los patógenos inoculados	51
3.2.1	Descripción de la evolución de los síntomas.....	55
3.3	Reaislamiento de los patógenos en cada uno de los tratamientos.....	59
3.4	Progreso de la enfermedad.....	66
3.5	Área Bajo la Curva del Progreso de la Enfermedad.....	69
3.6	Efecto de la inoculación y coinoculación de hongos y oomycetos en la altura, longitud de raíz, peso fresco y pesos seco.	70
4	DISCUSIÓN	72
5	CONCLUSIONES.....	75
6	LITERATURA CITADA.....	76
7	ANEXOS	83

Índice de Cuadros

Cuadro 1.- Tratamientos aplicados (inoculación simple o en mezcla) a plántulas de fresa variedad 'Fronteras' para la evaluación de respuestas a Hongos y Oomycetos en condiciones de invernadero.	45
Cuadro 2.- Reaislamiento de hongos/oomycetos inoculados en corona (Bloque 1, Experimento 1).	60
Cuadro 3.- Reaislamiento de hongos/oomycetos inoculados en corona (Bloque 3, Experimento 2).	63
Cuadro 4.- Valores de los promedios del área bajo la curva del progreso de la enfermedad y las variaciones de las medidas para la incidencia, severidad y mortalidad por tratamiento inoculado en plantas de fresa variedad "Fronteras".	69
Cuadro 5.- Valores de los promedios y las variaciones de las medias para la altura, longitud de raíz, peso fresco y peso seco por tratamiento inoculado en plantas de fresa variedad "Fronteras".	71

Índice de Figuras

Figura 1. Escala de Severidad Modificada para la Evaluación de Síntomas en el Área Foliar de Plántulas de Fresa variedad Fronteras.....	46
Figura 2.- Escala de severidad de 0 a 4 para evaluación de síntomas en la corona de plántulas de fresa variedad "Fronteras".	48
Figura 3.- Progreso de los síntomas foliares y corona por cada patógeno inoculado o coinoculado a los 28 días después de la inoculación.....	51
Figura 4.- Progreso de la Incidencia a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- <i>Alternaria</i> , F.- <i>Fusarium</i> , M.- <i>Macrophomina</i> , N.- <i>Neopestalotiopsis</i> , P.- <i>Phytophthora</i>	68
Figura 5.- Progreso de la Severidad a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- <i>Alternaria</i> , F.- <i>Fusarium</i> , M.- <i>Macrophomina</i> , N.- <i>Neopestalotiopsis</i> , P.- <i>Phytophthora</i>	68
Figura 6.- Progreso de la Mortalidad a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- <i>Alternaria</i> , F.- <i>Fusarium</i> , M.- <i>Macrophomina</i> , N.- <i>Neopestalotiopsis</i> , P.- <i>Phytophthora</i>	68

DEDICATORIA

A mis padres, Arcelia Torres Araujo y Rigoberto González Mora, pilares de mi existencia. Su incansable esfuerzo y su amor incondicional no solo me han enseñado la perseverancia y la dedicación, sino que han enriquecido mi alma con la valiosa semilla de la curiosidad y un profundo respeto por la naturaleza. Gracias por ser mi guía y refugio constante.

A mi hermana, Anel González Torres, mi cuñado Nicolas Jaime y sus hijos (Peluche y Capi), gracias por estar presentes en cada fase de este viaje. Su alegría y tu entusiasmo han sido la chispa que inspira mi espíritu.

A Ana María Aguilera Blanco, que ha compartido conmigo no solo la pasión por la ciencia, sino también los retos y las victorias. Tu apoyo firme han sido mi roca en los momentos más desafiantes. Gracias por creer en mis sueños con la misma convicción con la que yo los persigo.

AGRADECIMIENTOS

Quiero mencionar especialmente a la Universidad Autónoma Chapingo, especialmente al Departamento de Parasitología Agrícola y a la Maestría en Ciencias en Protección Vegetal, por incluirme en su programa educativo y aportar a mi crecimiento profesional.

Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCyT) por el apoyo económico recibido, que ha sido importante para mis estudios de posgrado.

Al Centro Regional Centro Occidente Morelia (CRUCO) de la Universidad Autónoma Chapingo por proporcionarme los recursos materiales e instalaciones necesarios para mi investigación.

Reconocer a mis asesores, el Dr. Ángel Rebollar Alviter y la Dra. Hilda Victoria Silva Rojas, por su orientación durante el desarrollo de esta tesis. Valoré mucho sus correcciones y el tiempo que invirtieron en ayudarme a alcanzar mis objetivos académicos.

Por último, gracias a los Drs. Gerardo Leyva Mir y Dimas Mejía Sánchez por su asesoría durante este proceso. Sus recomendaciones han sido útiles para mi avance y comprensión del tema investigado. Aprecio el esfuerzo y tiempo que dedicaron en guiar mis pasos en este proyecto académico.

DATOS BIOGRÁFICOS

Nombre Completo: Oscar Francisco González Torres

Fecha de Nacimiento: 12/03/1994

Lugar de Nacimiento: Salvatierra, Guanajuato

Profesión: Ingeniero Agrónomo Especialista en Parasitología Agrícola

Cédula Profesional:

CURP: GOTO940312HGTNRS01

FORMACIÓN ACADÉMICA PROFESIONAL

Preparatoria Agrícola (2009-2012), Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco de Mora, Edo. de México.

Ingeniero Agrónomo Especialista en Parasitología Agrícola (2012-2016), Departamento de Parasitología Agrícola, Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco de Mora, Edo. de México.

En 2022 ingresó a la Maestría en Ciencias en Protección Vegetal, Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco de Mora, Edo. de México.

COMPLEJO DE HONGOS Y OOMYCETOS DE LA RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA: EFECTO DE LA COINFECCIÓN EN EL DESARROLLO DE SÍNTOMAS

RESUMEN

La producción de fresas se enfrenta a problemas fitosanitarios que afectan a la cantidad y calidad del cultivo, lo que se traduce en importantes pérdidas económicas. Los fitopatógenos más dañinos incluyen entre otros a *Alternaria* sp., *Fusarium* sp., *Dactylonectria* sp., *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora* sp. y *Neopestalotiopsis rosae* que infectan los tejidos de la raíz y la corona. Este estudio procuró determinar la variación en la expresión de los síntomas de marchitez y el progreso del desarrollo de la marchitez en plantas de fresa en respuesta a la coinoculación de estos patógenos. Las cepas utilizadas se aislaron de las variedades de fresa Albión y Fortuna. Las plántulas de fresa var. Fronteras, se inocularon con suspensiones de conidios y esporangios de los patógenos seleccionados. Se establecieron veinte tratamientos, incluido un control sin inocular, en un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Se evaluó la incidencia y la gravedad de los síntomas, así como la altura de la planta y la longitud de la raíz. Los datos se analizaron mediante modelos de medidas repetidas utilizando el procedimiento GLIMMIX. Los resultados mostraron que la coinoculación de patógenos dio lugar a una mayor gravedad de los síntomas en comparación con los tratamientos individuales, lo que sugiere efectos sinérgicos. Los tratamientos con combinaciones de *Alternaria*, *Fusarium*, *Macrophomina* y *Phytophthora* mostraron los mayores niveles de gravedad y mortalidad en las plantas de fresa. La identificación precisa de los patógenos y la comprensión de sus interacciones son cruciales para desarrollar estrategias eficaces de gestión de las enfermedades. Este estudio subraya la necesidad de un enfoque integrado para la gestión de las enfermedades, teniendo en cuenta la interacción sinérgica entre los patógenos. La identificación precisa y la evaluación del progreso de la enfermedad son esenciales para desarrollar estrategias de gestión que contribuyan significativamente a la sostenibilidad y productividad del cultivo de fresa.

Palabras clave: Fitopatógenos, Coinoculación, Incidencia y Gravedad de los Síntomas, Efectos Sinérgicos

FUNGAL AND OOMYCETE COMPLEX OF STRAWBERRY ROOT AND CROWN: EFFECT OF CO-INFECTION ON SYMPTOM DEVELOPMENT.

ABSTRACT

Strawberry production faces phytosanitary problems that affect the quantity and quality of the crop, resulting in significant economic losses. The most damaging phytopathogens include *Alternaria* sp., *Fusarium* sp., *Dactylonectria* sp., *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora* sp. and *Neopestalotiopsis rosae* that infect root and crown tissues. This study sought to determine the variation in the expression of wilt symptoms and the progress of wilt development in strawberry plants in response to co-inoculation of these pathogens. The strains used were isolated from Albion and Fortuna strawberry varieties. Strawberry seedlings var. Fronteras, were inoculated with suspensions of conidia and sporangia of the selected pathogens. Twenty treatments, including an uninoculated control, were established in a randomized complete block experimental design with four replicates. Symptom incidence and severity, as well as plant height and root length were evaluated. Data were analyzed by repeated measures models using the GLIMMIX procedure. Results showed that pathogen co-inoculation resulted in higher symptom severity compared to individual treatments, suggesting synergistic effects. Treatments with combinations of *Alternaria*, *Fusarium*, *Macrophomina* and *Phytophthora* showed the highest severity and mortality levels on strawberry plants. Accurate identification of pathogens and understanding their interactions are crucial for developing effective disease management strategies. This study underscores the need for an integrated approach to disease management, taking into account the synergistic interaction between pathogens. Accurate identification and assessment of disease progress are essential to develop management strategies that contribute significantly to the sustainability and productivity of the strawberry crop.

Key words: Phytopathogens, Coinoculation, Incidence and Severity of Symptoms, Synergistic Effects.

INTRODUCCIÓN

A nivel mundial China lidera la producción mundial de fresas con 3.36 millones de toneladas, seguida por Estados Unidos con 1.26 millones. Turquía y Egipto destacan en Europa y Oriente Medio, mientras que México y España son los principales productores en América Latina y Europa. Otros productores importantes incluyen Rusia, Polonia, Corea del Sur y Brasil (FAOSTAT, 2022). En el mercado mundial, la fresa experimenta fluctuaciones de precios por diversas influencias. Por ejemplo, en Taiwán, las fresas son un producto exótico y caro, con precios minoristas que varían considerablemente, reflejando su naturaleza premium en ciertos mercados (Cossio & Flores, 2021a). Además, los envíos al extranjero influyen en los precios de este producto. México como ejemplo es competitivo en el mercado estadounidense, respaldado por índices de Balassa y apertura exportadora, ya que su creciente producción y métodos avanzados lo posicionan como un líder exportador (Cossio & Flores, 2021; María & Granja, 2015). Sin embargo, este producto al ser delicado y perecedero, complica la cadena de suministro, lo que provoca precios inestables y beneficios inciertos para los productores. Además de la vulnerabilidad a diversas patologías relacionadas con hongos y oomycetos. (Hoyos et al., 2022; Guan et al., 2021; Al-Rahbi et al., 2021; Ayoubi & Soleimani, 2016)

En las plantas, es común observar la respuesta de defensa y adaptación frente a perturbaciones bióticas y abióticas donde el espacio limitado y la competencia por recursos finitos crean las condiciones ideales para que se produzcan interacciones entre organismos (Anco, 2018). Las enfermedades radicales en las plantas de fresa son provocadas por un espectro diverso de patógenos fúngicos y oomycetos, que han sido documentados en varias regiones del mundo, reflejando la relevancia global de este problema (Yang et al., 2023; Shrestha et al., 2023; Vega-Gutiérrez et al., 2023).

La clasificación de las interacciones entre hongos fitopatógenos y las plantas de fresa se pueden agrupar según la visibilidad de los síntomas, desde los fácilmente observables hasta aquellos crípticos y difíciles de detectar (Stergiopoulos & Gordon, 2014). Esta diversidad de síntomas complica el diagnóstico, dado que los patógenos que se transmiten a través del suelo permanecen ocultos hace que los síntomas se manifiesten bajo tierra lo que obstaculiza el reconocimiento temprano y la intervención oportuna (Kumari & Thakur, 2022a; Lee et al., 2022; Yang et al., 2023).

La gestión de las enfermedades de las plantas de fresa se ve particularmente desafiada por la naturaleza diversa de los patógenos implicados, incluyendo múltiples especies de hongos que contribuyen a enfermedades complejas como pudrición de la corona (Zhang et al., 2022). Además, los hongos y oomicetos patógenos de las raíces transmitidos por el suelo junto con los nematodos y las condiciones ambientales, complican aún más el manejo de las enfermedades (Kumari & Thakur, 2022).

Este escenario es agravado por la variabilidad en la virulencia de los patógenos, la complejidad de las interacciones patógeno-planta, y la influencia del genotipo del hospedante en la manifestación de los síntomas, lo que subraya la importancia de un enfoque integrado y multifacético en la gestión de estas enfermedades (Lamari & Bernier, 1989; Anco, 2018; Nazarov et al., 2020; Duan et al., 2022). El desarrollo y la propagación de enfermedades en las plantas de fresa están fuertemente influenciados por varios factores del sistema de producción agrícola como lo es la gestión del suelo, las prácticas de riego y el uso de fertilizantes que afectan significativamente a las comunidades microbianas del suelo y a las interacciones planta-microbio. (Li et al., 2019; van der Wolf et al., 2018).

Las coinfecciones por múltiples patógenos o cepas del mismo patógeno son comunes y tienen implicaciones significativas en la ecología de la enfermedad y la evolución del patógeno, lo que puede resultar en enfermedades más graves y en un impacto negativo en el crecimiento y la biomasa de las plantas (Alizon et al., 2013; Fang et al., 2021). La investigación ha demostrado que las plantas de fresa son susceptibles a una amplia gama de hongos patógenos, cada uno capaz de causar enfermedades distintas por ejemplo, las cepas aisladas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* pueden provocar clorosis y marchitez o sólo marchitez, lo que indica que incluso cepas estrechamente relacionadas pueden provocar diferentes resultados de la enfermedad (Jenner & Henry, 2022). De forma similar, la pudrición de la corona de la fresa está causada por una diversidad de hongos patógenos, incluyendo *Colletotrichum siamense*, *Fusarium oxysporum*, entre otros, que pueden provocar síntomas graves que van desde el amarillamiento de las hojas hasta la muerte de la planta (Zhang et al., 2022). Además, *Colletotrichum fructicola*, causante de la antracnosis, manipula los mecanismos de defensa de las plantas de fresa, dejándolas potencialmente más vulnerables a otras infecciones (Zhang et al., 2018).

La falta de atención a las coinfecciones fúngicas en el control de las enfermedades de la fresa puede atribuirse a varios factores. En primer lugar, el enfoque en la dinámica de un único patógeno, como el amplio estudio sobre *Botrytis cinerea*, a menudo eclipsa la complejidad de las coinfecciones que implican a otros patógenos como *Mucor piriformis* y *Rhizopus* spp. a pesar de su importante papel en la pudrición de la fruta tras la cosecha (Nielsen et al., 2022). Este enfoque singular se ve agravado por la alta incidencia de la resistencia a los fungicidas en *Botrytis* spp., que desvía la atención hacia la gestión de esta resistencia, en lugar de considerar el espectro más amplio de patógenos fúngicos que afectan a las fresas (Y. Xu et al., 2019). Además, la búsqueda de estrategias de gestión alternativas, como el uso de microorganismos benéficos y técnicas de desinfestación del suelo, se ha visto impulsada principalmente por la necesidad de sustituir los fumigantes químicos y abordar los desafíos de un solo patógeno, en lugar de abordar las coinfecciones (Camacho et al., 2023; Holmes et al., 2020).

El aparente significado de coinfección ha recibido limitada atención; en parte debido a la falta de adecuadas herramientas cuantitativas para el monitoreo (Abdullah et al., 2018). Generalmente síntomas causados por dos o más enfermedades son difíciles de distinguir y pueden diagnosticarse erróneamente como otras anomalías fisiológicas no relacionadas lo que supone un reto para el diagnóstico convencional de la enfermedad y las consiguientes estrategias de gestión (Moffat et al., 2015; Short et al., 2014; Singer, 2010). Los retos en el diagnóstico de enfermedades causadas por coinfecciones fúngicas en plantas de fresa son multifacéticos, e implican la diversidad de patógenos, la aparición de nuevas enfermedades y otros factores (Fang et al., 2023; Li et al., 2023; Rebollar-Alviter et al., 2020; Zhang et al., 2022)

En respuesta a los retos identificados, este estudio se centra en analizar el complejo de hongos y oomycetos en las raíces de la fresa, en particular cómo afectan las coinfecciones al desarrollo de los síntomas. También se pretendió explorar diversas estrategias de gestión integrada con el fin de proponer medidas que puedan ayudar a mitigar los efectos negativos de estas enfermedades. A través de este enfoque, se procuró contribuir con información valiosa que podría ser útil para mejorar las prácticas de gestión del cultivo de la fresa.

JUSTIFICACIÓN

La presente investigación se presenta reconociendo la importancia de abordar un problema complejo y significativo en la agricultura de manera integral. Las enfermedades radicales representan una amenaza considerable para la producción de fresas a nivel mundial, y entender cómo la coinfección de múltiples patógenos afecta el desarrollo de síntomas es crucial para encontrar soluciones efectivas. En este trabajo me pretendió por comprender mejor estas interacciones, reconociendo que aún hay mucho por aprender, pero se buscó contribuir con información valiosa que pueda ser útil para los agricultores y la comunidad científica en general, con el objetivo último de abonar en la mejora la seguridad alimentaria y la sustentabilidad agrícola. Dada la importancia del tema en la producción de fresa, los objetivos de esta investigación son:

OBJETIVOS

Objetivo general

Determinar la variación en la expresión de síntomas de pudrición de raíz y corona de la fresa como consecuencia de la interacción de patógenos habitantes del suelo en plantas de fresa.

Objetivos específicos

1. Determinar la variación en la expresión de síntomas de marchitez la fresa como respuesta a la coinoculación de hongos y oomycetos en plantas de fresa.
2. Determinar el progreso del desarrollo de la marchitez de plantas de fresa en respuesta a la co-inoculación de hongos y oomycetos asociados a raíz y corona.

HIPÓTESIS

1. Los síntomas foliares en las plantas de fresa varían según el tipo de hongo y oomyceto o la combinación.
2. La co-infección con múltiples diferentes hongos y oomycetos altera la expresión y aumenta la severidad de los síntomas foliares en las plantas de fresa comparado con infecciones simples.

CAPÍTULO I

1 REVISIÓN DE LITERATURA

1.1 Importancia del cultivo de fresa

China se sitúa a la cabeza de la producción mundial de fresas, cosechando 3,364,008 toneladas en 127,295 hectáreas. Le sigue Estados Unidos con 1,261,890 toneladas producidas en 21,287 hectáreas. En Europa y Oriente Medio, Turquía y Egipto aportan significativamente con 728,112 y 637,842 toneladas cosechadas de 22,272 y 15,836 hectáreas, respectivamente. En el ámbito latino y europeo, México y España reportan producciones de 568,272 y 325,880 toneladas producidas en 12,761 y 7,270 hectáreas, respectivamente. Completan el panorama países como la Federación Rusa, Polonia, la República de Corea y Brasil, con producciones que oscilan entre 254,800 y 183,923 toneladas en áreas que van desde las 4,786 hasta las 38,529 hectáreas (FAOSTAT, 2022). Estados Unidos lidera en eficiencia en la producción de fresas con un rendimiento de aproximadamente 59.28 toneladas por hectárea. España y México presentan rendimientos cercanos de 44.83 y 44.53 toneladas por hectárea respectivamente, indicando condiciones climáticas favorables y prácticas agrícolas avanzadas. Egipto destaca en Oriente Medio y África con un rendimiento de 40.28 toneladas por hectárea, mientras que Brasil alcanza 38.43 toneladas por hectárea, reflejando buenas prácticas de cultivo en América Latina. Turquía y la República de Corea tienen rendimientos de 32.69 y 31.18 t/ha, respectivamente, siendo jugadores eficientes en sus regiones. A pesar de ser el mayor productor por volumen total, China tiene un rendimiento de 26.43 t/ha, indicativo de un área de cultivo extensa, pero con menor rendimiento por unidad. La Federación Rusa y Polonia tienen los rendimientos más bajos, con 6.61 y 6.37 t/ha, lo que puede reflejar condiciones climáticas desfavorables o técnicas de cultivo diferentes (FAOSTAT, 2022). En México los principales estados productores de fresas frescas para el año 2022 son Michoacán con 354,047.99 t, Guanajuato con 96,119.00 t y Baja California con 93,179.00 y superficies cosechadas de 8,343.56, 1,729.90, 2,040.00 ha respectivamente. Michoacán se cuenta con una participación de 65.9% y destacan los municipios de Zamora, Tangancícuaro y Jacona, con 32.2%, 16% y 11.8% de la producción estatal respectivamente. En Guanajuato se cuenta con una participación de 12.1%, Irapuato, Tarandacuao y Abasolo, fueron los municipios que más

destacaron con 45.9 %, 16.5 % y 12.4%, de la producción estatal respectivamente. Y en el caso de Baja California se tiene una participación de 18.9% y el único municipio productor de fresas fue Ensenada (SIAP, 2022). En México, la producción de fresas frescas en el periodo 2016 a 2020 colocó a nuestro país en el tercer lugar a nivel mundial, con un promedio de 639 miles de toneladas y en lo referente a las exportaciones, las y los productores de este fruto se llevaron la medalla de oro, ya que en el periodo 2017-2021 los ingresos promedio por su compra ascendieron a 784 millones de dólares (SADER, 2022).

1.2 Dinámica de mercado global

El mercado mundial de la fresa ha experimentado fluctuaciones en los precios debido a diversas influencias. Por ejemplo, en Taiwán, las fresas se consideran un producto exótico y caro, y los precios de venta al por menor varían considerablemente, lo que refleja la naturaleza premium de la fruta en determinados mercados (Cossio & Flores, 2021). Del mismo modo, en Minas Gerais, Brasil, las variaciones estacionales han provocado notables fluctuaciones en la oferta y los precios, observándose los promedios productivos más bajos y los precios medios más altos durante la transición del invierno a la mitad de la temporada y el verano (Agehara et al., 2020; Bruchhaus & Bruchhaus, 2005). Además, incidentes internacionales como el susto de la aguja de la fresa australiana de 2018 provocaron una caída temporal de los precios mayoristas de la fresa fresca de alrededor del 20%, seguida de un aumento significativo debido a las restricciones de suministro, lo que pone de relieve cómo los eventos inesperados pueden distorsionar temporalmente los precios del mercado (Schaefer & Scheitrum, 2020).

Las tendencias de las exportaciones también desempeñan un papel crucial en la dinámica de los precios. Las fresas mexicanas han mostrado una competitividad positiva en el mercado estadounidense, lo que podría influir en los precios a través de la dinámica de la oferta y la demanda, la competitividad de la fresa mexicana se sustenta en el índice de Balassa y el índice de grado de apertura exportadora que en el mercado estadounidense se ha destacado por su creciente producción y exportación, impulsada por programas de fomento agrícola y métodos avanzados de producción, posicionando a México como líder exportador (Cossio & Flores, 2021; María & Granja, 2015). Adicionalmente, el análisis de la competitividad de la fresa mexicana frente a otros

importantes países exportadores como España y Estados Unidos revela que México tiene una ventaja comparativa revelada en las exportaciones de fresa, lo que sugiere una creciente competitividad a través del tiempo (Quintero-Ramírez et al., 2020).

La fresa se ha convertido en un potencial económico para pequeños y medianos productores en América Latina (Botero-Hoyos et al., 2022). En México es importante, ya que representa 3% del producto interno bruto agrícola y 8.1% del valor de la producción frutícola a nivel nacional (SIACON, 2019). En 2020, China, los Estados Unidos de América y México produjeron juntos más de 50% de la producción total global. Otros países productores importantes incluyen a Egipto, Rusia, Japón, República de Corea, Polonia y Alemania (FAO, 2021). En México este cultivo destaca por su participación en el mercado de exportación (Sredl, 2023). El 90% de la producción nacional se destina a mercados internacionales, principalmente el de Estados Unidos, mientras que el restante 10% se utiliza para abastecer la demanda del mercado regional y nacional (SADER, 2021). Sin embargo, es delicado y perecedero. Esta condición hace que su tránsito por la cadena de suministro sea complejo, su precio en el mercado inestable y el beneficio para los productores incierto (Hoyos et al., 2022; Guan et al., 2021).

1.3 Importancia de las principales enfermedades de la fresa

En general la fresa es vulnerable a diversas patologías relacionadas con hongos tales como: el moho gris (*Botrytis cinerea*), *Alternaria* spp. (mancha de la hoja), pudrición y marchitez de la raíz (*Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*), necrosis de la raíz (*Rhizoctonia fragariae*), mancha púrpura en la hoja (*Mycosphaerella fragariae*), cenicilla (*Podosphaera aphanis*) y pudrición por (*Phytophthora cactorum* y *P. fragariae*) (Al-Rahbi et al., 2021; Ayoubi & Soleimani, 2016; Parikka & Latvala, 2021).

Recientemente los patógenos que comúnmente afectan a las raíces y las coronas de las fresas, incluyen una variedad de agentes fúngicos y bacterianos que afectan los cultivos de fresas de todo el mundo. *Xanthomonas fragariae*, en particular las cepas YL19 e YLX21, destacan por causar la mancha angular de la hoja (ALS por sus siglas en inglés) y la pudrición seca de la cavidad en las coronas de fresa, siendo YL19 más dañina debido a su capacidad de invasión sistémica de hojas a

coronas y de raíces a hojas, y a su capacidad de causar síntomas más graves en las coronas de fresa tanto en condiciones de inoculación foliar, así como con la ayuda de heridas en la corona (Wang et al., 2023).

Por otro lado, se ha informado de que *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* (Fof), específicamente identificado como raza 2 en California, causa marchitez por *Fusarium* en fresas, superando la resistencia en cultivares resistentes con el gen FW1 que anteriormente eran resistentes a la raza 1 de Fof, lo que indica un cambio significativo en la virulencia del patógeno y un aumento potencial de las pérdidas debidas a esta enfermedad (Dilla-Ermita et al., 2023a). Las especies de *Colletotrichum*, incluidas *C. siamense* y *C. fructicola*, están identificadas como las principales responsables de la pudrición de la corona de la fresa, junto con especies de *Fusarium* como *F. oxysporum* y *F. solani*, que también causan graves daños a las raíces y coronas de la fresa (Zhang et al., 2022). *Colletotrichum pandanicola*, un miembro del complejo de especies *C. gloeosporioides*, ha sido reportado por primera vez como causante de la pudrición de la corona por antracnosis en fresas en China, indicando su potencial para causar serias pérdidas en la industria de la fresa (Yan et al., 2023). Además, *Phytophthora helicoides* ha sido identificado en China como un patógeno causante de la pudrición de la raíz y de la corona (Zhan et al., 2020). *Phytophthora cactorum*, con distintos patotipos, por un lado causantes de la pudrición de la corona y otro de la pudrición del cuero, han sido identificado mediante análisis genómico, revelando diferencias en los potenciales efectores de virulencia entre los dos patotipos, sugiriendo mecanismos para la colonización específica de tejidos de acuerdo con el patotipo (Gogoi et al., 2023).

Otro patógeno crítico es *Neopestalotiopsis rosae*, responsable de causar pudrición de raíz, pudrición de corona y mancha foliar, con pérdidas significativas de trasplantes que alcanzan hasta el 50%, esto fue observado en el Valle de Zamora, Michoacán (Rebollar-Alviter et al., 2020). En Corea del Sur se ha notificado por primera vez la presencia de *Plectosphaerella cucumerina* como patógeno de la pudrición de la corona y la raíz de la fresa (Hassan & Chang, 2022). En Uruguay, *Dactylonectria novozelandica* se ha identificado como agente causal de la necrosis de la corona y la raíz (Viglicca et al., 2022), mientras que *Neopestalotiopsis mesopotamica* se ha señalado en Ecuador por síntomas similares (Hidrobo-Chavez et al., 2022). Otros patógenos fúngicos significativos incluyen *Macrophomina phaseolina*, *Verticillium dahliae* y *Phytophthora* spp., que

se han encontrado prevalentes en el distrito de producción de fresas de Watsonville-Salinas en California (Steele et al., 2022).

1.4 Hongos y oomicetes de mayor importancia en la fresa en México

En México los cultivos de fresa enfrentan amenazas por diversos hongos patógenos que afectan raíces y coronas, ocasionando pérdidas sustanciales en la producción. La diversidad de patógenos fúngicos que afectan a las raíces y coronas de la fresa en México muestran una compleja lista de patógenos que incluyen a *F. solani* (Fso), *Cylindrocarpon* sp. (Cyl), *Pythium aphanidermatum* (Pyt), *Phytophthora* sp. (Phy), *Rhizoctonia fragariae* (Rhi), *Verticillium albo-atrum* (Ver) y *Colletotrichum* sp. (Col) se asociaron con la marchitez seca (Morales-Mora et al., 2020). Además, las enfermedades causadas por *F. oxysporum*, *Neocosmospora solani*, *F. moniliforme*, *P. fragariae*, *Rhizoctonia solani*, *Alternaria* spp., *Pythium aphanidermatum*, *Verticillium albo-atrum*, *Colletotrichum* spp., *Cylindrocarpon* sp. y *Ramularia* spp. causan pérdidas significativas en el cultivo de fresa (Bárcenas-Santana et al., 2019; Undurraga & Vargas, 2013).

Recientemente, *Neocosmospora keratoplastica*, anteriormente *Fusarium keratoplasticum* ha sido identificada como causante de pudrición y marchitez de la raíz en fresas en México. Este primer reporte en el país destaca la amenaza que representa para la producción de fresas en Culiacán, Sinaloa, debido a su alta patogenicidad. (Vega-Gutiérrez et al., 2023). *N. solani*, otro patógeno importante, ha sido implicado en la marchitez de la fresa en varias regiones de México, destacando aún más el impacto económico en los productores rurales de fresa (Lezama et al., 2022). Estas investigaciones hacen evidente la diversidad y complejidad de los patógenos que afectan a las raíces y las coronas de las fresas. A continuación, se resume la información más relevante en relación a los hongos y oomicetes que más ocurren solos o asociados a la pudrición de corona y raíz de la fresa en México.

1.4.1 El género *Alternaria*

Los miembros del género *Alternaria* pertenecen a la familia Pleosporaceae, orden Pleosporales, clase Dothideomycetes, filo Ascomycota, reino Fungi y dominio Eukarya (Schoch et al., 2020).

Alternaria, es una de las principales especies de hongo fitopatógeno, tiene más de 4.000 miembros reconocidos, incluidas casi 300 especies que se encuentran en todo el mundo (Bessadat et al., 2021). *Alternaria* pueden distinguirse de otros hongos por sus características morfológicas específicas, los aislados de *Alternaria* suelen tener conidios que son elipsoides u obpyriformes, con septos transversales y longitudinales, y una superficie marrón lisa (Liu et al., 2023; Ramirez-Villacis et al., 2023). Además, las especies de *Alternaria* suelen presentar conidióforos oscuros, erectos o curvados, ramificados (Sun et al., 2023). Además, las especies de *Alternaria* de la sección *Chalastospora*, como *Alternaria muriformis*, se diferencian por su producción de conidios muriformes (Sun et al., 2022).

Las especies del género *Alternaria* son conocidos principalmente como hongos saprofitos, que prosperan en la materia orgánica en descomposición, pero algunas especies han desarrollado rasgos patógenos, causando enfermedades en una amplia gama de cultivos mediante la explotación de las vulnerabilidades del hospedador y la producción de toxinas específicas del hospedador (HST) y toxinas no específicas del hospedador (nHST) (Dang et al., 2015; Meena et al., 2017; Thomma, 2003a). Inicialmente, las esporas de *Alternaria* se posan en la superficie de la planta hospedante, donde condiciones ambientales como la temperatura y la humedad facilitan su germinación como en el caso de *A. alternariacida* (Kokaeva & Elansky, 2023). Tras la germinación, las especies de *Alternaria* penetran en el tejido del hospedante, ya sea directamente a través de aberturas naturales o heridas, o indirectamente mediante la producción de enzimas que degradan las paredes celulares de la planta. A esta penetración le sigue la colonización y el desarrollo de síntomas, como manchas foliares y tizones (Shi et al., 2023). A lo largo del proceso de infección, las especies de *Alternaria* muestran una notable capacidad para adaptar su expresión génica para superar las defensas de la planta, como se observa en las infecciones de *A. alternata* en cítricos, donde la rápida alteración de los patrones de expresión génica es crucial para el éxito de la colonización (Gai et al., 2023a). El ciclo de vida se completa con la producción de nuevos conidios en el tejido infectado, que se dispersan para iniciar nuevos ciclos de infección (Liu et al., 2023; Smagulova et al., 2022).

Uno de los principales modos de propagación es a través de las semillas, donde *Alternaria* spp. se transmite de las semillas infectadas a las plántulas, reduciendo significativamente las tasas de germinación y causando síntomas de la enfermedad como en el trigo, la albahaca y el brócoli, entre otros cultivos (Comby et al., 2016; Kumar et al., 2022). Además, *Alternaria* spp. puede permanecer

viable en restos de plantas enfermas y semillas infectadas durante largos periodos, sirviendo como fuente primaria de inóculo para nuevas infecciones (Shalimar Srinagar et al., 2020). La dispersión aérea de conidios es otro modo crítico de propagación de *Alternaria* spp., en el que el viento desempeña un papel importante en la dispersión de conidios a distancias considerables (Maya-Manzano et al., 2016). Por lo general, los tejidos debilitados, ya sea debido a estrés, senescencia o heridas, son más susceptibles a la infección por *Alternaria* que los tejidos sanos (Thomma, 2003b). Además, los métodos de inoculación desarrollados para *Alternaria*, donde implican el uso de conidios y material vegetal infectado, subrayan la adaptabilidad de *Alternaria* spp. para utilizar vectores bióticos y abióticos para su propagación (Gai et al., 2023).

En condiciones *in vitro*, la producción de conidios se lleva a cabo cuando las temperaturas varían de 8-24 °C, los conidios maduros aparecen después de 14-24 h. Las temperaturas óptimas se sitúan entre 16 y 24 °C, donde el tiempo para la producción de conidios oscila entre 12 y 14 h. La presencia de lluvia, rocío o alta humedad son esenciales para la infección y se requiere un mínimo de 9-18 h para la mayoría de las especies. Una humedad continua de 24 h (a 20 °C) o superior prácticamente garantiza la infección (Mamgain et al., 2013).

Alternaria usualmente está asociada al cultivo de fresa con problemas como pudriciones de fruto (Patil & Suryawanshi, 2015) y manchas foliares (Garay-Serrano et al., 2021; Mehmood et al., 2018; Nishikawa & Nakashima, 2019; Sun et al., 2023). Además, se asocia con pudriciones de raíz (Nemec, 1976; Abdalla et al., 2018). Muchas de las fitotoxinas empleadas en la invasión fúngica son diversos metabolitos secundarios, basados en la selectividad de las fitotoxinas que pueden estar en dos categorías: no específicas de hospedante y específicas (Ballio, 1991). Estas toxinas tienen diversos efectos negativos en los orgánulos celulares, como el cloroplasto, las mitocondrias, la membrana plasmática, el núcleo, los cuerpos de Golgi, etc. Las toxinas no específicas del hospedante, como la tentoxina (TEN), el ácido alternárico, el alternariol (AOH), el alternariol 9-monometil éter (AME), la brefeldina A (dehidro-), el alternueno (ALT), la altertoxina-I, la altertoxina-II, la altertoxina-III, el zinniol, el ácido tenuazónico (TeA), la curvularina y la alterotoxina (ATX) I, II, III son toxinas conocidas producidas por especies de *Alternaria*. Por otra parte, las especies de *Alternaria* producen numerosas toxinas con características químicas de los ésteres de epoxy-decatrienoico, también llamados AK-Toxinas, AF-Toxinas, ACT-Toxinas, otros con características de los péptidos cíclicos como las AM-Toxinas, otros con características de

ésteres de aminopentol llamados AAL-Toxinas y ACR-Toxinas perteneciente a los terpenoides además de otros como la maculosina, la destruxina A, B, etc., que son específicas del hospedador y se clasifican en diferentes grupos familiares (Meena & Samal, 2019).

El impacto de *Alternaria* spp. sobre el rendimiento y la calidad de la fruta de fresa es significativo, como demuestran diversos estudios que destacan la patogenicidad y las pérdidas económicas asociadas a este género fúngico. En Dandong, China, *Alternaria tenuissima* y *A. alternata* han sido identificados como los principales patógenos causantes de la enfermedad de la mancha negra en fresas, con índices de enfermedad que oscilan entre 49.6-100% y 20.4-59.5%, respectivamente, lo que indica un impacto sustancial en el rendimiento y la calidad de la fruta (Sun et al., 2023). En Pakistán, la incidencia de la enfermedad debida a los síntomas de la mancha negra de la hoja en las hojas de fresa se encontró entre el 17 y el 55% en los campos estudiados, lo que indica un impacto sustancial en el cultivo en esta región (Mehmood et al., 2017). En Taiwán, se observó un aumento de la incidencia de la enfermedad de entre el 4 y el 5% en dos años, lo que provocó importantes pérdidas tras la cosecha (Ko et al., 2008).

1.4.2 Marchitamiento o Fusariosis de la fresa, *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*

Los miembros del género *Fusarium* pertenecen a la familia Nectriaceae, orden Hypocreales, clase Sordariomycetes, filo Ascomycota, reino Fungi y dominio Eukarya (Nikitin et al., 2023). *Fusarium* es un género enorme en el que se estiman más de 1.500 especies (Arie, 2019). El patógeno reside en el suelo, infecta las raíces y crece en el xilema, lo que da lugar a una infección sistémica. *Fusarium oxysporum* produce una colonia micelial de color blanco, azul pálido, púrpura o naranja claro en medios estándar como el agar papa dextrosa. Los macroconidios ligeramente arqueados, normalmente con 1 a 4 septos, se forman principalmente en los esporodocios, y los microconidios unicelulares, incoloros y ovalados en forma de falsa cabeza en conidióforos cortos que se ramifican desde el micelio. La pared celular de las células del micelio y/o de algunas células macroconidiales se engrosa para formar clamidosporas, que son duraderas y sobreviven durante varias décadas en el suelo (Koike et al., 2009; Goncharov et al., 2020; Lucas, 2020).

Inicialmente, el patógeno reside en el suelo o en restos de plantas infectadas, donde puede permanecer latente durante largos periodos hasta que se den las condiciones favorables o haya un hospedador susceptible (Sharma & Marques, 2018). El patógeno infecta la planta de fresa a través de las raíces, aprovechando heridas o aberturas naturales para entrar en el sistema vascular, donde se establece y prolifera, provocando el bloqueo del transporte de agua y nutrientes dentro de la planta (Aras & Endes, 2023). *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* produce microconidios y macroconidios que desempeñan un papel crucial en su reproducción y propagación. Los microconidios participan principalmente en el proceso de infección, facilitando la colonización de nuevas plantas, mientras que los macroconidios contribuyen a la dispersión del patógeno a través del agua, el suelo y posiblemente, por actividades humanas como el movimiento de plantas infectadas o del suelo (Henry et al., 2022). El patógeno también puede propagarse a través de estolones de plantas madre infectadas a plantas hijas, un proceso que puede ocurrir sin síntomas visibles, lo que dificulta su detección temprana (Pastrana et al., 2019a). La transferencia horizontal de cromosomas (THC) se ha identificado como un mecanismo que contribuye a la virulencia y adaptabilidad del patógeno. Este proceso permite a *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* adquirir genes que mejoran su patogenicidad, permitiéndole superar los mecanismos de resistencia del hospedador (Henry et al., 2021). La aparición de nuevas razas, como la raza 2 en California, que puede infectar cultivares de fresa previamente resistentes, subraya la capacidad del patógeno para evolucionar y adaptarse con el fin de superar la resistencia genética de las plantas hospedadoras (Dilla-Ermita et al., 2023a). Los miembros del género *Fusarium* están ampliamente distribuidos en todas las regiones geográficas del mundo, suelen vivir en el suelo o en restos vegetales, pero también se encuentran en el aire, el agua, las plantas y los insectos (Summerell, 2019). *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* puede desplazarse a través de los estolones de las plantas madre infectadas y colonizar las plantas hijas de primera generación, además también puede desplazarse a través de los estolones de las plantas hijas de primera a segunda generación (Pastrana et al., 2019b). Las especies de *Fusarium* sobreviven mejor en condiciones de humedad de 15-20% de suelo a capacidad de campo (Manstretta & Rossi, 2016; Toropova et al., 2015). *Fusarium oxysporum* ha demostrado que suelos ácidos con valores de pH de 5-6 son óptimos para la germinación de ambos conidios y la infección de plántulas (Gordon et al., 2019).

El crecimiento del patógeno en el xilema y la respuesta de la planta impiden el flujo de agua al brote, lo que contribuye al desarrollo de los síntomas, incluido el retraso del crecimiento, el

marchitamiento y la muerte (Koike et al., 2009; Koike & Gordon, 2015). Los síntomas iniciales de la marchitez vascular incluyen el aclaramiento de las venas y la epinastia de las hojas, seguidos de atrofia, amarillamiento de las hojas inferiores, marchitez progresiva, defoliación y finalmente muerte de la planta (Cho & Kwak, 2022).

El ácido fusárico (AF) es una de las fitotoxinas mejor documentadas producidas por *Fusarium oxysporum*, conocida por su fuerte fitotoxicidad y su implicación en enfermedades de marchitez vascular en una amplia gama de plantas hospedantes (Guo et al., 2023). El modo de acción del AF incluye la quelación de iones metálicos esenciales, lo que sugiere su papel en la alteración de los procesos celulares de las plantas (Aras & Endes, 2023). Además, se ha demostrado que el ácido fusárico induce la muerte de las células vegetales a través de la disfunción mitocondrial, la acumulación de especies reactivas del oxígeno (ROS) y la alteración de la expresión génica relacionada con las funciones mitocondriales (Liu et al., 2020). También se han identificado en *F. oxysporum* otras fitotoxinas como la beauvericina y la enniatina, la beauvericina está implicada en el debilitamiento y la invasión de la planta hospedante al contribuir a la degradación de la pared celular de la planta, un proceso facilitado por la producción por parte del patógeno de enzimas que degradan la pared celular (Agudo-Jurado et al., 2023). Se ha demostrado que estos ciclohexadepsipéptidos, incluida la enniatina A, influyen en papel la agresividad de *Fusarium avenaceum* sobre los tubérculos de patata, lo que sugiere un similar en las interacciones *F. oxysporum*-hospedador (Valenti et al., 2023). Estos compuestos, enniatina, la beauvericina A, junto con el ácido fusárico, no son específicos del hospedador, lo que indica su posible implicación en enfermedades de diferentes especies vegetales, incluidas las fresas afectadas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* (Eranthodi et al., 2020; Liuzzi et al., 2017).

Fusarium oxysporum ha surgido como una amenaza significativa para la producción de fresas, causando la marchitez que conduce a considerables pérdidas de cosechas en todo el mundo. En Jordania, el primer informe sobre la marchitez de la fresa causada por *F. oxysporum* puso de manifiesto una incidencia alarmante en la que aproximadamente el 30% de la cosecha comercial de fresas presentaba síntomas de marchitez y colapso de la planta (Tahat et al., 2023). Del mismo modo, en Serbia, alrededor del 25% de las plantas de fresa de un cultivo comercial mostraron síntomas de marchitez y colapso de la planta, lo que indica el potencial de la enfermedad para afectar a una parte significativa de la producción (Stanković et al., 2014). Se ha observado que la

marchitez por *Fusarium*, causada por Fof, afecta del 5 al 10% de los cultivos comerciales de fresa en Culiacán, Sinaloa, lo que indica un impacto notable en la industria (Vega-Gutiérrez et al., 2023).

1.4.3 Pudrición de raíz, *Cylindrocarpon destructans*

Los miembros del género *Cylindrocarpon* pertenecen a la familia Nectriaceae, orden Hypocreales, clase Sordariomycetes, filo Ascomycota, reino Fungi y dominio Eukarya (Schoch et al., 2020). La morfología de *C. destructans* presenta características distintas en diversos estudios, el hongo es conocido por su micelio blanco que cambia a color óxido con la edad, y las superficies adaxiales de los cultivos se vuelven negras. Los conidióforos oscilan entre 13.6 y 167.3×1.4 y 21.8 μm , y muestran uno o varios niveles de ramificación. Los microconidios no son septados, midiendo de 4.1 a 9.5×2.7 a 4.1 μm , mientras que los conidios presentan de 1 a 4 septos, siendo los de 4 septos de 32.6 a 50.3×5.4 a 6.8 μm . Las clamidosporas son abundantes, de color dorado a marrón, y pueden tener hasta 21.8 μm de diámetro. En el caso del cultivo de fresas, el hongo forma limo conidial de color crema a beige, con macroconidios rectos o ligeramente curvados, en su mayoría con 1-3 septos, y de 22 a 45×5.0 a 6.0 μm (Mao et al., 2014; Adhikari et al., 2013; Chaverri et al., 2011).

El patógeno no muestra especificidad de hospedador, ya que se ha descubierto que infecta una amplia gama de plantas, incluyendo vides, ginseng y varios árboles frutales, lo que indica su naturaleza versátil en la selección de hospedadores (Thomidis & Kazantzis, 2023a). Después de la germinación de los conidios, *C. destructans* penetra en la planta hospedante, a menudo a través de las raíces, provocando el desarrollo de lesiones necróticas negras y hundidas en las raíces y la base del tronco en la vid, y síntomas similares en otros hospedantes (Mao et al., 2014). La capacidad del patógeno para causar la enfermedad está significativamente influenciada por su virulencia, ya que algunos aislados causan lesiones en raíces maduras no heridas, mientras que otros requieren heridas preexistentes (Zoutman & Sigler, 1991). Esto sugiere que el patógeno puede penetrar directamente en los tejidos del hospedante o aprovechar las heridas para iniciar la infección. Durante el proceso de infección, *C. destructans* produce enzimas como la pectinasa y la polifenoloxidasas, que facilitan la penetración en los tejidos y la colonización al romper las paredes celulares de las plantas (Sánchez et al., 2002). El crecimiento y la propagación del patógeno dentro del hospedante se ven

favorecidos por la producción de microconidios y clamidosporas, que contribuyen a su supervivencia y diseminación (Petit & Gubler, 2007).

Cylindrocarpon destructans se desarrolla en un rango de temperaturas de 10 a 30 ° C, siendo 20 ° C la óptima para el crecimiento del micelio y la germinación de los conidios. La humedad también es un factor crítico, ya que requiere al menos 6 horas de humedad continua a 20 ° C para iniciar la germinación de los conidios, que aumenta con la exposición prolongada a la humedad hasta 36 h (Thomidis & Kazantzis, 2023). Las plantas de fresa infectadas por *Cylindrocarpon* exhiben marchitamiento y necrosis radicular (Adhikari et al., 2013; Löhrer et al., 2022).

1.4.4 Pudrición carbonosa, *Macrophomina phaseolina*

Este hongo pertenece a la familia Botryosphaeriaceae, como se ha puesto de manifiesto en estudios que han explorado su diversidad genética y patogenicidad en diferentes hospedantes y ubicaciones geográficas (Weiland, 2022). Las especies de *Macrophomina* son hongos fitopatógenos necrótrofos, transmitidos por las semillas y por el suelo, que causan la pudrición carbonosa y la pudrición seca de las raíces en más de 500 especies de plantas (Duvnjak et al., 2023; Khoo et al., 2023). La clasificación taxonómica de *Macrophomina phaseolina* ha evolucionado significativamente con el tiempo, reflejando los avances en filogenética molecular y el descubrimiento de especies crípticas dentro del género *Macrophomina*. Inicialmente considerada monotípica, con *M. phaseolina* como única especie, estudios recientes han desvelado una taxonomía más compleja dentro de este género. Los análisis filogenéticos multilocus han identificado varias especies crípticas, incluyendo *M. euphorbiicola*, *M. pseudophaseolina*, *M. tecta* y *M. vaccinii*, junto a la mundialmente distribuida *M. phaseolina* (Poudel & Vaghefi, 2023). *M. phaseolina* se caracteriza por hifas hialinas de paredes finas a marrón claro o marrón oscuro con septos. Las ramificaciones de las hifas principales se forman generalmente en ángulo recto sobre las hifas progenitoras con constricción en el punto de origen. Los microesclerocios, una masa compacta de micelio fúngico endurecido, son esféricos, ovalados u oblongos, de color marrón claro en la fase joven que se oscurece (de marrón a negro) con el envejecimiento. Los picnidios, que rara vez se observan en condiciones naturales, son más grandes que los microesclerocios, de color marrón oscuro a negro, rugosos, globosos o irregulares, picudos y ostiolados (Lakhran et al., 2018).

Este patógeno transmitido por el suelo causa enfermedades graves como la pudrición de la corona y de la raíz en las fresas, y su prevalencia está aumentando debido a la eliminación progresiva del bromuro de metilo y a las condiciones favorecidas por el calentamiento global (Khan & Javaid, 2023). El patógeno sobrevive en el suelo mediante la producción de microesclerocios, estructuras muy resistentes que le permiten persistir e infectar cultivos posteriores (Pickel et al., 2020). *M. phaseolina* infecta las plantas de fresa colonizando el sistema radicular, lo que conduce al desarrollo de la pudrición carbonosa. La enfermedad se manifiesta normalmente después de que las plantas estén bien establecidas, causando marchitamiento, colapso y pérdidas significativas de rendimiento (Baggio et al., 2019; Peres et al., 2018). La capacidad del hongo para sobrevivir en los restos de fresa durante el verano, incluso después de la fumigación del suelo, supone una amenaza continua para los nuevos trasplantes (Baggio et al., 2018). Esta resistencia se atribuye a la capacidad de los microesclerocios de permanecer viables en el suelo y en el material vegetal infectado, sirviendo como fuente de inóculo para la siguiente temporada de plantación (Abied & Duzan, 2020).

El hongo prospera a altas temperaturas, con una temperatura óptima de crecimiento identificada en 30 °C para la mayoría de los aislados, aunque algunos aislados del norte de Italia mostraron adaptabilidad tanto a temperaturas más bajas como a 35 °C (Cohen et al., 2022). El éxito del patógeno también está significativamente influenciado por las condiciones ambientales, como las encontradas en el área mediterránea y el sureste de EE.UU. caracterizadas por veranos largos, calurosos y secos, sin lluvia y suelos saturados en invierno o condiciones calurosas y de sequía en verano, respectivamente (Pickel et al., 2020). Además, la capacidad de *M. phaseolina* para causar enfermedades en un amplio rango de hospedantes, incluyendo cultivos importantes como fresas, soja, girasol y yuca, se ve facilitada por su diversidad genética y la presencia de varios fenotipos biológicos dentro de sus poblaciones (Manici et al., 1995; Pederson et al., 2000; Wang et al., 2023).

La principal sintomatología de la infección por *M. phaseolina* en fresas incluye la pudrición de la corona y de la raíz, que es consecuencia directa de la agresiva colonización y destrucción del sistema vascular de la planta por parte del patógeno que impide la absorción de nutrientes y agua. Esto conduce al marchitamiento, oscurecimiento y muerte final de la planta (Pickel et al., 2020; Rangel-Montoya et al., 2022). Un aspecto crítico de su virulencia y patogenicidad se atribuye a la producción de diversos metabolitos secundarios. La investigación ha identificado varias fitotoxinas

potentes producidas por *M. phaseolina*, incluyendo (-)-botryodiplodin, phaseolinone y mellein, aunque no todos los aislados producen estas toxinas sugiere la presencia de otros factores de virulencia (Khambhati et al., 2020, 2023a). Análisis posteriores de aislados de *M. phaseolina* procedentes de plantas de soja con la enfermedad de la pudrición carbonosa revelaron la producción de metabolitos secundarios adicionales como el ácido kójico, la moniliformina, el ácido orsellínico y la ciclo [L-prolina-L-tirosina], junto con una serie de metabolitos observados con menor frecuencia como la cordicepina, la emodina, la endocrocina, la citrinina, el ácido gliocládico, la infectopirona, el ácido metilorsellínico, la monocerina y la N-benzoil-L-fenilalanina (Orrego et al., 2022). La exploración del genoma fúngico también ha llevado al descubrimiento de nuevos compuestos, como el phaseólido A, un macrólido de 12 miembros, ampliando aún más el repertorio químico conocido de *M. phaseolina* (Dezaire et al., 2020).

En California, un estudio realizado en el distrito de producción de Watsonville-Salinas reveló que *M. phaseolina* se detectó en el 29.7% de las muestras recogidas de plantas de fresa sintomáticas, lo que indica una presencia sustancial del patógeno (Steele et al., 2022a). En Florida, a pesar de la fumigación del suelo, se observó cerca de un 30% de mortalidad de las plantas en los camas con cubierta plástica que fueron utilizadas durante una segunda temporada, lo que indica el alto riesgo y las pérdidas potenciales asociadas a este patógeno (Burkhardt et al., 2018). Las investigaciones dirigidas a identificar cultivares de fresa resistentes han mostrado distintos niveles de susceptibilidad entre las diferentes variedades. Por ejemplo, en un ensayo realizado en invernadero, los cultivares 'Albion' y 'Camarosa' resultaron tener una susceptibilidad similar, mientras que otros cultivares mostraron tolerancia o resistencia (Baggio et al., 2019). Esta variabilidad en la respuesta de los cultivares subraya la complejidad de la obtención de resistencia y la necesidad de una investigación específica para desarrollar genotipos de fresa más resistentes. En regiones como el este de Trípoli, el 90% de las plantas de fresa analizadas (cv. Fortuna) mostraron síntomas de marchitamiento y colapso, atribuidos directamente a la infección por *M. phaseolina* (Pickel et al., 2020).

1.4.5 Pudrición de la raíz, corona y mancha foliar por *Neopestalotiopsis rosae*

La clasificación taxonómica del género *Neopestalotiopsis* la sitúa dentro de la familia Pestalotiopsidaceae, que forma parte del orden Sordariomycetes. Esta clasificación está respaldada por análisis filogenéticos moleculares que utilizan secuencias de genes concatenados, incluyendo el espacio-transcrito interno (ITS) del rDNA, la β -tubulina (*tub*) y el factor de elongación de la traducción 1-a (*tefl*) (Jiang et al., 2022). *N. rosae* se caracteriza por formar acérvulos que producen conidios de cinco células, entre fusiformes y elipsoidales, los conidios con dos células centrales de color marrón y las células basales hialinas con pared fina de forma obcónica, los conidios miden de 22-37 μm de longitud y entre 7.5 a 9.5 μm de ancho. El ostíolo es prominente y está rodeado por un collar de células hialinas. El himenio es liso y de color oscuro, y contiene ascas que a su vez contienen ascosporas cilíndricas (14-23 μm de largo $\times$ 4-6 μm de ancho) y con una sola septa. Los apéndices basales no ramificados (5-8 μm de longitud) (Ma et al., 2023; Maharachchikumbura et al., 2014; Rebollar-Alviter et al., 2020).

El proceso de infección de *Pestalotiopsis longisetula* sobre hoja ocurre cuando los conidios germinan a las 48 h, luego a las 72 h ya se observa la formación del tubo germinativo, posterior a las 96 h las hifas crecen intra e intercelularmente en el parénquima, mostrándose los acérvulos en la superficie de la hoja y finalmente a las 144 h los conidios son liberados de los acérvulos (Rodrigues et al., 2014). En recientes estudios, los aislados reportados en el pasado como *P. longisetula* deben ser clasificados como *Neopestalotiopsis rosae* (Baggio et al., 2021). La principal fuente de inóculo para las epidemias son los trasplantes de fresa infectados procedentes de viveros específicos. Sin embargo, el patógeno puede propagarse a otros campos locales. La enfermedad se ve favorecida generalmente por lluvias consecutivas y prolongadas, y por temperaturas superiores a 50 ° F (10 ° C), con un óptimo entre 77 ° F y 86 ° F (25 ° C y 30 ° C). El hongo produce conidios en la superficie de los tejidos infectados que pueden propagarse por el agua, la maquinaria agrícola y los trabajadores del campo durante las operaciones de cosecha y limpieza. En condiciones favorables, el patógeno se disemina muy rápidamente (Baggio & Peres, 2020; Wu et al., 2020).

Los conidios germinan a las 48 h y a las 72 h se observa la formación del tubo germinativo, posterior a las 96 h las hifas crecen intra e intercelularmente en el parénquima, mostrándose los

acérvulos en la superficie de la hoja y finalmente a las 144 h los conidios son liberados de los acérvulos (Rodrigues et al., 2014).

Las especies de *Pestalotiopsis* y *Neopestalotiopsis* son conocidas por causar una variedad de enfermedades en las plantas, como pústulas, muerte regresiva de los brotes, manchas en hojas, tizón de la punta, tizón gris, cancro, clorosis severa, y diversas enfermedades postcosecha (Crous et al., 2011; Maharachchikumbura et al., 2012, 2013). *Neopestalotiopsis rosae* en fresas de trasplante presenta manchas pequeñas de color café las cuales progresan concéntricamente, estas manchas en las hojas se extendieron en una amplia área de la hoja resultando en severo atizonamiento, sobre los peciolo lesiones hundidas de color marrón oscuro el cual progresa hacia la base del peciolo causando marchitez de las hojas, los síntomas en raíz muestran coloraciones café oscuro, la coronas muestran áreas enrojecidas irregulares con bordes de color marrón oscuro (Essa et al., 2018; Rebollar-Alviter et al., 2020b; Sun et al., 2021). Los síntomas son más evidentes en plantaciones de fresa al aire libre y expuestas a la lluvia que en aquellas establecidas en túneles con temperaturas entre 23 y 27 ° C (Rebollar-Alviter et al., 2020). Los síntomas de la mancha foliar y la pudrición del fruto por *Neopestalotiopsis* son muy similares a los de otras enfermedades de la fresa, lo que dificulta el diagnóstico sobre el terreno. Por ejemplo, la pudrición de la corona y los síntomas de muerte de *Neopestalotiopsis* pueden confundirse fácilmente con pudrición de la corona causados por oomicetos u hongos responsables del síntoma de antracnosis (Holland, 2021).

En el centro de California, una importante zona de producción de fresas, la incidencia de la enfermedad debida a *N. rosae* se estimó en el 60% de un campo de 20 acres, lo que indica un impacto sustancial en la industria local de la fresa (Lawrence et al., 2022). En Taiwán, la introducción de *N. rosae* ha provocado hasta un 30% de pérdida de plantas tras el trasplante en el principal cultivar de fresa 'Xiang-Shui', que había sido adoptado por su tolerancia a la antracnosis (Wu et al., 2021a). En México, concretamente en el Valle de Zamora, Michoacán, las pérdidas de trasplantes debidas a *N. rosae* alcanzaron hasta el 50%, lo que pone de manifiesto el grave impacto de este patógeno en la producción local de fresas (Rebollar-Alviter et al., 2020).

1.4.6 Pudrición de corona por *Phytophthora* spp., y *Pythium* sp.

Los géneros *Phytophthora* y *Pythium*, pertenecen al phylum Oomycota, representan patógenos de gran relevancia. *Phytophthora* se clasifica dentro de la clase Oomycetes, orden Peronosporales, y familia Peronosporaceae, mientras que *Pythium* pertenece al orden Pythiales y la familia Pythiaceae (Agrios, 2005), el phylum Oomycota agrupa organismos diploides relacionados con protistas y algas, debido a la similitud en la reproducción asexual con esporas móviles flageladas (Bouwmeester et al., 2018). Estos oomycetos son causantes de varias enfermedades que impactan significativamente el vigor y la productividad de los cultivos de fresa. Se han reportado 12 especies de *Phytophthora* que afectan el cultivo de fresa causando pudrición en raíz, *P. fragariae* presenta una distribución cosmopolita en el cultivo, causando colapso de la planta (Moralejo et al., 2008).

Los síntomas causados por *Phytophthora* incluyen la pudrición de la corona y raíz, donde se observa una decoloración marrón y el ablandamiento de las coronas y raíces, así como la podredumbre de frutos caracterizada por manchas oscuras y una consistencia blanda y acuosa en los frutos afectados (Meszka & Michalecka, 2016). Por otro lado, *Pythium* es responsable del amarillamiento y la marchitez de las plantas, atribuibles a daños en el sistema radicular, además de la pudrición de corona y raíz, manifestada por una decoloración marrón y textura blanda en las raíces (Ibañez et al., 2022).

Ambos patógenos se desarrollan óptimamente bajo condiciones de alta humedad y temperaturas específicas. *Phytophthora* se desarrolla en rangos de temperatura de 20°C a 30°C, y su desarrollo es especialmente favorecido por la saturación del suelo. En contraste, *Pythium* prefiere temperaturas más frescas, entre 15°C y 25°C, y es particularmente prevalente en suelos saturados o mal drenados (Ibañez et al., 2022; Raftoyannis & Dick, 2006).

1.4.7 Marchitez vascular por *Verticillium* sp.

Verticillium pertenece al reino Fungi, división Ascomycota, siendo clasificado dentro de la clase Sordariomycetes y orden Hypocreales. Su ubicación en la familia Plectosphaerellaceae, conocido por su interacción patogenica con las plantas (Dung, 2020). Este hongo filamentoso se caracteriza por un micelio que puede aparecer blanco o ligeramente rosado. Produce esporas hialinas y

unicelulares en conidióforos que muestran ramificaciones verticiladas, típicas del género (Inderbitzin & Subbarao, 2014).

Verticillium se desarrolla óptimamente en temperaturas entre 20°C y 24°C y requiere sustratos ricos en materia orgánica (Diehl et al., 2013). Su capacidad para formar microesclerocios le permite persistir en suelos incluso en ausencia de cultivos susceptibles, lo que complica su manejo (Klosterman et al., 2009). Los días frescos y nublados intercalados con días cálidos y luminosos son los más propicios para el desarrollo de la marchitez por *Verticillium*. La infección y el desarrollo de la enfermedad se producen cuando la temperatura del suelo oscila entre 12 ° y 30 ° C, con una óptima de 21° a 24° C. La marchitez por *Verticillium* se encuentra sobre todo en la zona de clima templado (Papaioannou et al., 2013).

La marchitez por *Verticillium*, causada por este patógeno, se manifiesta inicialmente con amarillamiento y marchitez progresiva de las hojas, comenzando por las más bajas (Ebihara et al., 2010; Papaioannou et al., 2013). La enfermedad puede conducir a pérdidas significativas en la producción de fresa, afectando tanto la cantidad como la calidad de los frutos (Ebihara et al., 2010). El síntoma más característico de la marchitez por *Verticillium* es el marchitamiento repentino de la planta durante los períodos de calor y la muerte o necrosis de las hojas más viejas alrededor de la circunferencia de la planta, produciendo un efecto de halo alrededor de las hojas verdes más jóvenes en el centro (Ebihara et al., 2010; Inderbitzin & Subbarao, 2014).

El número de hospedantes se aproxima a 200, principalmente especies dicotiledóneas que incluyen cultivos anuales y perennes de alto valor (Inderbitzin et al., 2011) como la papa (*Solanum tuberosum*), el tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.), el algodón (*Gossypium hirsutum* L.) y la fresa (*Fragaria x ananassa*) (Bhat & Subbarao, 1999; Malcolm et al., 2013a). Dentro del grupo *Verticillium*, *V. dahliae*, *V. albo-atrum*, *V. longisporum* y *V. tricorpus* son patógenos de plantas bien conocidos por sus morfologías y ocurrencias geográficas (Dung, 2020; Papaioannou et al., 2013). Las otras especies que pertenecen al género *Verticillium* son: *V. isaacii*, *V. klebahnii*, *V. zaregamsianum*, *V. alfalfae*, *V. Nonalfalfae* y *V. nubilum* (Inderbitzin et al., 2011; Inderbitzin & Subbarao, 2014). *Verticillium dahliae* es el miembro más ampliamente distribuido dentro del grupo *Verticillium*, con un rango de hospedantes más amplio que otras especies patógenas de *Verticillium* (Malcolm et al., 2013).

1.5 Interacciones entre patógenos

Los patógenos de las plantas interactúan directamente entre sí de diversas y complejas maneras donde estas interacciones pueden ser competitivas, cooperativas o neutras, dependiendo de los patógenos implicados y de las condiciones ambientales. La competencia se observa a menudo en los sistemas de coinfección, en los que múltiples especies y/o genotipos de patógenos infectan al mismo hospedante, estos pueden desarrollar barreras físicas o utilizar toxinas para excluir a sus competidores de nichos con gran densidad de recursos (Bellah et al., 2022). Como ejemplo, diferentes cepas del hongo patógeno del trigo *Zymoseptoria tritici* mostraron exclusión competitiva dependiendo de su genotipo cuando se co-cultivaron, lo que indica que la competencia intraespecífica puede influir en los resultados de la enfermedad (Bellah et al., 2023). Por otro lado, interacciones cooperativas pueden ocurrir y suceden cuando los patógenos mutuamente se proporcionan señales bioquímicas esenciales para la patogénesis o a través de la complementación funcional, en la que intercambian recursos necesarios para la supervivencia (Li et al., 2022). Estas interacciones sinérgicas entre diferentes patógenos de plantas pueden dar lugar a complejos de enfermedades más graves, lo que complica la gestión de la enfermedad (Botero et al., 2018). Además, los patógenos pueden coexistir de forma estable dentro de un hospedador a través de la especialización de nicho, donde cada patógeno ocupa un nicho distinto que minimiza la competencia directa (Abdullah et al., 2017). Esta coexistencia se ve facilitada por la compleja interacción de los efectores de los patógenos, que son proteínas secretadas que manipulan la fisiología de las células del hospedante y las respuestas inmunitarias para favorecer la infección (Leonard et al., 2017). El espacio apoplástico, que actúa como primer campo de batalla entre plantas y patógenos, es un lugar crítico para estas interacciones, donde las proteínas secretadas y los metabolitos tanto del hospedante como del patógeno median en su relación (Li & Zhang, 2016).

El análisis de los determinantes fisiológicos y moleculares que explican el éxito de la infección y la eventual enfermedad en las plantas son un tema de gran interés científico (Hok et al., 2010). Gran parte del conocimiento actual sobre la biología de poblaciones y la ecología de los patógenos fúngicos del suelo se ha derivado de la investigación basada en poblaciones recuperadas de plantas que muestran síntomas de enfermedad o del suelo asociado con plantas sintomáticas. Históricamente, las enfermedades de las raíces han sido un problema que limita la producción de la industria de la fresa en todo el mundo (Malcolm et al., 2013b). La infección por múltiples

patógenos es de particular interés ya que nos permite comprender la virulencia de los patógenos y resalta la alteración del curso normal y la gravedad de la enfermedad causada por más de un solo patógeno (Fitt et al., 2006; Lamichhane & Venturi, 2015). Las interacciones sinérgicas entre patógenos en plantas conducen a una mayor gravedad de la enfermedad, fuera o dentro de la planta lo que probablemente esté determinada por diversos rasgos, incluidos la capacidad metabólica y la capacidad de superar las respuestas inmunes del hospedero (Bellah et al., 2023).

La dinámica de la interacción se complica aún más por las respuestas inmunitarias de la planta, aunque algunos patógenos han desarrollado estrategias para subvertir estas defensas y las respuestas inmunitarias provocadas por otro patógeno (Gupta et al., 2015). Además, los circuitos genéticos y las vías de señalización de los patógenos están finamente afinados para detectar hospedantes potenciales y coordinar los programas de supervivencia y virulencia, lo que les permite adaptarse a diversos estímulos ambientales y vegetales (Lamichhane & Venturi, 2015).

1.6 Mecanismos de defensa de la planta

Las plantas de fresa emplean diversos mecanismos de defensa para protegerse contra los patógenos, aprovechando tanto la inmunidad innata como las respuestas de resistencia inducida. La activación de la inmunidad de la planta implica varias vías bioquímicas y moleculares, a menudo iniciadas por la detección de patrones moleculares asociados a patógenos (MAMP) o la aplicación de elicitores que imitan estos patrones. Por ejemplo, la flagelina polar AzFlap REC3 de *Azospirillum brasilense* actúa como un MAMP, desencadenando respuestas de defensa en las plantas de fresa contra el hongo patógeno *Macrophomina phaseolina*, incluyendo la acumulación de especies reactivas del oxígeno (ROS), ácido salicílico, callosa, lignina y la expresión de genes relacionados con la defensa (Elías et al., 2021). Se ha demostrado que los brasinoesteroides, como el 24-epibrasinolide y un análogo espirostánico del brasinoesteroide DI-31, inducen protección contra *Colletotrichum acutatum* aumentando la producción de H_2O_2 , O_2^- , NO, cristales de oxalato cálcico y promoviendo una mayor deposición de callosa y lignina (Furio et al., 2019). Del mismo modo, la aplicación de Acibenzolar-S-metil (ASM) y proteína Harpin ha sido eficaz para reducir la incidencia de *Botrytis cinerea* en fresas mediante la inducción de la actividad de la fenilalanina amonio-liasa (PAL), una enzima clave en la respuesta de defensa (Scariotto et al., 2021). A nivel

genético, el gen FaWRKY1 desempeña un papel complejo en la defensa de la fresa, actuando como regulador negativo de la resistencia a *C. acutatum*, lo que contrasta con su papel regulador positivo en *Arabidopsis* frente a patógenos bacterianos (Higuera et al., 2019). Se ha observado que el cultivo continuo afecta al crecimiento de la planta de fresa e induce la expresión de genes relacionados con la defensa, incluidos los factores de transcripción WRKY y los genes de la peroxidasa, lo que pone de manifiesto una reasignación de recursos hacia los mecanismos de defensa y no a la producción (Chen et al., 2022). Además, la interacción entre las plantas de fresa y patógenos como *Colletotrichum fructicola* implica una respuesta transcriptómica dinámica, en la que la planta utiliza tanto la inmunidad desencadenada por PAMP como la desencadenada por efectores, y depende en gran medida de la señalización del ácido salicílico como mecanismo central de defensa (Zhang et al., 2018). Se ha dilucidado el papel de la señalización del etileno (ET) en la defensa de la fresa, con hallazgos que indican que la biosíntesis y la percepción del ET son cruciales para la activación de la inmunidad innata de la planta tras el tratamiento con elicitores fúngicos como la subtilisina elicitora de *Acremonium strictum* (AsES) (Perato et al., 2020). Por último, la interacción entre la fresa y *Podosphaera aphanis* destaca la importancia de las vías de señalización SA y JA, con un pretratamiento con SA que conduce a la acumulación de proantocianidinas y a la activación de genes relacionados con la patogénesis (PR) (Feng et al., 2020).

2 LITERATURA CITADA

- Abdalla, M. E., Abdel-Sattar, M. A., & Abid, M. A. (2018). Management of crown and root rot diseases in strawberry commercial fields in Egypt. *Journal of Plant Protection and Pathology, Mansoura University*, 9(7), 399–404.
- Abdullah, A. S., Moffat, C. S., Lopez-Ruiz, F. J., Gibberd, M. R., Hamblin, J., & Zerihun, A. (2017). Host–multi-pathogen warfare: Pathogen interactions in co-infected plants. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1806. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01806>
- Abdullah, A. S., Turo, C., Moffat, C. S., Lopez-Ruiz, F. J., Gibberd, M. R., Hamblin, J., & Zerihun, A. (2018). Real-time PCR for diagnosing and quantifying co-infection by two globally distributed fungal pathogens of wheat. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1086. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01086>
- Abied, M. A. E., & Duzan, H. M. (2020). First report of *Macrophomina phaseolina* causing crown and root rot of strawberry in Tripoli, Libya. *Journal of Applied Plant Protection*, 9(1), 83–84. <https://doi.org/10.21608/japp.2020.178431>
- Adhikari, T. B., Hodges, C. S., & Louws, F. J. (2013). First report of *Cylindrocarpon* sp. associated with root rot disease of strawberry in North Carolina. *Plant Disease*, 97(9), 1251. <https://doi.org/10.1094/pdis-01-13-0116-pdn>
- Agehara, S., Lin, S. Y., & Kang, L. (2020). Strawberry production and markets in Taiwan: Challenges, trends, and outlook. *International Journal of Fruit Science*, 20(S3), S2018–S2029. <https://doi.org/10.1080/15538362.2020.1851340>
- Agudo-Jurado, F. J., Reveglia, P., Rubiales, D., Evidente, A., & Barilli, E. (2023). Status of phytotoxins isolated from necrotrophic fungi causing diseases on grain legumes. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(6), 5116. <https://doi.org/10.3390/ijms24065116>
- Alizon, S., de Roode, J. C., & Michalakis, Y. (2013). Multiple infections and the evolution of virulence. *Ecology Letters*, 16(4), 556–567. <https://doi.org/10.1111/ele.12076>
- Al-Rahbi, B. A. A., Al-Sadi, A. M., Al-Mahmooli, I. H., Al-Maawali, S. S., Al-Mahruqi, N. M. T., & Velazhahan, R. (2021). *Meyerozyma guilliermondii* SQUCC-33Y suppresses postharvest fruit rot of strawberry caused by *Alternaria alternata*. *Australasian Plant Pathology*, 50(3), 349–352. <https://doi.org/10.1007/s13313-021-00779-z>
- Anco, J. D. (2018). Continuing consideration of co-infection and multiple pests. *APS Features*. <https://doi.org/10.1094/APSFeature-2018-4>

- Aras, S., & Endes, A. (2023). Effect of *Fusarium oxysporum* infection on strawberry under calcium, iron, and zinc deficiency conditions. *Zemdirbyste-Agriculture*, 110(1), 71–78. <https://doi.org/10.13080/z-a.2023.110.010>
- Arie, T. (2019). *Fusarium* diseases of cultivated plants, control, diagnosis, and molecular and genetic studies. *Journal of Pesticide Science*, 44(4), 275. <https://doi.org/10.1584/jpestics.j19-03>
- Ayoubi, N., & Soleimani, M. J. (2016). Strawberry fruit rot caused by *Neopestalotiopsis iranensis* sp. nov., and *N. mesopotamica*. *Current Microbiology*, 72(3), 329–336. <https://doi.org/10.1007/s00284-015-0955-y>
- Baggio, J. S., Chamorro, M., Cordova, L. G., Noling, J. W., Vallad, G. E., & Peres, N. A. (2018). Effect of formulations of allyl isothiocyanate on survival of *Macrophomina phaseolina* from strawberry. *Plant Disease*, 102(11), 2212–2219. <https://doi.org/10.1094/pdis-01-18-0172-re>
- Baggio, J. S., Cordova, L. G., & Peres, N. A. (2019). Sources of inoculum and survival of *Macrophomina phaseolina* in Florida strawberry fields. *Plant Disease*, 103(9), 2417–2424. <https://doi.org/10.1094/pdis-03-19-0510-re>
- Baggio, J. S., Forcelini, B. B., Wang, N. Y., Ruschel, R. G., Mertely, J. C., & Peres, N. A. (2021). Outbreak of leaf spot and fruit rot in Florida strawberry caused by *Neopestalotiopsis* spp. *Plant Disease*, 105(2), 305–315. <https://doi.org/10.1094/pdis-06-20-1290-re>
- Baggio, J. S., & Peres, N. A. (2020). *Pestalotia* leaf spot and fruit rot of strawberry. *EDIS*, 2020(5). <https://doi.org/10.32473/edis-pp357-2020>
- Ballio, A. (1991). Non-host-selective fungal phytotoxins: Biochemical aspects of their mode of action. *Experientia*, 47(8), 783–790. <https://doi.org/10.1007/bf01922458>
- Bárcenas-Santana, D., Guillén-Sánchez, D., Yazmín-Basaldua, C., Ramos-García, M. de L., Valle-de la Paz, M., Bárcenas-Santana, D., Guillén-Sánchez, D., Yazmín-Basaldua, C., Ramos-García, M. de L., & Valle-de la Paz, M. (2019). Etiology strawberry dry wilt (*Fragaria* spp.) in Morelos, Mexico. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 37(3), 454–463. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1904-5>
- Bellah, H., Seiler, N. F., & Croll, D. (2022). Divergent outcomes of direct conspecific pathogen strain interaction and plant co-infection suggest consequences for disease dynamics. *Microbiology Spectrum*, 11(2). <https://doi.org/10.1128/spectrum.04443-22>
- Bellah, H., Seiler, N. F., & Croll, D. (2023). Divergent outcomes of direct conspecific pathogen strain interaction and plant co-infection suggest consequences for disease dynamics. *Microbiology Spectrum*, 11(2). <https://doi.org/10.1128/spectrum.04443-22>

- Bessadat, N., Hamon, B., Bataillé-Simoneau, N., Mabrouk, K., & Simoneau, P. (2021). Characterization of new small-spored *Alternaria* species isolated from *Solanaceae* in Algeria. *Life*, 11(12). <https://doi.org/10.3390/life11121291>
- Bhat, R. G., & Subbarao, K. V. (1999). Host range specificity in *Verticillium dahliae*. *Phytopathology*, 89(12), 1218–1225. <https://doi.org/10.1094/phyto.1999.89.12.1218>
- Botero, D., Alvarado, C., Bernal, A., Danies, G., & Restrepo, S. (2018). Network analyses in plant pathogens. *Frontiers in Microbiology*, 9, 35. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00035>
- Botero-Hoyos, A., Del Pilar, G., Cortés, G., & Germán González Siabato, N. (2022). Oportunidades para crear valor y sostenibilidad en la producción de fresa. *Revista EIA*, 19(38), 1–20. <https://doi.org/10.24050/reia.v19i38.1578>
- Bouwmeester, K., van Poppel, P. M. J. A., & Govers, F. (2018). Genome biology cracks enigmas of oomycete plant pathogens. In *Annual Plant Reviews Online* (pp. 102–133). <https://doi.org/10.1002/9781119312994.apr0365>
- Burkhardt, A., Ramon, M. L., Smith, B., Koike, S. T., & Martin, F. (2018). Development of molecular methods to detect *Macrophomina phaseolina* from strawberry plants and soil. *Phytopathology*, 108(12), 1386–1394. <https://doi.org/10.1094/phyto-03-18-0071-r>
- Camacho, M., de los Santos, B., Vela, M. D., & Talavera, M. (2023). Use of bacteria isolated from berry rhizospheres as biocontrol agents for charcoal rot and root-knot nematode strawberry diseases. *Horticulturae*, 9(3), 346. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9030346>
- Chaverri, P., Salgado, C., Hirooka, Y., Rossman, A. Y., & Samuels, G. J. (2011). Delimitation of *Neonectria* and *Cylindrocarpon* (Nectriaceae, Hypocreales, Ascomycota) and related genera with *Cylindrocarpon*-like anamorphs. *Studies in Mycology*, 68, 57–78. <https://doi.org/10.3114/sim.2011.68.03>
- Chen, P., Li, H. qin, Li, X. yue, Zhou, X. hong, Zhang, X. xia, Zhang, A. sheng, & Liu, Q. zhi. (2022). Transcriptomic analysis provides insight into defensive strategies in response to continuous cropping in strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) plants. *BMC Plant Biology*, 22(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03857-6>
- Cho, G., & Kwak, Y. S. (2022). Genetic variation of strawberry fusarium wilt pathogen population in Korea. *Mycobiology*, 50(1), 82. <https://doi.org/10.1080/12298093.2022.2035496>
- Cohen, R., Elkabetz, M., Paris, H. S., Gur, A., Dai, N., Rabinovitz, O., & Freeman, S. (2022). Occurrence of *Macrophomina phaseolina* in Israel: Challenges for disease management and crop germplasm enhancement. *Plant Disease*, 106(1), 15–25. <https://doi.org/10.1094/pdis-07-21-1390-fe>

- Comby, M., Lacoste, S., Baillieul, F., Profizi, C., & Dupont, J. (2016). Spatial and temporal variation of cultivable communities of co-occurring endophytes and pathogens in wheat. *Frontiers in Microbiology*, 7, 403. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00403>
- Cossio, A. J. A., & Flores, A. A. H. (2021a). Competitividad de la fresa mexicana en el mercado estadounidense de 1992 a 2017. *Ciencia Tecnologia Agropecuaria*, 22(1), 1–15. https://doi.org/10.21930/rcta.vol22_num1_art:1414
- Crous, P. W., Summerell, B. A., Swart, L., Denman, S., Taylor, J. E., Bezuidenhout, C. M., Palm, M. E., Marinowitz, S., & Groenewald, J. Z. (2011). Fungal pathogens of *Proteaceae*. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 27, 20. <https://doi.org/10.3767/003158511x606239>
- Dang, H. X., Pryor, B., Peever, T., & Lawrence, C. B. (2015). The *Alternaria* genomes database: A comprehensive resource for a fungal genus comprised of saprophytes, plant pathogens, and allergenic species. *BMC Genomics*, 16(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1430-7>
- Dezaire, A., Marchand, C. H., Vallet, M., Ferrand, N., Chaouch, S., Mouray, E., Larsen, A. K., Sabbah, M., Lemaire, S. D., Prado, S., & Escargueil, A. E. (2020). Secondary metabolites from the culture of the marine-derived fungus *Paradendryphiella salina* PC 362H and evaluation of the anticancer activity of its metabolite hyalodendrin. *Marine Drugs*, 18(4), 191. <https://doi.org/10.3390/md18040191>
- Diehl, K., Rebensburg, P., & Lentzsch, P. (2013). Field application of non-pathogenic *Verticillium dahliae* genotypes for regulation of wilt in strawberry plants. *American Journal of Plant Sciences*, 2013(07), 24–32. <https://doi.org/10.4236/ajps.2013.47a2004>
- Dilla-Ermita, C. J., Goldman, P., Jaime, J., Ramos, G., Pennerman, K. K., & Henry, P. M. (2023). First report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* race 2 causing fusarium wilt of strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) in California. *Plant Disease*, 107(9), 2849. <https://doi.org/10.1094/pdis-02-23-0217-pdn>
- Duan, W., Peng, L., Jiang, J., Zhang, H., & Tong, G. (2022). Combined transcriptome and metabolome analysis of strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) fruits in response to powdery mildew infection. *Agronomy Journal*, 114(2), 1027–1039. <https://doi.org/10.1002/agj2.21026>
- Dung, J. K. S. (2020). Verticillium wilt of mint in the United States of America. *Plants*, 9(11), 1602. <https://doi.org/10.3390/plants9111602>
- Duvnjak, T., Vrandečić, K., Sudarić, A., Ćosić, J., & Matoša Kočar, M. (2023). First report of charcoal rot caused by *Macrophomina phaseolina* on hemp in Croatia. *Plant Disease*, 107(9), 2861. <https://doi.org/10.1094/pdis-03-23-0490-pdn>

- Ebihara, Y., Uematsu, S., & Nomiya, S. (2010). Control of *Verticillium dahliae* at a strawberry nursery by paddy-upland rotation. *Journal of General Plant Pathology*, 76(1), 7–20. <https://doi.org/10.1007/s10327-009-0205-x>
- Elías, J. M., Ramírez-Mata, A., Albornóz, P. L., Baca, B. E., Díaz-Ricci, J. C., & Pedraza, R. O. (2021). The polar flagellin of *Azospirillum brasilense* REC3 induces a defense response in strawberry plants against the fungus *Macrophomina phaseolina*. *Journal of Plant Growth Regulation*, 1–17. <https://doi.org/10.1007/s00344-021-10490-4>
- Eranthodi, A., Schneiderman, D., Harris, L. J., Witte, T. E., Sproule, A., Hermans, A., Overy, D. P., Chatterton, S., Liu, J., Li, T., González-Peña Fundora, D., Zhao, W., & Foroud, N. A. (2020). Enniatin production influences *Fusarium avenaceum* virulence on potato tubers, but not on durum wheat or peas. *Pathogens*, 9(2), 75. <https://doi.org/10.3390/pathogens9020075>
- Essa, T., Kamel, S., Ismail, A., & El-Ganainy, S. (2018). Characterization and chemical control of *Neopestalotiopsis rosae*, the causal agent of strawberry root and crown rot in Egypt. *Egyptian Journal of Phytopathology*, 46(1), 1–19. <https://doi.org/10.21608/ejp.2018.87411>
- Fang, W., Wu, J., Cheng, M., Zhu, X., Du, M., Chen, C., Liao, W., Zhi, K., & Pan, W. (2023). Diagnosis of invasive fungal infections: challenges and recent developments. *Journal of Biomedical Science*, 30(1), 9. <https://doi.org/10.1186/s12929-023-00926-2>
- FAO. (2021). Statistics | Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://faostat3.fao.org>
- FAOSTAT. (2022). Food and Agriculture Organization of the United Nations. Crops and livestock products. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>
- Feng, J., Zhang, M., Yang, K. N., & Zheng, C. X. (2020). Salicylic acid-primed defence response in octoploid strawberry “Benihoppe” leaves induces resistance against *Podosphaera aphanis* through enhanced accumulation of proanthocyanidins and upregulation of pathogenesis-related genes. *BMC Plant Biology*, 20(1), 149. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02353-z>
- Fitt, B. D. L., Huang, Y. J., Van Den Bosch, F., & West, J. S. (2006). Coexistence of related pathogen species on arable crops in space and time. *Annual Review of Phytopathology*, 44, 163–182. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.44.070505.143417>
- Furio, R. N., Albornoz, P. L., Coll, Y., Martínez Zamora, G. M., Salazar, S. M., Martos, G. G., & Díaz Ricci, J. C. (2019). Effect of natural and synthetic brassinosteroids on strawberry immune response against *Colletotrichum acutatum*. *European Journal of Plant Pathology*, 153(1), 167–181. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1551-3>
- Gai, Y., Niu, Q., Kong, J., Li, L., Liang, X., Cao, Y., Zhou, X., Sun, X., Ma, H., Wang, M., Shrivastava, N., Li, H., & Jiao, C. (2023). Genomic and transcriptomic characterization of

Alternaria alternata during infection. *Agronomy*, 13(3), 809.
<https://doi.org/10.3390/agronomy13030809>

Garay-Serrano, E., Cruz-Esteban, S., Fernández Pavia, S. P., Alvarado, G. R., & Gómez-Dorantes, N. (2021). Pathogenic microorganisms infecting berries in Mexico. *International Journal of Agriculture & Biology*, 25, 1007–1015. <https://doi.org/10.17957/ijab/15.1758>

George, A. (2005). *Plant pathology* (5th ed.). Elsevier Academic Press. [https://books.google.com.mx/books?hl=es&lr=&id=CnzbGZgby60C&oi=fnd&pg=PP1&dq=Agrios,+G.+N.+\(2005\).+Plant+Pathology+\(5th+ed.\).+Elsevier+Academic+Press.&ots=FsApuf3Hli&sig=TTQsVztm3I3UyKEP3gQZAINdTjk#v=onepage&q=Agrios%2C%20G.%20N.%20\(2005\).%20Plant%20Pathology%20\(5th%20ed.\).%20Elsevier%20Academic%20Press.&f=false](https://books.google.com.mx/books?hl=es&lr=&id=CnzbGZgby60C&oi=fnd&pg=PP1&dq=Agrios,+G.+N.+(2005).+Plant+Pathology+(5th+ed.).+Elsevier+Academic+Press.&ots=FsApuf3Hli&sig=TTQsVztm3I3UyKEP3gQZAINdTjk#v=onepage&q=Agrios%2C%20G.%20N.%20(2005).%20Plant%20Pathology%20(5th%20ed.).%20Elsevier%20Academic%20Press.&f=false)

Gogoi, A., Rossmann, S. L., Lysøe, E., Stensvand, A., & Brurberg, M. B. (2023). Genome analysis of *Phytophthora cactorum* strains associated with crown- and leather-rot in strawberry. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1214924. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1214924>

Gordon, T. R., Stueven, M., Pastrana, A. M., Henry, P. M., Dennehy, C. M., Kirkpatrick, S. C., & Daugovish, O. (2019). The effect of pH on spore germination, growth, and infection of strawberry roots by *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*, cause of fusarium wilt of strawberry. *Plant Disease*, 103(4), 697–704. <https://doi.org/10.1094/pdis-08-18-1296-re>

Guo, Q., Li, S., Dong, L., Su, Z., Wang, P., Liu, X., & Ma, P. (2023). Screening biocontrol agents for cash crop fusarium wilt based on fusaric acid tolerance and antagonistic activity against *Fusarium oxysporum*. *Toxins*, 15(6), 381. <https://doi.org/10.3390/toxins15060381>

Gupta, R., Lee, S. E., Agrawal, G. K., Rakwal, R., Park, S., Wang, Y., & Kim, S. T. (2015). Understanding the plant-pathogen interactions in the context of proteomics-generated apoplastic proteins inventory. *Frontiers in Plant Science*, 6, 352. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00352>

Hassan, O., & Chang, T. (2022). Morphological and molecular characteristics of fungal species associated with crown rot of strawberry in South Korea. *Molecular Biology Reports*, 49(1), 51–62. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06841-9>

Henry, P. M., Dilla-Ermita, C. J., Goldman, P., Jaime, J., & Ramos, G. (2022). Sporodochia formed by *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* produce airborne conidia and are ubiquitous on diseased strawberry plants in California. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2022.10.13.512161>

Henry, P. M., Pincot, D. D. A., Jenner, B. N., Borrero, C., Aviles, M., Nam, M. H., Epstein, L., Knapp, S. J., & Gordon, T. R. (2021). Horizontal chromosome transfer and independent evolution drive diversification in *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*. *New Phytologist*, 230(1), 327–340. <https://doi.org/10.1111/nph.17141>

- Hidrobo-Chavez, J., Ramírez-Villacís, D. X., Barriga-Medina, N., Herrera, K., & León-Reyes, A. (2022). First report of *Neopestalotiopsis mesopotamica* causing root and crown rot on strawberry in Ecuador. *Plant Disease*, 106(3), 1066. <https://doi.org/10.1094/pdis-06-21-1278-pdn>
- Higuera, J. J., Garrido-Gala, J., Lekhbou, A., Arjona-Girona, I., Amil-Ruiz, F., Mercado, J. A., Pliego-Alfaro, F., Muñoz-Blanco, J., López-Herrera, C. J., & Caballero, J. L. (2019). The strawberry *faWRKY1* transcription factor negatively regulates resistance to *Colletotrichum acutatum* in fruit upon infection. *Frontiers in Plant Science*, 10, 480. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00480>
- Hok, S., Attard, A., & Keller, H. (2010). Getting the most from the host: how pathogens force plants to cooperate in disease. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 23(10), 1253–1259. <https://doi.org/10.1094/mpmi-04-10-0103>
- Holland, L. (2021, April 29). *Neopestalotiopsis* leaf spot and fruit rot, an emerging concern in strawberry production. *Wisconsin Fruit UW Fruit Program*. <https://fruit.wisc.edu/2021/04/29/neopestalotiopsis-leaf-spot-and-fruit-rot-an-emerging-concern-in-strawberry-production/>
- Holmes, G. J., Mansouripour, S. M., & Hewavitharana, S. S. (2020). Strawberries at the crossroads: management of soilborne diseases in California without methyl bromide. *Phytopathology*, 110(5), 956–968. <https://doi.org/10.1094/phyto-11-19-0406-ia>
- Hoyos, A. B., Cortés, G. del P. G., & Siabato, N. G. G. (2022). Oportunidades para crear valor y sostenibilidad en la producción de fresa. *Revista EIA*, 19(38), 1–20. <https://doi.org/10.24050/reia.v19i38.1578>
- Ibañez, J. M., Favaro, M. A., Obregón, V. G., & Lattar, T. E. (2022). Oomycetes associated with strawberry diseases in Corrientes, Argentina. *Crop Protection*, 157, 105967. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.105967>
- Inderbitzin, P., Bostock, R. M., Davis, R. M., Usami, T., Platt, H. W., & Subbarao, K. V. (2011). Phylogenetics and taxonomy of the fungal vascular wilt pathogen *Verticillium*, with the descriptions of five new species. *PLOS ONE*, 6(12), e28341. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028341>
- Inderbitzin, P., & Subbarao, K. V. (2014). *Verticillium* systematics and evolution: how confusion impedes *Verticillium* wilt management and how to resolve it. *Phytopathology*, 104(6), 564–574. <https://doi.org/10.1094/phyto-11-13-0315-ia>
- Jenner, B. N., & Henry, P. M. (2022). Pathotypes of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* express discrete repertoires of accessory genes and induce distinct host transcriptional responses during root infection. *Environmental Microbiology*, 24(10), 4570–4586. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16101>

- Jiang, N., Voglmayr, H., Xue, H., Piao, C.-G., & Li, Y. (2022). Morphology and phylogeny of *Pestalotiopsis* (Sporocadaceae, Amphisphaeriales) from fagaceae leaves in China. *Microbiology Spectrum*, 10(6). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03272-22>
- Khambhati, V. H., Abbas, H. K., Sulyok, M., Tomaso-Peterson, M., Chen, J., & Shier, W. T. (2023). Mellein: Production in culture by *Macrophomina phaseolina* isolates from soybean plants exhibiting symptoms of charcoal rot and its role in pathology. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1105590>
- Khambhati, V. H., Abbas, H. K., Sulyok, M., Tomaso-Peterson, M., & Thomas Shier, W. (2020). First report of the production of mycotoxins and other secondary metabolites by *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. isolates from soybeans (*Glycine max* L.) symptomatic with charcoal rot disease. *Journal of Fungi*, 6(4), 332. <https://doi.org/10.3390/jof604033>
- Khan, I. H., & Javaid, A. (2023). *Macrophomina phaseolina* causing various diseases in different crops. In *Macrophomina Phaseolina: Ecobiology, Pathology and Management* (pp. 21–31). <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-15443-0.00004-8>
- Khoo, Y. W., Khaw, Y. S., Tan, H. T., Li, S. F., & Chong, K. P. (2023). First report of *Macrophomina phaseolina* causing leaf blight on *Pometia pinnata* in Malaysia. *Plant Disease*, 107(1), 230. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-21-2478-pdn>
- Klosterman, S. J., Atallah, Z. K., Vallad, G. E., & Subbarao, K. V. (2009). Diversity, pathogenicity, and management of *Verticillium* species. *Annual Review of Phytopathology*, 47, 39–62. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.080508.081748>
- Ko, Y., Chen, C. Y., Yao, K. S., Liu, C. W., Maruthasalam, S., & Lin, C. H. (2008). First report of fruit rot of strawberry caused by an *Alternaria* sp. in Taiwan. *Plant Disease*, 92(8), 1248. <https://doi.org/10.1094/pdis-92-8-1248b>
- Koike, S. T., & Gordon, T. R. (2015). Management of Fusarium wilt of strawberry. *Crop Protection*, 73, 67–72. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.02.003>
- Koike, S. T., Kirkpatrick, S. C., & Gordon, T. R. (2009). Fusarium wilt of strawberry caused by *Fusarium oxysporum* in California. *Plant Disease*, 93(10), 1077. <https://doi.org/10.1094/pdis-93-10-1077a>
- Kokaeva, L. Y., & Elansky, S. N. (2023). First report of *Alternaria alternariacida* causing potato leaf blight in the Far East, Russia. *Plant Disease*, 107(3), 938. <https://doi.org/10.1094/pdis-02-22-0291-pdn>
- Kumar, N., Dutta, R., Ajay, B. C., & Radhakrishnan, T. (2022). *Alternaria* leaf blight (*Alternaria* spp.) – an emerging foliar fungal disease of winter-summer groundnut (*Arachis hypogaea*): A review. *The Indian Journal of Agricultural Sciences*, 92(9), 1043–1050. <https://doi.org/10.56093/ijas.v92i9.111299>

- Kumari, N., & Thakur, A. (2022). Black root rot of strawberry: A disease complex. *International Journal of Economic Plants*, 9(2), 158–163. <https://doi.org/10.23910/2/2022.0455a>
- Lakhran, L., Ahir, R. R., Choudhary, M., & Choudhary, S. (2018). Isolation, purification, identification and pathogenicity of *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid caused dry root rot of chickpea. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(3), 3314–3317. <https://www.phytojournal.com/archives/2018.v7.i3.4688/isolation-purification-identification-and-pathogenicity-of-ltemgtmacrophomina-phaseolinaltemgt-tassi-goid-caused-dry-root-rot-of-chickpea>
- Lamichhane, J. R., & Venturi, V. (2015). Synergisms between microbial pathogens in plant disease complexes: A growing trend. *Frontiers in Plant Science*, 6, 1–12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00385>
- Lawrence, D. P., Brittain, G. D., Aglave, B., & Sances, F. V. (2022). First report of *Neopestalotiopsis rosae* causing crown and root rot of strawberry in California. *Plant Disease*, 107(2), 566. <https://doi.org/10.1094/pdis-04-22-0871-pdn>
- Lee, C. J., Kim, J. S., Park, J., Kim, J. Y., Park, S. W., Jung, S. H., & Sim, C. B. (2022). Strawberry disease diagnosis service using EfficientNet. *스마트미디여저널*, 11(5), 26–37. <https://doi.org/10.30693/smj.2022.11.5.26>
- Leonard, S., Hommais, F., Nasser, W., & Reverchon, S. (2017). Plant-phytopathogen interactions: Bacterial responses to environmental and plant stimuli. *Environmental Microbiology*, 19(5), 1689–1716. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13611>
- Lezama, P., Hernández, P., Trinidad, S., Tapia, R., Juliszewski, T., Kurpaska, S., Park, G., Cruz Coronel, A., Parraguirre Lezama, C., Pacheco Hernández, Y., Santiago Trinidad, O., Rivera Tapia, A., & Romero-Arenas, O. (2022). Efficacy of four in vitro fungicides for control of wilting of strawberry crops in Puebla-Mexico. *Applied Sciences*, 12(7), 3213. <https://doi.org/10.3390/app12073213>
- Li, H., & Zhang, Z. (2016). Systems understanding of plant–pathogen interactions through genome-wide protein–protein interaction networks. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 3(2), 102–112. <https://doi.org/10.15302/j-fase-2016100>
- Li, L., Zhu, X.-M., Zhang, Y.-R., Cai, Y.-Y., Wang, J.-Y., Liu, M.-Y., Bao, J.-D., Lin, F.-C., Balestrini, M., & Li, C. (2022). Research on the molecular interaction mechanism between plants and pathogenic fungi. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(9), 4658. <https://doi.org/10.3390/ijms23094658>
- Li, N., Wang, C., Li, X., & Liu, M. (2019). Effects of earthworms and arbuscular mycorrhizal fungi on preventing *Fusarium oxysporum* infection in the strawberry plant. *Plant and Soil*, 443(1), 139–153. <https://doi.org/10.1007/s11104-019-04224-5>

- Li, Z., Yu, X., Zhang, W., Han, R., Zhang, J., Ma, Y., Guo, L., Wang, X., Zhao, J., & Xiang, W. (2023). Identification, characterization and pathogenicity of fungi associated with strawberry fruit rot in Shandong Province, China. *Plant Disease*, 107(12), 3773–3782. <https://doi.org/10.1094/pdis-04-23-0696-re>
- Liu, S., Li, J., Zhang, Y., Liu, N., Viljoen, A., Mostert, D., Zuo, C., Hu, C., Bi, F., Gao, H., Sheng, O., Deng, G., Yang, Q., Dong, T., Dou, T., Yi, G., Ma, L. J., & Li, C. (2020). Fusaric acid instigates the invasion of banana by *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4. *New Phytologist*, 225(2), 913–929. <https://doi.org/10.1111/nph.16193>
- Liu, Z., Zhang, R., Sun, D., Tuerdi, M., Zhu, T., & Chen, X. (2023a). *Alternaria alternata* causing brown spot disease on walnut in Xinjiang, China. *Plant Disease*, 107(7), 2224. <https://doi.org/10.1094/pdis-07-22-1536-pdn>
- Liu, Z., Zhang, R., Sun, D., Tuerdi, M., Zhu, T., & Chen, X. (2023b). *Alternaria alternata* causing brown spot disease on walnut in Xinjiang, China. *Plant Disease*, 107(7), 2224. <https://doi.org/10.1094/pdis-07-22-1536-pdn>
- Liuzzi, V. C., Mirabelli, V., Cimmarusti, M. T., Haidukowski, M., Leslie, J. F., Logrieco, A. F., Caliandro, R., Fanelli, F., & Mulè, G. (2017). Enniatin and beauvericin biosynthesis in *Fusarium* species: Production profiles and structural determinant prediction. *Toxins*, 9(2), 45. <https://doi.org/10.3390/toxins9020045>
- Löhrer, M., Vogel, L., Petrescu Dita Singer, S., Erwes, S., Heupel, M., & Schaffrath, U. (2022). PCR diagnostics for rapid detection of fungi associated with black root rot of strawberries. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 129(5), 1053–1062. <https://doi.org/10.1007/s41348-022-00594-8>
- Lucas, J. A. (2020). *Plant pathology and plant pathogens* (4th ed.). Wiley. <https://www.wiley.com/en-us/Plant+Pathology+and+Plant+Pathogens%2C+4th+Edition-p-9781118893852>
- Ma, X., Qin, Y., Xiang, Y., He, L., Song, F., Wang, Z., Jiang, Y., & Wu, L. (2023). First report of *Neopestalotiopsis rosae* causing leaf blight on Shatangju in southern China. *Plant Disease*. <https://doi.org/10.1094/pdis-09-22-2066-pdn>
- Maharachchikumbura, S. S. N., Chukeatirote, E., Guo, L. D., Crous, P. W., McKenzie, E. H. C., & Hyde, K. D. (2013). *Pestalotiopsis* species associated with *Camellia sinensis* (tea). *Mycotaxon*, 123, 47–61. <https://doi.org/10.5248/123.47>
- Maharachchikumbura, S. S. N., Guo, L. D., Cai, L., Chukeatirote, E., Wu, W. P., Sun, X., Crous, P. W., Bhat, D. J., McKenzie, E. H. C., Bahkali, A. H., & Hyde, K. D. (2012). A multi-locus backbone tree for *Pestalotiopsis*, with a polyphasic characterization of 14 new species. *Fungal Diversity*, 56(1), 95–129. <https://doi.org/10.1007/s13225-012-0198-1>

- Maharachchikumbura, S. S. N., Hyde, K. D., Groenewald, J. Z., Xu, J., & Crous, P. W. (2014). *Pestalotiopsis* revisited. *Studies in Mycology*, 79(1), 121–186. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2014.09.005>
- Malcolm, G. M., Kuldau, G. A., Gugino, B. K., & Jiménez-Gasco, M. D. M. (2013a). Hidden host plant associations of soilborne fungal pathogens: An ecological perspective. *Phytopathology*, 103(6), 538–544. <https://doi.org/10.1094/phyto-08-12-0192-le>
- Mamgain, A., Roychowdhury, R., & Tah, J. (2013). *Alternaria* pathogenicity and its strategic controls. *Research & Reviews: Journal of Biology*, 1(1), 1–9. <https://www.rroij.com/open-access/alternaria-pathogenicity-and-its-strategic-controls-.php?aid=35925>
- Manici, L. M., Caputo, F., & Cerato, C. (1995). Temperature responses of isolates of *Macrophomina phaseolina* from different climatic regions of sunflower production in Italy. *Plant Disease*, 79(8), 834–838. <https://doi.org/10.1094/pd-79-0834>
- Manstretta, V., & Rossi, V. (2016). Effects of temperature and moisture on development of *Fusarium graminearum* perithecia in maize stalk residues. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(1), 184. <https://doi.org/10.1128/aem.02436-15>
- Mao, Z. S., Long, Y. J., Zhu, Y. Y., Zhu, S. S., He, X. H., & Chen, Z. J. (2014). First report of *Cylindrocarpon destructans* var. *destructans* causing black root rot of sanqi (*Panax notoginseng*) in China. *Plant Disease*, 98(1), 162. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-12-1104-pdn>
- María, C., & Granja, R. (2015). An analysis of the dynamics of two high-value export chains: Smallholder participation, standards and trust. <https://doi.org/10.53846/goediss-5242>
- Maya-Manzano, J. M., Muñoz-Triviño, M., Fernández-Rodríguez, S., Silva-Palacios, I., Gonzalo-Garijo, A., & Tormo-Molina, R. (2016). Airborne *Alternaria* conidia in Mediterranean rural environments in SW of Iberian Peninsula and weather parameters that influence their seasonality in relation to climate change. *Aerobiologia*, 32(1), 95–108. <https://doi.org/10.1007/s10453-016-9424-8>
- Meena, M., Gupta, S. K., Swapnil, P., Zehra, A., Dubey, M. K., & Upadhyay, R. S. (2017). *Alternaria* toxins: Potential virulence factors and genes related to pathogenesis. *Frontiers in Microbiology*, 8, 1451. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01451>
- Meena, M., & Samal, S. (2019). *Alternaria* host-specific (HSTs) toxins: An overview of chemical characterization, target sites, regulation and their toxic effects. *Toxicology Reports*, 6, 745–755. <https://doi.org/10.1016/j.toxrep.2019.06.021>
- Mehmood, N., Riaz, A., Naz, F., Hassan, I., Jaabeen, N., Anwaar, S., Rosli, H., & Gleason, M. L. (2017). First report of strawberry leaf spot caused by *Alternaria alternata* in Pakistan. *Plant Disease*, 102(4), 820. <https://doi.org/10.1094/pdis-09-17-1464-pdn>

- Mehmood, N., Riaz, A., Naz, F., Hassan, I., Jaabeen, N., Anwaar, S., Rosli, H., & Gleason, M. L. (2018). First report of strawberry leaf spot caused by *Alternaria alternata* in Pakistan. *Plant Disease*, 102(4), 820. <https://doi.org/10.1094/pdis-09-17-1464-pdn>
- Meszka, B., & Michalecka, M. (2016). Identification of *Phytophthora* spp. isolated from plants and soil samples on strawberry plantations in Poland. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 123(1), 29–36. <https://doi.org/10.1007/s41348-016-0007-2>
- Moffat, C. S., See, P. T., & Oliver, R. P. (2015). Leaf yellowing of the wheat cultivar Mace in the absence of yellow spot disease. *Australasian Plant Pathology*, 44(2), 161–166. <https://doi.org/10.1007/s13313-014-0335-2>
- Moralejo, E., Belbahri, L., Calmin, G., García-Muñoz, J. A., Lefort, F., & Descals, E. (2008). Strawberry tree blight in Spain, a new disease caused by various *Phytophthora* species. *Journal of Phytopathology*, 156(10), 577–587. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2008.01397.x>
- Morales-Mora, L. A., Andrade-Hoyos, P., Ita, M. A. V., Romero-Arenas, O., Silva-Rojas, H. V., & Contreras-Paredes, C. A. (2020). Characterization of strawberry associated fungi and in vitro antagonistic effect of *Trichoderma harzianum*. *Mexican Journal of Phytopathology*, 38(3). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2005-7>
- Nemec, S. (1976). Response of three root rot fungi to strawberry phenolics and the relation of phenolics to disease resistance. *Mycopathologia*, 59(1), 37–40. <https://doi.org/10.1007/bf00491202>
- Nielsen, K. A. G., Skårn, M. N., Strømeng, G. M., Brurberg, M. B., & Stensvand, A. (2022). Pervasive fungicide resistance in *Botrytis* from strawberry in Norway: Identification of the grey mould pathogen and mutations. *Plant Pathology*, 71(6), 1392–1403. <https://doi.org/10.1111/ppa.13557>
- Nikitin, D. A., Ivanova, E. A., Semenov, M. V., Zhelezova, A. D., Ksenofontova, N. A., Tkhakakhova, A. K., & Kholodov, V. A. (2023). Diversity, ecological characteristics and identification of some problematic phytopathogenic *Fusarium* in soil: A review. *Diversity*, 15(1). <https://doi.org/10.3390/d15010049>
- Orrego, A., Gavilán, M. C., Arévalos, A., Ortiz, B., Humada, B. G., Pineda-Fretez, A., Romero-Rodríguez, M. C., Giubi, M. E. F., Kohli, M. M., & Iehisa, J. C. M. (2022). Identification of reference genes and their validation for gene expression analysis in phytopathogenic fungus *Macrophomina phaseolina*. *PLOS ONE*, 17(8), e0272603. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0272603>
- Papaioannou, I. A., Ligoxigakis, E. K., Vakalounakis, D. J., Markakis, E. A., & Typas, M. A. (2013). Phytopathogenic, morphological, genetic and molecular characterization of a *Verticillium dahliae* population from Crete, Greece. *European Journal of Plant Pathology*, 136(3), 577–596. <https://doi.org/10.1007/s10658-013-0189-4>

- Parikka, P., & Latvala, S. (2021). Soil-borne diseases increasing in Finnish strawberry production. *Acta Horticulturae*, 1309, 725–730. <https://doi.org/10.17660/actahortic.2021.1309.104>
- Pastrana, A. M., Watson, D. C., & Gordon, T. R. (2019a). Transmission of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* through stolons in strawberry plants. *Plant Disease*, 103(6), 1249–1251. <https://doi.org/10.1094/pdis-08-18-1353-re>
- Pastrana, A. M., Watson, D. C., & Gordon, T. R. (2019b). Transmission of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* through stolons in strawberry plants. *Plant Disease*, 103(6), 1249–1251. <https://doi.org/10.1094/pdis-08-18-1353-re>
- Patil, J., & Suryawanshi, N. (2015). Management of *Alternaria alternata* causing fruit rot of strawberry using various plant extracts. *International Journal of Life Sciences*, A5(Special issue), 42–46. <http://www.ijlsci.in>
- Pederson, G. A., Pratt, R. G., & Brink, G. E. (2000). Response to leaf inoculations with *Macrophomina phaseolina* in white clover. *Crop Science*, 40(3), 687–692. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403687x>
- Perato, S. M., Furio, R. N., Tomas-Grau, R. H., Caro, M. P., Hael-Conrad, V., Díaz-Ricci, J. C., & Martinez-Zamora, M. G. (2020). The fungal elicitor AsES requires a functional ethylene pathway to activate the innate immunity in strawberry. *Plant Biology*, 22(6), 1030–1040. <https://doi.org/10.1111/plb.13163>
- Peres, N. A., Baggio, J. S., & Mertely, J. C. (2018). Charcoal rot of strawberries caused by *Macrophomina phaseolina*. *EDIS*, 2018(1). <https://doi.org/10.32473/edis-pp161-2018>
- Petit, E., & Gubler, W. D. (2007). First report of *Cylindrocarpon liriodendri* causing black foot disease of grapevine in California. *Plant Disease*, 91(8), 1060. <https://doi.org/10.1094/pdis-91-8-1060a>
- Pickel, B., Dai, N., Maymon, M., Elazar, M., Tanami, Z., Frenkel, O., Toamy, M. A., Mor, N., & Freeman, S. (2020a). Development of a reliable screening technique for determining tolerance to *Macrophomina phaseolina* in strawberry. *European Journal of Plant Pathology*, 157(4), 707–718. <https://doi.org/10.1007/s10658-020-02051-4>
- Poudel, B., & Vaghefi, N. (2023). Taxonomy of *Macrophomina*—traditional to molecular approaches. In *Macrophomina Phaseolina: Ecobiology, Pathology and Management* (pp. 3–8). <https://doi.org/10.1016/b978-0-443-15443-0.00022-x>
- Quintero-Ramírez, J. M., Omaña-Silvestre, J. M., & Ramírez-Padrón, L. C. (2020). Análisis de indicadores de ventajas comparativas reveladas: competitividad de las exportaciones de fresa

(*Fragaria* spp.) mexicana. *Revista de Desarrollo Económico*, 13–19.
<https://doi.org/10.35429/jed.2020.24.7.13.19>

Raftoyannis, Y., & Dick, M. W. (2006). Zoospore encystment and pathogenicity of *Phytophthora* and *Pythium* species on plant roots. *Microbiological Research*, 161(1), 1–8.
<https://doi.org/10.1016/j.micres.2005.04.003>

Rangel-Montoya, E. A., Delgado-Ramírez, C. S., Sepulveda, E., & Hernández-Martínez, R. (2022). Biocontrol of *Macrophomina phaseolina* using *Bacillus amyloliquefaciens* strains in cowpea (*Vigna unguiculata* L.). *Agronomy*, 12(3), 676.
<https://doi.org/10.3390/agronomy12030676>

Rebollar-Alviter, A., Silva-Rojas, H. V., Fuentes-Aragón, D., Acosta-González, U., Martínez-Ruiz, M., & Parra-Robles, B. E. (2020a). An emerging strawberry fungal disease associated with root rot, crown rot and leaf spot caused by *Neopestalotiopsis rosae* in Mexico. *Plant Disease*, 104(8), 2054–2059. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-19-2493-sc>

Rodrigues, F. A., Silva, I. T., Antunes Cruz, M. F., & Carré-Missio, V. (2014). The infection process of *Pestalotiopsis longisetula* leaf spot on strawberry leaves. *Journal of Phytopathology*, 162(10), 690–692. <https://doi.org/10.1111/jph.12226>

Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER). (2021, November 9). Representación Agricultura Baja California.
<https://www.gob.mx/agricultura/%7Cbajacalifornia/es/articulos/cultivo-de-fresa-arrojo-una-produccion-de-93-mil-007-toneladas-en-el-oi-2020-2021>

Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER). (2022). ¿Qué quiere la niña fresa? México y su producción nacional. <https://www.gob.mx/agricultura/articulos/que-quiere-la-nina-fresa-mexico-y-su-produccion-nacional>

Sánchez, M. E., Lora, F., & Trapero, A. (2002). First report of *Cylindrocarpon destructans* as a root pathogen of Mediterranean *Quercus* species in Spain. *Plant Disease*, 86(6), 693.
<https://doi.org/10.1094/pdis.2002.86.6.693c>

Scariotto, S., Tomazeli, V. N., Paladini, M. V., de Oliveira Bolina, C., Sobrinho, R. L., da Silva, E. P., Dallacorte, L. V., de Cássia Oliveira, M., Santos, I. dos, & Marchese, J. A. (2021). Plant innate immunity in strawberry induced by pathogen-associated molecular pattern harpin and acibenzolar-S-methyl. *Theoretical and Experimental Plant Physiology*, 33(4), 1–11.
<https://doi.org/10.1007/s40626-021-00218-w>

Schaefer, K. A., & Scheitrum, D. (2020). Sewing terror: price dynamics of the strawberry needle crisis. *Australian Journal of Agricultural and Resource Economics*, 64(2), 229–243.
<https://doi.org/10.1111/1467-8489.12366>

Schoch, C. L., Ciufu, S., Domrachev, M., Hotton, C. L., Kannan, S., Khovanskaya, R., Leipe, D., McVeigh, R., O'Neill, K., Robbertse, B., Sharma, S., Soussov, V., Sullivan, J. P., Sun, L.,

- Turner, S., & Karsch-Mizrachi, I. (2020). NCBI taxonomy: A comprehensive update on curation, resources and tools. *Database*, 2020. <https://doi.org/10.1093/database/baaa062>
- Shalimar Srinagar, S., Suhail Altaf, I., Mohammed Tauseef Ali, I., Shaheen Kousar Jan, I., Wasim Yousuf Mir, I., Corresponding Author, I., Tauseef Ali, M., Iqbal, T., Altaf, S., Kousar Jan, S., & Yousuf Mir, W. (2020). Perpetuation studies of pathogen *Alternaria solani* (Ellis and Martin) in tomato crop through seed and plant debris. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 9(1), 1620–1623. <http://www.phytojournal.com>
- Sharma, L., & Marques, G. (2018). *Fusarium*, an entomopathogen—A myth or reality? *Pathogens*, 7(4). <https://doi.org/10.3390/pathogens7040093>
- Shi, J., Yang, S., Li, C., Tan, X., Jiang, X., Zeng, C., Xun, W., Zhao, H., Lyu, B., Yang, Q., Yang, Z., Li, J., Chen, Z., & Wu, X. (2023). First report of *Alternaria alternata* causing white leaf spot on *Allium tuberosum* in China. *Plant Disease*, 107(9), 2860. <https://doi.org/10.1094/pdis-03-23-0458-pdn>
- Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2019). *Sistema de Información Agroalimentaria de Consulta (SIACON) | Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera*. Gobierno. <https://www.gob.mx/siap/prensa/sistema-de-informacion-agroalimentaria-de-consulta-siacon>
- Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2022). *Producción Agrícola*. <https://www.gob.mx/siap/acciones-y-programas/produccion-agricola-33119>
- Smagulova, A., Uakhit, R., & Kiyan, V. (2022). First record of *Alternaria alternata* causing necrosis of *Thuja* (*Thuja occidentalis*) in Kazakhstan. *Plant Disease*, 106(11), 2987. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-21-2523-pdn>
- Sredl, D. (2023). *Research guides: Trade data resources: Trade resources*. Harvard Library. <https://www.economia.gob.mx/datamexico/en/profile/product/strawberries-strawberries-uncooked-or-cooked-in-water-or-steam-frozen-containing-added-sugar-or-other-sweetening-matter>
- Stanković, I., Ristić, D., Vučurović, A., Milojević, K., Nikolić, D., Krstić, B., & Bulajić, A. (2014). First report of fusarium wilt of strawberry caused by *Fusarium oxysporum* in Serbia. *Plant Disease*, 98(10), 1435. <https://doi.org/10.1094/pdis-04-14-0346-pdn>
- Steele, M. E., Hewavitharana, S. S., Henry, P., Goldman, P., & Holmes, G. J. (2022). Survey of late-season soilborne pathogens infecting strawberry in Watsonville-Salinas, California. *Plant Health Progress*, 24(1), 104–109. <https://doi.org/10.1094/php-06-22-0056-s>
- Stergiopoulos, L., & Gordon, T. R. (2014). Cryptic fungal infections: The hidden agenda of plant pathogens. *Frontiers in Plant Science*, 5(SEP). <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00506>

- Summerell, B. A. (2019). Resolving *Fusarium*: Current status of the genus. *Annual Review of Phytopathology*, 57, 323–339. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-082718-100204>
- Sun, H. F., Jiang, X., Li, Z. L., Yan, Y., Wang, H., & Yang, H. Y. (2023). First report of *Alternaria alternata* causing leaf blight on *Trollius chinensis* in China. *Plant Disease*, 107(8), 2533. <https://doi.org/10.1094/pdis-08-22-1983-pdn>
- Sun, H. F., Yang, H. Y., Mu, X. J., Wang, H., Li, N., Yan, Y., & Wei, M. Y. (2022). First report of *Alternaria alternata* causing leaf blight on *Actaea dahurica* in China. *Plant Disease*, 106(12), 3207. <https://doi.org/10.1094/pdis-02-22-0396-pdn>
- Sun, Q., Harishchandra, D., Jia, J., Zuo, Q., Zhang, G., Wang, Q., Yan, J., Zhang, W., & Li, X. (2021). Role of *Neopestalotiopsis rosae* in causing root rot of strawberry in Beijing, China. *Crop Protection*, 147, 105710. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105710>
- Sun, X., Wang, C., Gao, X., Wu, X., & Fu, Y. (2023a). Characterization of *Alternaria* species associated with black spot of strawberry in Dandong, China. *Agronomy*, 13(4), 1014. <https://doi.org/10.3390/agronomy13041014/s1>
- Tahat, M. M., Aldakil, H. A., Alananbeh, K. M., Othman, Y. A., & Alsmairat, N. (2023). First report of strawberry wilt caused by *Fusarium oxysporum* in Jordan. *Plant Disease*, 107(3), 967. <https://doi.org/10.1094/pdis-10-21-2339-pdn>
- Thomidis, T., & Kazantzis, K. (2023a). Occurrence of shoot blight disease, caused by *Cylindrocarpum destructans* (Zinss) Scholten, on cherry trees (*Prunus avium*) in Greece. *European Journal of Plant Pathology*, 166(3), 359–367. <https://doi.org/10.1007/s10658-023-02669-0>
- Thomma, B. P. H. J. (2003). *Alternaria* spp.: From general saprophyte to specific parasite. *Molecular Plant Pathology*, 4(4), 225–236. <https://doi.org/10.1046/j.1364-3703.2003.00173.x>
- Toropova, E. Y., Kirichenko, A. A., Stetsov, G. Y., & Suhomlinov, V. Y. (2015). Soil infections of grain crops with the use of the resource-saving technologies in western Siberia, Russia. *Biosciences Biotechnology Research Asia*, 12(2), 1081–1093. <https://doi.org/10.13005/bbra/1761>
- Undurraga, P., & Vargas, S. (2013). *Manual del arándano*. <https://biblioteca.inia.cl/handle/20.500.14001/7627>
- Valenti, I., Tini, F., Sevarika, M., Agazzi, A., Beccari, G., Bellezza, I., Ederli, L., Grottelli, S., Pasquali, M., Romani, R., Saracchi, M., & Covarelli, L. (2023). Impact of enniatin and deoxynivalenol co-occurrence on plant, microbial, insect, animal and human systems: Current knowledge and future perspectives. *Toxins*, 15(4), 271. <https://doi.org/10.3390/toxins15040271>

- van der Wolf, J. M., Evenhuis, A., Kastelein, P., Krijger, M. C., Funke, V. Z., van den Berg, W., & Moene, A. F. (2018). Risks for infection of strawberry plants with an aerosolized inoculum of *Xanthomonas fragariae*. *European Journal of Plant Pathology*, 152(3), 711–722. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1513-9>
- Vega-Gutiérrez, T. A., López-Orona, C. A., Molina-Cárdenas, L., López-Urquidez, G. A., Payán-Arzapalo, M. A., & Tirado-Ramírez, M. A. (2023). First report of *Fusarium keratoplasticum* causing strawberry root rot in Sinaloa, Mexico. *Plant Disease
- Vigliecca, M., González, P., Machín, A., Vicente, E., & Silvera-Pérez, E. (2022). First report of root and crown rot caused by *Dactylonectria novozelandica* on strawberry in Uruguay. *Agrociencia Uruguay*, 26(2), e962–e962. <https://doi.org/10.31285/AGRO.26.962>
- Wang, C., Tang, Y., Ma, X., Li, H., Li, J., Tang, H., & Liu, Z. (2023). First report of *Macrophomina phaseolina* causing leaf blight of cassava in China. *Plant Disease*, 107(8), 2541. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-22-2447-PDN>
- Wang, D. J., Shi, J. C., Fan, L., Wang, R. J., Wei, F., Ma, Y. Y., Cai, X. L., Fan, S. H., Liang, X., Yang, H. L., Xing, K., Qiu, L. J., Lu, L. J., Li, X. X., Wen, Y. Q., & Feng, J. Y. (2023). Systemic colonization of *Xanthomonas fragariae* strain YL19 causing dry cavity rot of strawberry crown tissue in China. *Plant Disease*, 107(11), 3542–3552. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-22-0783-RE>
- Weiland, J. E. (2022). First report of *Macrophomina phaseolina* causing charcoal root rot of Hebe (*Veronica cupressoides*, *V. ochracea*, and *V. pinguifolia*) in Oregon, U.S.A. *Plant Disease*, 106(7), 1984. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-2036-PDN>
- Wu, H. Y., Tsai, C. Y., Wu, Y. M., Ariyawansa, H. A., Chung, C. L., & Chung, P. C. (2021). First report of *Neopestalotiopsis rosae* causing leaf blight and crown rot on strawberry in Taiwan. *Plant Disease*, 105(2), 487–487. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-1045-PDN>
- Xu, Y., Tong, Z., Zhang, X., Wang, Y., Fang, W., Li, L., & Luo, Z. (2019). Unveiling the mechanisms for the plant volatile organic compound linalool to control gray mold on strawberry fruits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 67(33), 9265–9276. <https://doi.org/10.1021/ACS.JAFC.9B03103>
- Yan, C. W., Su, D. F., Dai, Q. Z., Chen, S. Y., Zhang, Z. R., Dong, Q. E., Tian, Y. X., Zhou, W. X., Yang, J. Y., Tong, J. Y., & Cui, X. L. (2023). First report of anthracnose crown rot on strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) caused by *Colletotrichum pandanicola* in Yunnan Province, China. *Plant Disease*, 107(5), 1628. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-22-1759-PDN>
- Yang, T., Zhai, D., Ding, X., Guo, Z., & Zhao, Y. (2023). Shifts in soil microbial diversity and functions during continuous cropping of strawberry. *Land Degradation & Development*, 34(15), 4810–4820. <https://doi.org/10.1002/LDR.4811>

- Zhan, Y. J., Peng, W. J., Xu, Z. Q., Xu, H., & Feng, X. H. (2020). First report of *Phytophthora helicoides* causing root and crown rot on strawberry in China. *Plant Disease*, 104(9), 2528. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-20-0550-PDN>
- Zhang, L., Huang, X., He, C., Zhang, Q. Y., Zou, X., Duan, K., & Gao, Q. (2018a). Novel fungal pathogenicity and leaf defense strategies are revealed by simultaneous transcriptome analysis of *Colletotrichum fructicola* and strawberry infected by this fungus. *Frontiers in Plant Science*, 9, 434–434. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2018.00434/FULL>
- Zhang, Y., Yu, H., Hu, M., Wu, J., & Zhang, C. (2022). Fungal pathogens associated with strawberry crown rot disease in China. *Journal of Fungi*, 8(11), 1161–1161. <https://doi.org/10.3390/JOF8111161>
- Zoutman, D. E., & Sigler, L. (1991). Mycetoma of the foot caused by *Cylindrocarpon destructans*. *Journal of Clinical Microbiology*, 29(9), 1855–1859. <https://doi.org/10.1128/JCM.29.9.1855-1859.1991>

CAPÍTULO II

EFFECTO DE LA COINOCULACIÓN DE HONGOS Y OOMYCETOS EN EL DESARROLLO DE LA PRUDICIÓN DE RAÍZ Y CORONA DE LA FRESA

1 INTRODUCCIÓN

La producción de fresa (*Fragaria* × *ananassa*) enfrenta numerosos desafíos fitopatológicos que afectan tanto la cantidad como la calidad del cultivo, resultando en pérdidas económicas significativas a nivel mundial (Dilla-Ermita et al., 2023; Holmes et al., 2020; Pincot et al., 2020). Entre los patógenos más perjudiciales se encuentran los hongos y oomycetos que infectan raíz y corona, entre ellos *Fusarium* sp., *Cylindrocarpon* sp., *Macrophomina* sp., *Phytophthora* sp. y *Neopestalotiopsis* sp. y *Alternaria* sp., (Shrestha et al., 2023; Steele et al., 2022; Zhang et al., 2022). Estudios previos han demostrado que estos patógenos pueden causar daños significativos de manera individual, pero sus efectos combinados bajo condiciones de coinoculación no han sido ampliamente investigados debido a la compleja dinámica de la enfermedad (Domínguez-Begines et al., 2021; O’Keeffe et al., 2021).

Esta confusión en el alcance de las interacciones surge debido a varios estudios, por ejemplo, un artículo publicado usando análisis metagenómicos se identificó diferentes comunidades fúngicas interactuando en diferentes órganos de la fresa en el que *Botrytis* y *Cladosporium* representaron el 70-99% de la abundancia relativa y en donde las hojas mostraron la mayor diversidad fúngica seguido de las flores y frutos. (Abdelfattah et al., 2016; Li et al., 2023). En la parte subterránea, específicamente sobre la pudrición de la corona de la fresa en la cual intervienen múltiples especies fúngicas, en las que se incluyen a *Colletotrichum siamense*, *C. fructicola*, *Fusarium oxysporum* y otros, que varían en el grado de virulencia y causan síntomas graves que van desde manchas negras hasta la muerte de la planta (Zhang et al., 2022).

En otros sistemas se ha demostrado que las coinfecciones pueden dar lugar a síntomas graves en comparación con las infecciones únicas, de acuerdo a un artículo publicado en donde las plantas de arándano debido a la coinfección por *Neofusicoccum parvum* o *Lasiodiplodia theobromae* y

Macrophomina phaseolina provocó una mayor gravedad de la enfermedad en comparación con infecciones únicas, lo que indica que la coinfección de la raíz puede intensificar la gravedad de la enfermedad en función de la combinación de patógenos y del cultivar de la planta (Avilés et al., 2021). En el trigo, las coinfecciones por diferentes cepas de *Zymoseptoria tritici*, dieron lugar a resultados complejos, donde algunas combinaciones dieron lugar a un mayor desarrollo de la lesión que en las infecciones por una sola cepa, lo que sugiere que las interacciones entre patógenos pueden alterar significativamente la dinámica de la enfermedad (Bellah et al., 2022). Similarmente, la coinfección de *Fusarium oxysporum* y *Rhizoctonia solani* en alfalfa provocó una enfermedad más grave y mayores reducciones en el crecimiento y la atribución de biomasa que las infecciones individuales (Fang et al., 2021)

La coinoculación de hongos y oomycetos puede influir en la expresión y progresión de los síntomas de marchitez en las plantas de fresa, siendo crucial comprender estas interacciones para desarrollar estrategias de manejo efectivas (Susi et al., 2015). Los objetivos de este estudio fueron: a) determinar la variación en la expresión de síntomas de marchitez en plantas de fresa como respuesta a la coinoculación de hongos y oomycetos y b) Determinar el desarrollo de la marchitez de plantas de fresa en respuesta a la coinoculación de hongos y oomycetos asociados a raíz y corona.

2 MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Obtención de las Cepas

Las cepas de hongos y oomycetos empleadas en este estudio fueron proporcionadas por el laboratorio de la Universidad Autónoma Chapingo, campus CRUCO. Estas cepas fueron previamente aisladas de tejidos de raíz y corona de plantas de fresa de las variedades Albión y Fortuna. De plantas de la variedad Albión, originarias de Irapuato, Guanajuato, se aislaron las cepas de *Alternaria* sp. (Alt-80) y *Fusarium* sp. (Fus-389) de tejidos de raíz y corona, respectivamente. De la variedad Fortuna, procedente del Valle de Zamora, Michoacán, se obtuvo la cepa de *Cylindrocarpon* sp. (Cylin-367) de tejido de raíz. Además, de una variedad de fresa no documentada, se aislaron las cepas de *Macrophomina* sp. (Macro-378) y *Phytophthora* sp. (Phyto-2) de tejido de corona y raíz, respectivamente. Finalmente, se incluyó en el estudio la cepa M5 identificada como *Neopestalotiopsis rosae*.

2.2 Preparación de cultivos monoconidiales

Las cepas de hongos fueron activadas en placas de Petri con medio papa dextrosa agar (PDA) para los hongos. Las placas se incubaron a temperatura del laboratorio ($22 \pm 4^\circ\text{C}$; 12:12 L:O) por 7 días. De las áreas esporuladas de las cepas crecidas, se cortaron dos discos de aproximadamente 5 milímetros de diámetro utilizando un sacabocados de metal estéril. Estos discos de micelio se trasladaron asépticamente a un tubo que contenía 9 mL de agua estéril, agitando brevemente por 5 segundos en un vortex (VWR, Analog Vortex Mixer). Posteriormente, se transfirió 1 mL de esta suspensión a un nuevo tubo con 9 mL de agua estéril, repitiendo este proceso hasta alcanzar una dilución de 10^{-3} . Con una micropipeta (Eppendorf) de 100 microlitros, se depositaron varias gotas de la suspensión de esporas diluida sobre la superficie de una nueva caja de Petri con agua agar. Las esporas se esparcieron inclinando suavemente la placa en diferentes direcciones. Las placas se incubaron a temperatura del laboratorio durante 24 horas. Tras la germinación de la estructura, se seleccionó una única colonia típica del hongo en un microscopio estereoscópico (Zeigen) y se transfirió a una nueva caja de Petri con PDA (May, 2024).

Los oomycetos fueron activadas en placas de Petri con medio jugo V8 en oscuridad a temperatura del laboratorio. Después de 7 días de crecimiento utilizando un microscopio se revisaron las cajas para confirmar la presencia de esporangios. Para la inducción de zoosporas se agregaron 2 mililitros de agua estéril, las cajas se coloraron a 4°C durante 1 hora y se volvieron a colocar a temperatura ambiente (Judelson & Blanco, 2005; Latijnhouwers et al., 2003). Con la ayuda de una micropipeta se colectaron 1 mililitro de la suspensión la cual se colocó en un tubo que contenía 9 mL de agua estéril y se agitó brevemente por 5 segundos en un vortex (VWR, Analog Vortex Mixer). Posteriormente, se transfirió 1 mL de esta suspensión a un nuevo tubo con 9 mL de agua estéril, repitiendo este proceso hasta alcanzar una dilución de 10^{-3} . Con una micropipeta (Eppendorf) de 100 microlitros, se depositaron varias gotas de la suspensión de esporas diluida sobre la superficie de una nueva caja de Petri con agua agar. Las esporas se esparcieron inclinando suavemente la placa en diferentes direcciones. Las placas se incubaron a temperatura del laboratorio durante 24 horas a oscuridad. Tras la germinación de la estructura, se seleccionó una única colonia típica del hongo y con la ayuda de un microscopio estereoscópico (Zeigen) se transfirió la punta de hifa a una nueva caja de Petri con medio jugo V8 (Werres, 2015).

2.3 Incremento de cepas

El incremento de los hongos se realizó en granos de arroz utilizando matraces Erlenmeyer estériles de 250 ml, a los cuales se añadieron 50 g de arroz y 50 ml de agua estéril. Los matraces se esterilizaron dos veces en una olla de presión a 15 lb, enfriándolos entre cada ciclo. A partir de una cepa con 7 días de crecimiento, se introdujeron 15 discos de micelio en los matraces (Zulfiana et al., 2020). Los matraces correspondientes a los aislados Alt-80 de *Alternaria sp.* y Fus-389 de *Fusarium sp.* se incubaron durante 14 días a 27°C, con un ciclo de 12 horas luz/12 horas oscuridad, (Zhong et al. 2022; Huang et al., 2023). Los incrementos de las cepas Cylin-367 de *Dactylonectria sp.* y 378 de *Macrophomina sp.* se incubaron a una temperatura constante de 27°C en completa oscuridad durante dos semanas, sin agitación (Probst et al., 2012; Parmar et al., 2018). Los frascos de la cepa M5 de *Neopestalotiopsis rosae* se incubaron a temperaturas de 25-27°C en oscuridad durante 15 días, agitándose manualmente cada día para evitar la compactación del grano y asegurar una producción homogénea de acérvulos (Sun et al., 2021).

Para la preparación de la suspensión de conidios, se añadieron 200 ml de agua estéril a los matraces y luego se licuaron (Gómez et al., 2020). El contenido se filtró a través de una gasa estéril para eliminar impurezas. Se recolectaron 200 μ l del filtrado, los cuales se cuantificaron en una cámara de Neubauer (Hausser Scientific) y se ajustaron a una concentración a 1×10^6 conidios por mL.

Para el cultivo de *Phytophthora*, se emplearon cajas Petri con medio V-8 agar, que se incubaron a 24°C en condiciones de oscuridad durante 10 días, (Xu & Ko., 1998). Los esporangios se obtuvieron raspando la superficie del medio con una espátula y lavándola con agua estéril. La suspensión de esporangios se ajustó a una concentración a 1×10^6 esporangios por mL en una cámara de Neubauer (Raftoyannis & Dick, 2002).

2.4 Preparación del sustrato e Inoculación de complejo de hongos en plántulas de fresa

Las inoculaciones se realizaron en plántulas de la variedad ‘Fronteras’ obtenidas de un vivero comercial (Planasa) reproducidas en cepellón el día 24 de Noviembre del 2024. Previo a la inoculación, a las plantas se les realizaron cuatro incisiones en la base de la corona con una aguja estéril. Posteriormente, fueron inoculadas en la base de la corona con 35 ml de una suspensión conteniendo 1×10^6 conidios por ml de los aislados Alt-80, Fus-389, Cylin-367 y *N. rosae*. Para Macro-378 se ajustó la concentración a 1×10^6 microesclerocios. En el caso de Phyto-2 se utilizaron esporangios a 1×10^6 y todos los tratamientos que integraban esta cepa se les saturó de agua y se conservaron durante 48 horas en esa condición, transcurrido este tiempo se mantuvieron a capacidad de campo hasta el final del experimento. Las plantas control fueron inoculadas con agua destilada estéril. El experimento se estableció bajo invernadero, manteniendo una temperatura de $25 \pm 2^\circ\text{C}$ y humedad relativa entre 75 y 88%. Todas las plantas del experimento se inspeccionaron diariamente para detectar síntomas de enfermedad.

El sustrato utilizado fue una mezcla de 50% peat moss (Premier), 25% perlita y 25% fibra de coco y se utilizaron bolsas negras maceteras de 15×25 cm (Essa et al., 2018). Se utilizó un sistema de riego por piquetas tipo “Rapier Light”, se colocó una piqueta por planta que suministraba 60 mililitros de agua por 25 minutos cada tercer día manteniendo las plantas a capacidad de campo. Se inocularon 5 hongos y un oomyceto solos y en combinaciones dando un total de 20 tratamientos, incluyendo un control sin inocular (Cuadro 1), en un diseño experimental de bloques completos al

azar con cuatro repeticiones; cada unidad experimental consistió en 10 plantas y el experimento se realizó 2 veces.

Cuadro 1.- Tratamientos aplicados (inoculación simple o en mezcla) a plántulas de fresa variedad 'Fronteras' para la evaluación de respuestas a Hongos y Oomycetos en condiciones de invernadero.

No de Tratamiento	Hongos/Oomycetos inoculados					
	<i>Alternaria</i> sp.	<i>Fusarium</i> sp.	<i>Macrophomina</i> sp.	<i>Dactylonectria</i> sp.	<i>Neopestalotiopsis rosae</i>	<i>Phytophthora</i> sp.
T1	x					
T2		x				
T3			x			
T4				x		
T5					x	
T6						x
T7	x				x	
T8		x			x	
T9				x	x	
T10			x		x	
T11					x	x
T12	x	x			x	
T13		x	x		x	
T14		x		x	x	
T15		x			x	x
T16	x	x			x	x
T17		x	x		x	x
T18		x		x	x	x
T19	x	x	x	x	x	x
T20	Agua estéril					

x: indica el hongo/oomyceto inoculado en el tratamiento correspondiente.

2.5 Variables evaluadas

La severidad de los síntomas en el área foliar de la planta de fresa con base en la escala de severidad de 0-5 (**Figura 1**) modificada de Fang et al., (2011), en la que:

0: La planta no muestra síntomas.

1: Síntomas apenas perceptibles en las partes inferiores de las hojas no más del 25% del área foliar. Puede incluir ligeros cambios en el color de las nervaduras de las hojas y cambios en las tonalidades intervenales, pero sin afectar el vigor general de la planta;

2: Síntomas que avanzaron hasta cubrir no más del 50% del área foliar de la planta, especialmente en las hojas más viejas. Las hojas pueden comenzar a mostrar signos de debilidad y un crecimiento ligeramente reducido;

3: La mayoría de las hojas con síntomas no más del 75% del área foliar. Las hojas presentan inicio de necrosis, y la planta muestra retraso en el crecimiento;

4: Presencia de hojas muertas o plantas generalmente muy pequeñas con clorosis avanzada, que afecta tanto a las hojas jóvenes como a las hojas viejas. La planta muestra un crecimiento significativamente reducido aparentando deficiencia severa de nutrientes;

5: La planta puede estar muerta o gran parte del área foliar presenta necrosis. La planta puede estar cerca del colapso, con una caída generalizada de hojas.

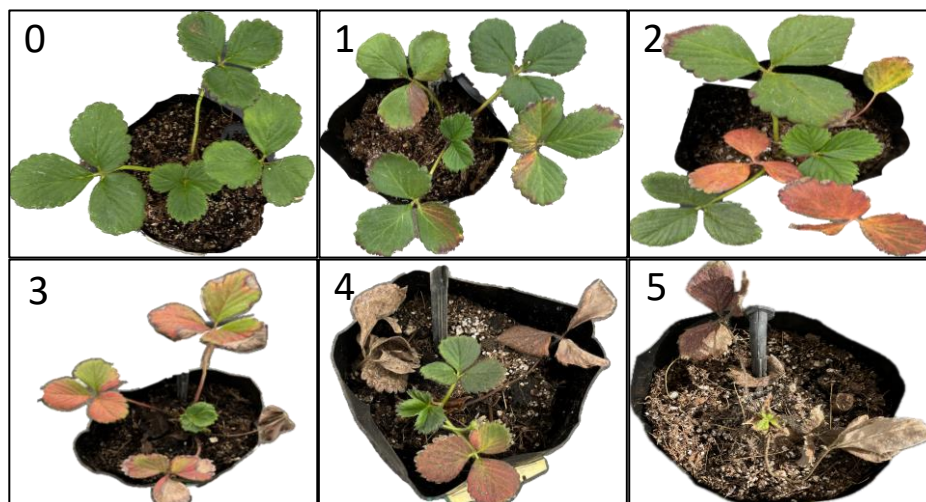


Figura 1. Escala de Severidad Modificada para la Evaluación de Síntomas en el Área Foliar de Plántulas de Fresa variedad Fronteras

La incidencia, severidad y mortalidad de las plantas se evaluó a los 7, 14, 21, 28, 35, 42 y 49 días después de la inoculación tomando como base la escala previamente descrita, incidencia (proporción de plantas sintomáticas en relación al total en la muestra) y mortalidad (proporción de plantas muertas en relación al total en la muestra) de la enfermedad en las plantas de fresa se

llevaron a cabo semanalmente, iniciando las observaciones una semana después de la inoculación y extendiéndose a lo largo de los 49 días que duró el periodo experimental.

2.6 Altura de la planta

La medición de la altura de las plantas de fresa se efectuó con el fin de documentar la tasa de crecimiento a lo largo del experimento. Para esto, se midió la altura desde la base del tallo, justo a nivel del sustrato hasta el ápice más alto de la planta. Se utilizó una regla graduada en centímetros para garantizar mediciones precisas y reproducibles. Las mediciones se realizaron cada 7 días a lo largo de los 49 días que duró el experimento.

2.7 Longitud de la raíz y severidad en corona

La medición de la longitud de raíz y la evaluación de la severidad de los síntomas en la corona se llevó a cabo al concluir el período experimental. Para evaluar el crecimiento radical, las plantas de fresa fueron cuidadosamente extraídas del sustrato en el que estaban creciendo, prestando especial atención a minimizar el daño a las raíces. Posteriormente, se eliminó el exceso de tierra adherida a las raíces mediante un suave lavado con agua corriente, una vez limpias, las raíces se extendieron sobre una superficie plana para proceder con la medición, se utilizó una regla graduada en centímetros y se midió la longitud de la raíz principal desde la base de la corona hasta la punta de la raíz más larga. Todas las medidas fueron cuidadosamente registradas en un formulario de datos, especificando la planta y la fecha en que se realizó la medición.

Al final de estudio, también se realizó la evaluación de la severidad en corona. Para ello, se seleccionaron 3 plantas representativas con el nivel de severidad más frecuente, se lavaron para remover el sustrato y mediante un procedimiento estandarizado de cada unidad experimental se cortaron longitudinalmente con un escalpelo; la severidad del daño en corona se determinó con base en la escala de la **Fig. 2**, en la que 0: corona sin síntomas aparentemente sana; 1: Se observan signos mínimos de decoloración o lesiones en menos del 25% de la corona. El daño es superficial y no parece afectar significativamente la salud general de la planta; 2: La decoloración o las lesiones afectan entre el 25% y el 50% de la corona. Hay evidencia de necrosis y posiblemente desarrollo de tejido blando y descomposición, que pueden comenzar a afectar la absorción de

nutrientes y agua; 3: La corona muestra daño severo con decoloración y necrosis que afecta entre el 50% y el 75% de su estructura. Es probable que haya una disminución significativa en la salud de la planta, con un impacto notable en el crecimiento; 4: Daños entre el 75% al 100% de la corona, presenta extensas áreas de necrosis o tejido decolorado. La planta está en un estado crítico que afecta gravemente su viabilidad con altas probabilidades de muerte.

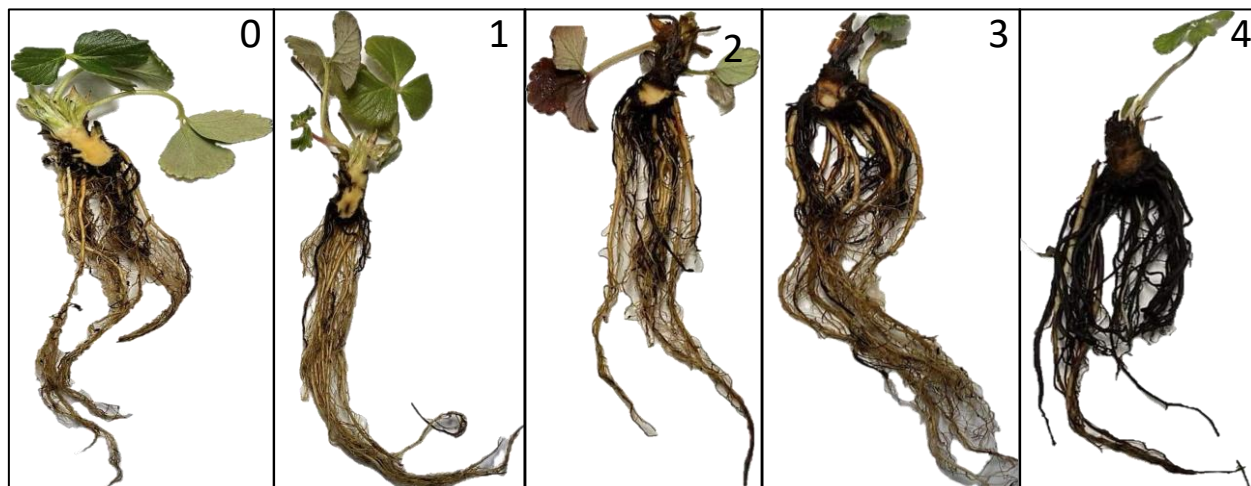


Figura 2.- Escala de severidad de 0 a 4 para evaluación de síntomas en la corona de plántulas de fresa variedad “Fronteras”.

2.8 Reaislamiento de los hongos y oomycetos inoculados en la corona

Se seleccionaron 2 plantas por cada tratamiento dentro de cada unidad experimental en cada bloque de cada uno de los ensayos experimentales, basándose en la representatividad y consistencia de los síntomas observados. Las plantas seleccionadas se desinfectaron superficial bajo campana de flujo laminar. Las coronas se pasaron por una solución de hipoclorito de sodio al 2% durante 3 minutos. Posteriormente, las muestras se enjuagaron con agua estéril para remover los residuos de hipoclorito y se dejaron secar en condiciones estériles durante 3 horas. Después del secado, se realizó un corte longitudinal de las coronas de las plantas utilizando un bisturí estéril y se extrajeron trozos de tejido enfermo del interior de la corona. Los fragmentos de tejido enfermo se sembraron en cajas Petri con PDA. Las cajas Petri ya sembradas se incubaron a temperatura ambiente durante 3 días. Tras el periodo de incubación, se seleccionaron puntas de hifa de los hongos u oomycetos

que se desarrollaron en el medio PDA. Las puntas de hifa seleccionadas se transfirieron a nuevas cajas Petri con PDA para su la posterior identificación (**Cuadro 2 y 3**).

2.9 Análisis de datos

Inicialmente, se calculó el porcentaje de severidad según la fórmula propuesta por Fang et al. (2011). Para las variables continuas primeramente se realizó una prueba de homogeneidad de varianzas y se revisaron posibles valores extremos; para las variables categóricas binarias se asumió una distribución binomial (incidencia y mortalidad) en la conducción del Análisis de varianza (ANOVA). Debido a que los datos de colectaron a diferentes tiempos a lo largo de la duración del experimento, estos se analizaron mediante un modelo de mediciones repetidas en SAS a través del procedimiento GLIMMIX de SAS asumiendo la distribución correspondiente dependiendo del tipo de variable, y también la correspondiente función vínculo. Debido a la correlación de los datos entre cada uno de los tiempos evaluados, en la conducción del análisis de mediciones repetidas, se seleccionó el mejor modelo de covarianza con el criterio de Información de Akaike. Adicionalmente, para cuantificar de forma integral el impacto de los hongos inoculados y sus combinaciones, se calculó el Área Bajo la Curva del Progreso de la Enfermedad (ABCPE) con la metodología de Integración Trapezoidal como lo indica Madden et al. (2004).

2.10 Identificación de Hongos mediante reconstrucción filogenética

2.10.1 Extracción de ADN

Los aislamientos utilizados en el experimento se sembraron en medio V-8 clarificado. Después de 7 días de incubación a temperatura ambiente, se procedió a la extracción de ADN. Utilizando una punta de micropipeta estéril, se tomó una porción de micelio y se colocó en un mortero. Se añadió 1 mL de buffer de extracción CTAB (CTAB 2%, NaCl 1.4 M, EDTA 20 mM, Tris-HCl 100 mM) a pH 8.0 (Doyle & Doyle, 1987). La mezcla de micelio y buffer se transfirió a un tubo Eppendorf y se incubó a 95 °C durante 90 minutos a baño María para facilitar la lisis celular. Posteriormente, se añadieron 700 µL de cloroformo-isoamílico y la mezcla se centrifugó a 11,500 g durante 10 minutos para separar las fases. Se realizó un lavado adicional con 500 µL de cloroformo-isoamílico.

El sobrenadante se transfirió a un nuevo tubo Eppendorf y se añadieron 0.6 volúmenes de isopropanol y 0.1 volúmenes de acetato de sodio 3 M para precipitar los ácidos nucleicos. Esta mezcla se incubó durante una hora a -20°C . Finalizado este tiempo, se centrifugó a 11,500 g durante 30 minutos para obtener el micro-pellet. El micro-pellet se lavó dos veces con 600 μL de isopropanol al 70% y posteriormente se secó al vacío en una campana de flujo laminar eliminando cualquier residuo de solvente y preparando el ADN para su almacenamiento o análisis posterior.

2.10.2 PCR, secuenciación y análisis filogenético

La PCR se realizó con los iniciadores ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') /ITS4 (5'-TCCTCCGCTTA TTGATATGC-3') (White et al., 1990) La mezcla de reacción se preparó en un volumen final de 15 μL que contenía 7.86 μL de agua HPLC, 3 μL de buffer de PCR 5 $\times$, 0.6 μL de dNTPs (20 μM de cada uno), 0.18 μL de cada primer (10 μM) (SIGMA, EE.UU.), 3 μL de DNA genómico (20 ng) y 0.18 μL (2U) de GoTaq DNA polimerasa (Promega, EE.UU.). Los tubos se colocaron en un termociclador C1000 Touch (BioRad, EE. UU.) con un programa de desnaturalización inicial a 95°C durante 4 min, seguida de 35 ciclos a 95°C durante 1 min, 58°C durante 1 min y 72°C durante 2 min y un paso final a 72°C durante 10 min. Las amplificaciones se verificaron mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1.5% y se corrieron a 88 voltios durante 1.5 h, posteriormente se tiñeron con GelRed 10.000 $\times$ (Biotium, EE.UU.) Los geles se visualizaron en un transiluminador Infinity-3026 WL / LC / 26MX (Vilber Lourmat, Alemania). Los amplicones se limpiaron con la enzima ExoSAP-IT (Affymetrix, Thermo Fisher Scientific; Waltham, MA, EE.UU.) de acuerdo con las instrucciones del fabricante y se enviaron para secuenciación a la compañía MacroGen Inc. (Korea)

Las secuencias de DNA se ensamblaron con el software BioEdit (Sequence Alignment Editor v 7.0.5) (Hall, 1999) para obtener la secuencia consenso. Para el análisis filogenético, se utilizaron secuencias de la región correspondiente al espacio transcrito interno (ITS) del rDNA. La construcción del árbol filogenético se realizó mediante inferencia Bayesiana (BI) usando el software MrBayes v 3.2.1 (Ronquist et al., 2012). Se llevaron a cabo cuatro ejecuciones independientes de cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC) durante 1.5 millones de generaciones, tomando muestras de árboles cada 1000 generaciones. Para asegurar la convergencia y la

representatividad de los resultados, se descartó el 25% de los árboles como 'burn-in'. Los árboles restantes se utilizaron para calcular la probabilidad posterior (PP), proporcionando una medida de la credibilidad de las relaciones filogenéticas inferidas.

3 RESULTADOS

3.1 Identificación de los hongos inoculados

Los patógenos se identificaron mediante la secuencia de la región del ITS que fueron comparadas con las secuencias disponibles en la base de datos de nucleótidos de NCBI. Una vez ingresadas las secuencias, BLAST alineó estas secuencias con las de su base de datos, identificando regiones de máxima similitud. Entre los aislamientos, se confirmó la presencia de *Alternaria burnsii*, *Dactylonectria pauciseptata* y *Macrophomina phaseolina* para los aislados Alt-80, Cylin-367 y Macro-378 respectivamente. Los resultados se presentan en un formato que incluye el porcentaje de identidad, la puntuación del alineamiento, y la significancia estadística de la coincidencia, conocida como valor E. Este valor indica la probabilidad de que la coincidencia haya ocurrido por azar, siendo valores más bajos indicativos de una mayor relevancia biológica. Sin embargo, los datos obtenidos pueden complementarse con análisis filogenéticos y estudios morfológicos para una identificación exhaustiva y precisa del patógeno.

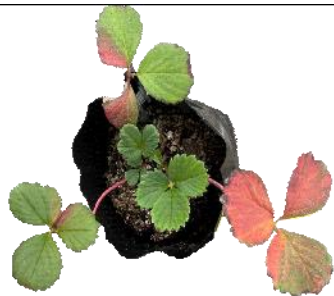
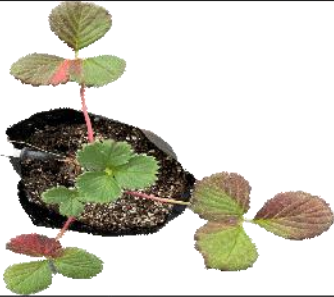
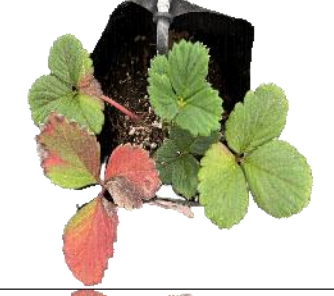
3.2 Descripción del progreso de síntomas de cada uno de los patógenos inoculados

En general a los 28 días después de la inoculación, se observó que todos los tratamientos incluidos los individuales y los combinados con los hongos y oomycetos resultaron en algún grado de daño tanto en las hojas como en la corona de las plantas de fresa (**Figura 3**).

Figura 3.- Progreso de los síntomas foliares y corona por cada patógeno inoculado o coinoculado a los 28 días después de la inoculación.

Lista de Tratamientos	Hongos/Oomycetos Inoculados	Síntomas típicos foliares	Síntomas en corona
1	<i>Alternaria</i> sp.		
2	<i>Fusarium</i> sp.		
3	<i>Macrophomina</i> sp.		
4	<i>Dactylonectria</i> sp.		
5	<i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
6	<i>Phytophthora</i> sp.		
7	<i>Alternaria</i> sp.+ <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		

8	<i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
9	<i>Dactylonectria</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
10	<i>Macrophomina</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
11	<i>Phytophthora</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
12	<i>Alternaria</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis</i> <i>rosae</i>		
13	<i>Macrophomina</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
14	<i>Dactylonectria</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		

15	<i>Phytophthora</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i>		
16	<i>Alternaria</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i> + <i>Phytophthora</i> sp.		
17	<i>Macrophomina</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i> + <i>Phytophthora</i> sp.		
18	<i>Dactylonectria</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i> + <i>Phytophthora</i> sp.		
19	<i>Alternaria</i> sp. + <i>Fusarium</i> sp. + <i>Macrophomina</i> sp. + <i>Dactylonectria</i> sp. + <i>Neopestalotiopsis rosae</i> + <i>Phytophthora</i> sp.		
20*	<i>Agua estéril</i>		

3.2.1 Descripción de la evolución de los síntomas

Tratamiento 1

Los síntomas iniciales se presentaron a los 9 días después de la inoculación (ddi), se observaron manchas amarillentas en las hojas inferiores. De los 14 a los 35 ddi, las manchas cloróticas se expandieron y desarrollaron áreas color púrpura y rojo. Hacia los 49 ddi, las hojas presentaron necrosis y se volvieron completamente secas y quebradizas, además, se observó el colapso de los tallos y la decoloración en la base de la planta.

Tratamiento 2

La presencia de los primeros síntomas fue a los 12 días después de la inoculación (ddi), inicialmente se observaron amarillamientos en las hojas más viejas. A partir de los 21 ddi, las hojas presentaron clorosis. No se observaron manchas necróticas ni coloraciones rojizas, solo una progresiva decoloración y sequedad.

Tratamiento 3

A partir de los 4 días después de la inoculación (ddi), las plantas de fresa comenzaron a mostrar los primeros síntomas de la enfermedad. Inicialmente, se observaron áreas rojizas y cloróticas en las hojas más viejas. Desde los 7 a los 28 ddi, las manchas rojizas y cloróticas se hicieron más pronunciadas y comenzaron a afectar una mayor superficie de las hojas. A los 35 ddi, la coloración rojiza se intensificó y algunas hojas mostraron necrosis parcial o total que inicio en los laterales inferiores.

Tratamiento 4

Los primeros síntomas se presentaron a los 9 días después de la inoculación (ddi), se observaron pequeñas áreas cloróticas y una leve decoloración rojiza en los bordes inferiores de las hojas más viejas. A los 14 ddi, las manchas cloróticas y rojizas se hicieron más pronunciadas y comenzaron a afectar una mayor superficie de las hojas. Hacia los 35 ddi, la coloración rojiza se intensificó y aparecieron las primeras áreas necróticas que al coalescer en el avance de la enfermedad resultaron en hojas parcial o totalmente necrosadas.

Tratamiento 5

A partir de los 8 días después de la inoculación (ddi), las plantas de fresa comenzaron a mostrar los primeros síntomas de la enfermedad. Inicialmente, se observaron pequeñas áreas cloróticas en los bordes inferiores de las hojas más viejas. A los 14 ddi, las áreas cloróticas se hicieron más pronunciadas y comenzaron a mostrar una coloración rojiza. A los 28 ddi, la coloración rojiza se intensificó, afectando gran parte de las hojas. A los 35 ddi, se observó una disminución significativa en el vigor de la planta debido a la presencia de hojas parcial o totalmente necrosadas.

Tratamiento 6

Las plantas de fresa comenzaron a mostrar los primeros síntomas de la enfermedad a los 15 días después de la inoculación (ddi). Inicialmente, se observaron pequeñas áreas cloróticas en los bordes inferiores de las hojas más viejas. A los 28 ddi, las áreas cloróticas se hicieron más pronunciadas y comenzaron a afectar una mayor superficie de las hojas y comenzaron a mostrar un aspecto más frágil y delgado. A los 35 ddi, se observó una disminución significativa en el vigor de la planta y algunas plantas muertas.

Tratamiento 7

A los 4 días después de la inoculación (ddi), se observó un cambio de color en los bordes de las hojas, presentando una coloración rojiza y púrpura, principalmente en las hojas más viejas. A los 14 ddi, la coloración rojiza y púrpura se intensificó y se extendió hacia el centro de las hojas. A los 28 ddi, las hojas mostraron una ligera necrosis. También se observó un retraso en el crecimiento general de la planta, con nuevas hojas emergiendo más pequeñas y con un desarrollo más lento. A los 35 ddi, Algunas plantas murieron y en otras las hojas nuevas también mostraron signos de infección.

Tratamiento 8

A los 7 días después de la inoculación (ddi), se observaron pequeñas manchas cloróticas en los bordes inferiores de las hojas. A los 14 ddi, las pequeñas manchas cloróticas se tornaron en una tonalidad rojiza en los bordes inferiores de las hojas. En este punto las hojas muestran una mezcla de áreas verdes saludables y zonas afectadas. De los 35 a los 49 ddi, la coloración rojiza se intensifica y afecta una porción significativa de las hojas comenzando en algunas con áreas necróticas en los bordes y otras una necrosis total.

Tratamiento 9

A los 7 días después de la inoculación (ddi), las hojas presentan un ligero amarillamiento en los márgenes inferiores. De los 14 a los 28 ddi, las tonalidades amarillas y rojizas se extendieron hacia el centro de las hojas. De los 35 a los 49 ddi, las hojas se volvieron rojizas y la necrosis fue evidente en los bordes de las hojas. La planta mostró una disminución en el vigor general y pérdida de hojas. Las hojas nuevas también presentaron signos de infección desde una etapa temprana.

Tratamiento 10

A partir de los 4 días después de la inoculación (ddi), las hojas mostraron un amarillamiento intervenal, comenzando en los márgenes y avanzando hacia el centro de la hoja. A los 14 ddi, las hojas presentaron coloraciones rojizas y purpuras que variaban en tonos. A medida que la enfermedad progresó entre los 28 a los 42 ddi, las hojas presentaron una necrosis que se extendió y las hojas afectadas murieron, resultando en una pérdida significativa del área foliar.

Tratamiento 11

A los 8 días después de la inoculación (ddi), las plantas de fresa mostraron la aparición de manchas amarillas y manchas rojizas en los bordes inferiores de las hojas jóvenes. A los 14 ddi, las manchas rojizas se tornaron a un rojizo oscuro y extendieron hacia el centro de la hoja. De los 14 a los 35 ddi, las coloraciones rojizas evolucionaron a necrosis en los bordes de las hojas, que al avanzar coalescieron y formaron áreas necróticas extensas. Hasta los 49 ddi, las hojas más gravemente afectadas comenzaron a morir y a caer. La planta muestra un crecimiento limitado y pocas hojas sanas.

Tratamiento 12

A los 5 días después de la inoculación (ddi), las hojas más viejas mostraron una coloración amarilla en el borde inferior de la hoja que progresó hacia tonos rojizos y marrones. A los 14 ddi, las coloraciones rojizas marrones avanzaron hasta cubrir gran parte de las hojas y a extenderse a las hojas más jóvenes. De los 35 a los 49 ddi, las hojas afectadas presentaron áreas necrosadas y secas que acompañaban a zonas de tejido aún verde. Algunas plantas mostraron una reducción significativa en el vigor, con un menor desarrollo de nuevas hojas.

Tratamiento 13

A los 3 días después de la inoculación (ddi), las hojas presentaron tonalidades amarillentas y rojas en los bordes inferiores. Estas coloraciones se observaron principalmente en las hojas más viejas. De los 7 a los 28 ddi, las coloraciones amarillentas y rojizas progresaron hacia el centro de las hojas hasta cubrirlas por completo, las hojas comenzaron a exhibir necrosis marginal. Hacia los 35 ddi, las necrosis que se presentaron en los bordes avanzaron hasta coalescer dando como resultado hojas parcial y totalmente necrosadas.

Tratamiento 14

Los primeros síntomas se presentaron a los 7 días después de la inoculación (ddi), las hojas inicialmente presentaron coloraciones amarillentas y rojizas en los bordes inferiores de las hojas, estas coloraciones evolucionaron a tonos rojo-marrón y avanzaron desde los márgenes de las hojas hacia el centro. De los 28 a los 35 ddi, las hojas afectadas exhibieron áreas necróticas que en algunos casos llevó a la muerte del tejido foliar. Hasta los 49 ddi, las plantas mostraron una reducción en el crecimiento y desarrollo de nuevas hojas.

Tratamiento 15

A partir de los 7 a los 28 días después de la inoculación (ddi), las hojas mostraron un cambio de color comenzando con una clorosis leve que comenzó desde los márgenes hacia el centro de las hojas principalmente en las hojas más viejas. Estos síntomas iniciales se intensificaron con el tiempo, desarrollando una coloración rojiza y necrosis que comenzó en los bordes de las áreas más afectadas. Hacia los 35 a 49 ddi, se observó una reducción en el tamaño de las hojas nuevas, además, la severidad de la necrosis se incrementó, presentando hojas completamente muertas.

Tratamiento 16

Los síntomas iniciales aparecieron a los 7 días después de la inoculación (ddi), se observaron manchas pequeñas rojizas en los bordes inferiores de las hojas más viejas. Hacia los 21 ddi, las manchas en los bordes de la hoja se tornaron a colores marrones más oscuros y se expandieron hacia el centro de la hoja. A los 28 ddi, las áreas afectadas con las coloraciones marrones comenzaron a mostrar zonas necróticas. De los 35 a los 49 ddi, las hojas exhibieron necrosis en una mayor porción de su superficie y provocó muerte parcial o total de las hojas.

Tratamiento 17

El inicio de los síntomas comenzó a los 4 días después de la inoculación (ddi), se observaron zonas de coloraciones rojizas en los bordes inferiores de las hojas más viejas. A los 7 ddi, estos síntomas en los márgenes de las hojas progresaron hacia el centro de las hojas. De los 14 a los 35 ddi, el avance del síntoma se manifestó en un color uniforme rojizo y una textura quebradiza, además se observó el inicio de áreas necróticas que se extendieron desde los bordes hacia el centro de la hoja, las hojas afectadas presentaron muerte.

Tratamiento 18

Los síntomas iniciales se presentaron a los 5 días después de la inoculación (ddi), las hojas presentaron manchas inicialmente de color amarillo, púrpura o rojo que empezaron en los márgenes inferiores. Hacia los 14 ddi, estas manchas se tornaron hacia el color rojo y se extendieron hacia el interior del área foliar. A los 28 ddi, las hojas que presentaron coloraciones rojizas generalizadas comenzaron a necrosarse a partir de los bordes laterales. A los 35 ddi, las zonas necróticas en las hojas aumentaron en tamaño y se fusionaron, afectando una mayor área foliar secándolas parcial o totalmente.

Tratamiento 19

El primer síntoma se presentó a los 3 días después de la inoculación (ddi), los síntomas aparecieron como manchas rojizas y amarillentas en los laterales inferiores de las hojas más viejas. A los 7 días ddi, los síntomas se extendieron progresivamente hacia el centro de las hojas, causando un enrojecimiento. Hacia los 14 ddi, las hojas mostraron una coloración marrón en los laterales, indicando el inicio de necrosis foliar. A partir de los 21 ddi, las áreas necróticas gradualmente se expandieron y se fusionaron, cubriendo la mayor parte del tejido foliar.

3.3 Reaislamiento de los patógenos en cada uno de los tratamientos

Los **Cuadros 2 y 3**, se presentan los resultados del reaislamiento de hongos y oomicetos inoculados en la corona de plantas de fresa variedad 'Fronteras' en condiciones de invernadero, correspondientes a los bloques 1 y 3 del experimento 1 y 2 respectivamente. Los hongos y

oomycetos en los tratamientos 1, 2, 3, 4, 5 y 6 que se aplicaron solos , se lograron aislar sin problema, pero de manera general en ambos ensayos los tratamientos en mezcla como lo fueron el 10, 13, 17, 19 se logró aislar en todos los casos a *Macrophomina* y *Neopestalotiopsis*, observándose que *Macrophomina* suprimía el crecimiento de los hongos en coinoculación incluso de *Neopestalotiopsis* ya que este último se logró observar desarrollandose de una mejor manera en los tratamientos que no incluyeron a *Macrophomina* tales como el 7, 8, 9, 16, 18 (**Anexo 1**).

Cuadro 2.- Reaislamiento de hongos/oomycetos inoculados en corona (Bloque 1, Experimento 1).

Hongo inoculado o co-inoculado								Observaciones		
Tratamiento	Planta	<i>Alternaria sp.</i>	<i>Fusarium sp.</i>	<i>Macrophomina sp.</i>	<i>Dactylonectria sp.</i>	<i>Phytophthora sp.</i>	<i>Neopestalotiopsis rosae</i>			
BIT1	5	x						Solo se presentó <i>Alternaria</i> .		
	6	x								
BIT2	3		x					Solo se presentó <i>Fusarium</i> .		
	8		x							
BIT3	4			x				Solo se presentó <i>Macrophomina</i> .		
	9			x						
BIT4	1				x			Solo se presentó <i>Dactylonectria</i> . Se observó que la cepa de <i>Fusarium</i> se desarrolló hasta cubrir parcialmente la cepa de <i>Dactylonectria</i> .		
	4		x		x					
BIT5	4						x	Solo se presentó <i>Neopestalotiopsis</i> .		
	7						x			
BIT6	2					x		Solo se presentó <i>Phytophthora</i> . Además de <i>Phytophthora</i> se presentó <i>Fusarium</i> .		
	8		x			x				
BIT7	3	x					x	<i>Alternaria</i> se limitó a pequeñas colonias dentro de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .		
	6	x					x			
BIT8	5		x				x	<i>Fusarium</i> se limitó a una pequeña colonia sobre una de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .		
	8		x				x			

B1T9	2				x	Solo se presentó <i>Neopestalotiopsis</i> .
	7			x	x	<i>Dactylonectria</i> se limitó a una pequeña colonia dentro del crecimiento de <i>N. rosae</i>
B1T10	2			x	x	El desarrollo de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> quedó limitado a pequeñas colonias, por el desarrollo de <i>Macrophomina</i> que invadió todos los espacios.
	3			x	x	
B1T11	1				x	<i>Phytophthora</i> se limitó a una pequeña colonia dentro del crecimiento de <i>N. rosae</i>
	10				x	
B1T12	1	x	x		x	<i>Alternaria</i> y <i>Fusarium</i> se limitaron a pequeñas colonias en el centro del crecimiento de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	4	x	x		x	
B1T13	4		x	x	x	<i>Macrophomina</i> presentó mayor desarrollo que las cepas presentes de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Fusarium</i> se presentó de manera aislada y casi indiferenciada entre una colonia de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	9		x		x	<i>Fusarium</i> creció junto con una cepa de <i>Neopestalotiopsis</i> las cuales se vieron limitadas por <i>Macrophomina</i> en su crecimiento.
	2		x		x	<i>Fusarium</i> y <i>Dactylonectria</i> fueron casi indiferenciadas y se limitaron a una pequeña colonia dentro de una de
B1T14	10		x		x	
				x		

						las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .
B1T15	4		x		x	<i>Fusarium</i> creció como pequeñas áreas dentro de las colonias de <i>Neopestalotiopsis</i> . No se apreció a <i>Phytophthora</i> .
	10		x		x	
B1T16	2	x	x		x	Las colonias de <i>Alternaria</i> y <i>Fusarium</i> se limitaron a pequeñas colonias casi indiferenciadas una de otra, las crecieron en el centro de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	8	x	x			
B1T17	5		x	x		<i>Fusarium</i> creció como pequeñas áreas dentro de las colonias de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Macrophomina</i> creció entre los espacios de las cepas presentes de <i>Neopestalotiopsis</i> limitando su crecimiento. No se apreció <i>Phytophthora</i> .
	3		x	x		
B1T18	5		x		x	<i>Fusarium</i> y <i>Dactylonectria</i> fueron casi indiferenciadas y se limitaron a pequeñas colonias dentro de una de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	10		x		x	
B1T19	3	x	x	x		<i>Macrophomina</i> presentó mayor desarrollo que la cepa presente de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Alternaria</i> se limitó a un pequeño crecimiento que fue invadido por <i>Macrophomina</i> . <i>Dactylonectria</i> y <i>Phytophthora</i> no se presentaron.

								<i>Fusarium</i> se limitó a pequeñas colonias en el centro de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Macrophomina</i> creció entre los espacios del crecimiento de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Alternaria</i> creció como una pequeña porción junto con una cepa de <i>Neopestalotiopsis</i> . <i>Dactylonectria</i> y <i>Phytophthora</i> no se presentaron.
	7	x	x	x			x	
B1T20	5							No se observaron hongos u oomycetos
	8							

Cuadro 3.- Reaislamiento de hongos/oomycetos inoculados en corona (Bloque 3, Experimento 2).

Hongo inoculado o co-inoculado								Observaciones
Tratamiento	Planta	<i>Alternaria</i> sp.	<i>Fusarium</i> sp.	<i>Macrophomina</i> sp.	<i>Dactylonectria</i> sp.	<i>Phytophthora</i> sp.	<i>Neopestalotiopsis</i> rosae.	
B3T1	10	x						Solo se presentó <i>Alternaria</i> .
	3	x						
B3T2	6		x					Solo se aisló <i>Fusarium</i> .
	10		x					
B3T3	3			x				Solo se aisló a <i>Macrophomina</i> .
	8			x				
B3T4	4				x			Solo se aisló a <i>Dactylonectria</i> .
	10				x			
B3T5	3		x				x	Solo se aisló a <i>Neopestalotiopsis</i> .
	4						x	
B3T6	3					x		Solo se aisló a <i>Phytophthora</i> .
	9					x		
B3T7	6						x	Se aisló solo a <i>Neopestalotiosis</i> . No hubo otro hongo presente.
	7						x	

B3T8	5		x		x	<i>Fusarium</i> se limitó a pequeños crecimientos sobre una colonia de <i>Neopestalotiopsis</i>
	10		x		x	
B3T9	1				x	Solo se aisló <i>Neopestalotiopsis</i> , no se aisló a <i>Dactylonectria</i> .
	9				x	
B3T10	1			x	x	El desarrollo de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> quedó limitado a pequeñas colonias debido al desarrollo de <i>Macrophomina</i> que invadió todos los espacios.
	5			x	x	
B3T11	4				x	Solo se presentó <i>Neopestalotiopsis</i> .
	8				x	
B3T12	3	x	x		x	Se observó la presencia de <i>Alternaria</i> , <i>Fusarium</i> y <i>Neopestalotiopsis</i> . El crecimiento de <i>Fusarium</i> fue suprimido por <i>Neopestalotiopsis</i> lo que lo limitó a una pequeña porción de la caja.
	9	x	x		x	
B3T13	7			x	x	Se presentó a <i>Neopestalotiopsis</i> y <i>Macrophomina</i> .
	2			x	x	
B3T14	5		x		x	<i>Fusarium</i> y <i>Dactylonectria</i> se presentaron contenidas en una pequeña porción dentro de una colonia de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	10		x		x	
B3T15	1				x	Solo se aisló a <i>Neopestalotiopsis</i> .
	6				x	
B3T16	2	x	x		x	

	5	x	x		x	x	<i>Alternaria</i> y <i>Fusarium</i> lograron observarse, sin embargo, se limitaron a pequeñas áreas dentro de las colonias de <i>Neopestalotiopsis</i> .
B3T17	2		x	x	x	x	<i>Alternaria</i> creció sobre una colonia de <i>Macrophomina</i> , desarrollándose medianamente bien y <i>Fusarium</i> creció sobre <i>Neopestalotiopsis</i> en un área pequeña en el centro de la colonia de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	6		x	x		x	
B3T18	2		x		x	x	<i>Fusarium</i> y <i>Dactylonectria</i> fueron casi indiferenciadas y se limitaron a pequeños crecimientos dentro de una de las cepas de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	10		x		x	x	
B3T19	5	x	x	x	x	x	<i>Macrophomina</i> presentó mayor desarrollo que la cepa presente de <i>Neopestalotiopsis</i> .
	10	x	x	x	x	x	<i>Alternaria</i> y <i>Fusarium</i> se limitaron a pequeños crecimientos que fueron invadidos por <i>Macrophomina</i> . <i>Dactylonectria</i> y <i>Phytophthora</i> no se presentaron
B3T20	5 9						No se observaron hongos u oomycetos

3.4 Progreso de la enfermedad

El análisis de los datos que arrojan las curvas del progreso de la incidencia, severidad y mortalidad por tratamiento de los 7 a los 49 días después de la inoculación en plantas de fresa muestran que los tratamientos 7, 10, 13 y 19 presentan una incidencia drástica y constante de la enfermedad, alcanzando el 100% de incidencia en un breve periodo y manteniéndose en este nivel desde los 21 hasta los 49 días después de la inoculación (DDI). En cuanto a la severidad, los tratamientos 3, 7, 10 y 19 muestran un incremento acelerado y continuo en la severidad de los síntomas, reflejando una progresión significativa del daño en las plantas. Este progreso acelerado de la severidad subraya la virulencia de los patógenos involucrados. Por último, los tratamientos 7, 10, 12 y 19 se destacan por presentar los mayores porcentajes de mortalidad a lo largo del periodo de estudio, con el tratamiento 12 mostrando una mortalidad extremadamente alta al final del periodo experimental (Figura 4, 5 y 6).

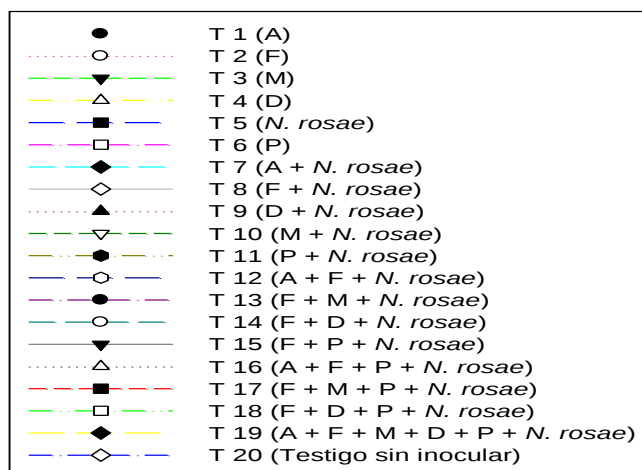
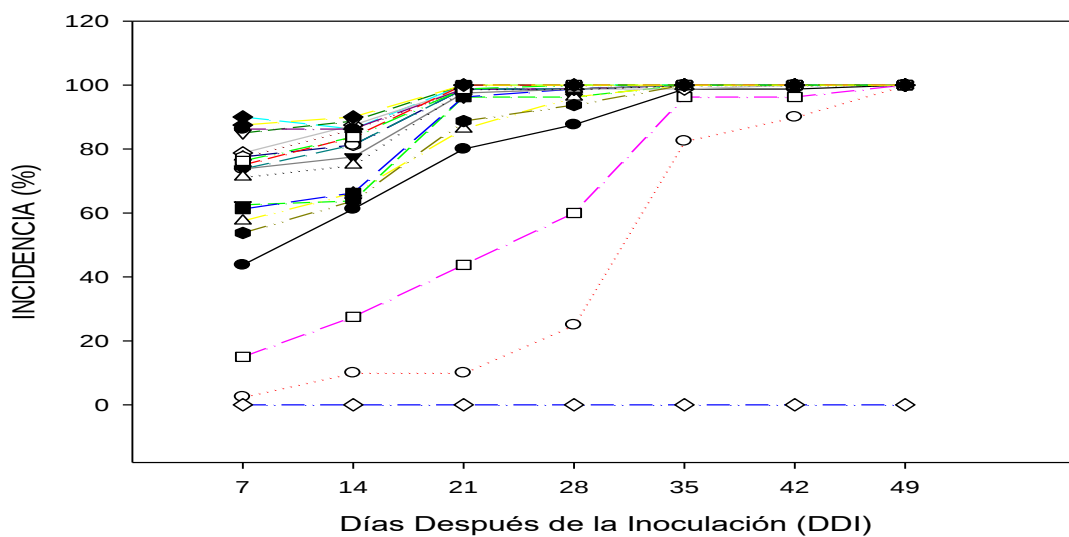


Figura 4.- Progreso de la Incidencia a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- *Alternaria*, F.- *Fusarium*, M.- *Macrophomina*, N.- *Neopestalotiopsis*, P.- *Phytophthora*.

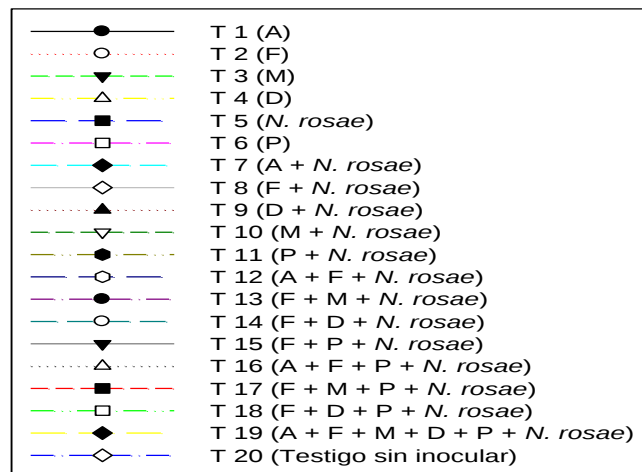
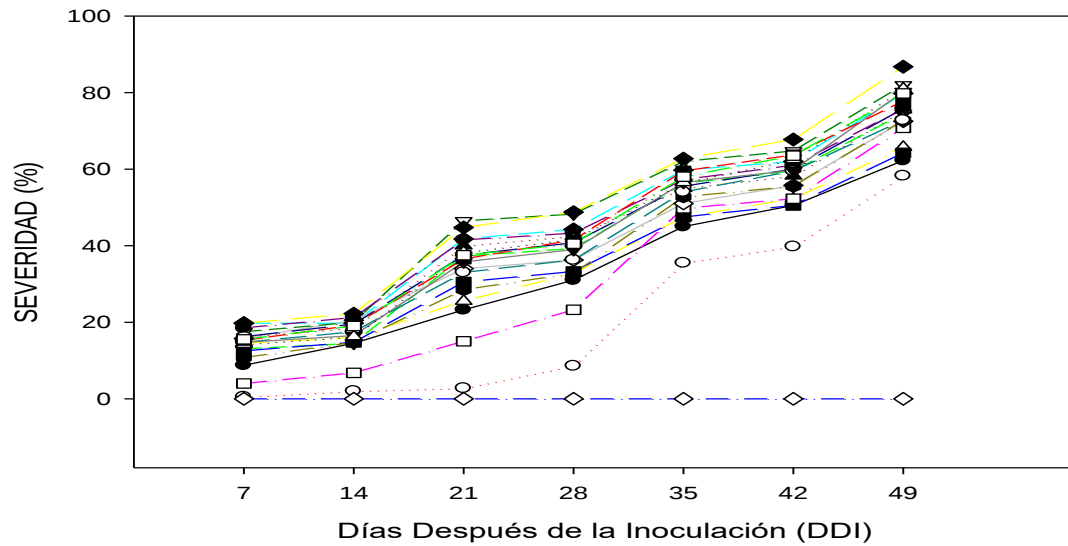


Figura 5.- Progreso de la Severidad a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- *Alternaria*, F.- *Fusarium*, M.- *Macrophomina*, N.- *Neopestalotiopsis*, P.- *Phytophthora*.

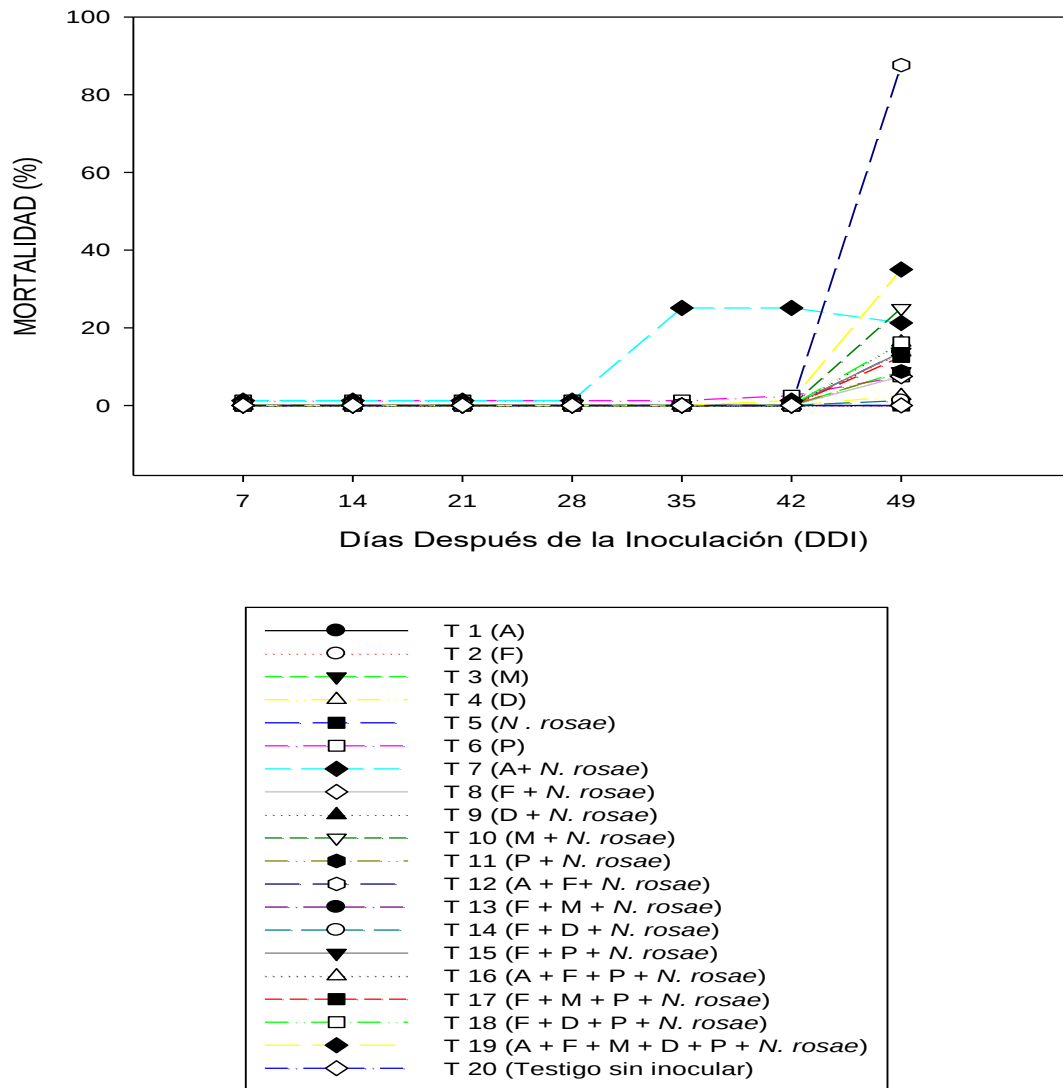


Figura 6.- Progreso de la Mortalidad a partir de los 7 hasta los 49 días después de la inoculación. A.- *Alternaria*, F.- *Fusarium*, M.- *Macrophomina*, D.- *Dactylonectria*, N.- *Neopestalotiopsis*, P.- *Phytophthora*.

3.5 Área Bajo la Curva del Progreso de la Enfermedad

El análisis de varianza (ANOVA) mostró que los tratamientos tuvieron un impacto significativo en la incidencia, severidad y mortalidad de la enfermedad. Sin embargo, las pruebas adicionales (pruebas post-hoc de Tukey) no encontraron diferencias significativas entre los pares de tratamientos específicos ($P > 0.05$). Esto significa que, aunque hubo diferencias importantes entre los tratamientos en general, las comparaciones entre tratamientos individuales no fueron estadísticamente significativas (**Cuadro 4**). De manera general los tratamientos 7, 10, 13 y 19 destacaron al mostrar las tasas más altas de incidencia, severidad y mortalidad. Estos tratamientos demostraron ser especialmente agresivos, causando infecciones y síntomas severos en las plantas de fresa. En particular, el tratamiento 19 presentó la mayor severidad (20.96, agrupado en "A"), mientras que los tratamientos 7 y también el 19 muestran las tasas de mortalidad más altas (1.4042 y 1.3167 respectivamente, agrupados en "A"). En contraste, los tratamientos 1, 2 y 6 mostraron las tasas más bajas de incidencia, severidad y mortalidad. Los tratamientos 3, 9, 11, 12, 13, 15, 16, 17 y 18 agrupados en "BCD" y "CD" tuvieron incidencias y severidades moderadas, con mortalidades en rangos medios, indicando un impacto moderado en el desarrollo de la planta. El tratamiento 20 sugiere que las plantas no desarrollaron infecciones ni síntomas confirmando la importancia de la inoculación en el desarrollo de la enfermedad.

Cuadro 4.- Valores de los promedios del área bajo la curva del progreso de la enfermedad y las variaciones de las medidas para la incidencia, severidad y mortalidad por tratamiento inoculado en plantas de fresa variedad "Fronteras".

TRA T	INCIDENC IA (ABCPE ± ES)	Agrupamien to (Tukey)	SEVERIDA D (ABCPE ± ES)	Agrupamien to (Tukey)	MORTALID AD (ABCPE ± ES)	Agrupamien to (Tukey)
1	34.87 ± 0.86	F	13.98 ± 0.53	IH	0.0042 ± 0.21	D
2	18.81 ± 0.86	H	8.23 ± 0.53	J	0.0042 ± 0.21	D
3	37.62 ± 0.86	CDE	17.53 ± 0.53	ED	0.3104 ± 0.21	BCD
4	36.92 ± 0.86	DEF	14.99 ± 0.53	GH	0.0917 ± 0.21	D
5	37.93 ± 0.86	BCDE	15.04 ± 0.53	GH	0.0042 ± 0.21	D
6	26.69 ± 0.86	G	12.91 ± 0.53	I	0.8355 ± 0.21	ABC
7	40.69 ± 0.86	A	19.41 ± 0.53	BC	1.4042 ± 0.21	A

8	40.12 ± 0.86	AB	16.91 ± 0.53	EF	0.2667 ± 0.21	CD
9	40.07 ± 0.86	AB	18.21 ± 0.53	CDE	0.4854 ± 0.21	BCD
10	40.69 ± 0.86	A	20.39 ± 0.53	AB	0.8792 ± 0.21	AB
11	36.62 ± 0.86	EF	15.82 ± 0.53	FG	0.3104 ± 0.21	BCD
12	39.72 ± 0.86	ABC	18.15 ± 0.53	CDE	0.3104 ± 0.21	BCD
13	40.38 ± 0.86	A	19.00 ± 0.53	BCD	0.4854 ± 0.21	BCD
14	39.59 ± 0.86	ABC	17.08 ± 0.53	EF	0.0479 ± 0.21	D
15	39.24 ± 0.86	ABCD	17.85 ± 0.53	DE	0.4855 ± 0.21	BCD
16	39.07 ± 0.86	ABCD	18.40 ± 0.53	CDE	0.5729 ± 0.21	BCD
17	39.99 ± 0.86	ABC	18.63 ± 0.53	CD	0.4417 ± 0.21	BCD
18	39.94 ± 0.86	ABC	18.69 ± 0.53	CD	0.5729 ± 0.21	BCD
19	40.77 ± 0.86	A	20.96 ± 0.53	A	1.3167 ± 0.21	A
20	0.87 ± 0.86	I	0.28 ± 0.53	K	0.0042 ± 0.21	D

¹ ABCPE = AREA BAJO LA CURVA DEL PROGRESO DE LA ENFERMEDAD; ES= Error Estándar

3.6 Efecto de la inoculación y coinoculación de hongos y oomycetos en la altura, longitud de raíz, peso fresco y pesos seco.

Se observa que los tratamientos 7, 9, 10, 13, 17 y 19 impactaron negativamente el desarrollo de las plantas de fresa de varias maneras. Estas plantas mostraron una disminución notable en altura, ubicándose en los agrupamientos más bajos (H, GH y FGH). Además, presentaron los pesos frescos más bajos, clasificados en el agrupamiento E, y los pesos secos más bajos, ubicados en el agrupamiento G. Asimismo, las longitudes de raíz de estas plantas fueron significativamente reducidas, colocándose en los agrupamientos GH y H. En conjunto, estos resultados indican que los tratamientos mencionados restringieron de manera considerable el crecimiento y la acumulación de biomasa en las plantas de fresa, afectando negativamente su desarrollo general en comparación con los tratamientos de un solo patógeno (**Cuadro 5**).

Cuadro 5.- Valores de los promedios y las variaciones de las medias para la altura, longitud de raíz, peso fresco y peso seco por tratamiento inoculado en plantas de fresa variedad "Fronteras".

TRAT	ALTURA FINAL (Media $\pm$ ES ¹)	Agrup ² (Tukey)	LONGITUD DE RAIZ (Media $\pm$ ES)	Agrup (Tukey)	PESO FRESCO (Media $\pm$ ES)	Agrup (Tukey)	PESO SECO (Media $\pm$ ES)	Agrup (Tukey)
1	7.63 $\pm$ 0.32	ABCD	15.15 $\pm$ 0.65	BC	13.74 $\pm$ 1.55	BC	1.90 $\pm$ 0.1	BC
2	8.72 $\pm$ 0.32	A	15.95 $\pm$ 0.65	B	14.98 $\pm$ 1.55	A	2.10 $\pm$ 0.1	B
3	6.60 $\pm$ 0.32	BCDEF	13.08 $\pm$ 0.65	BCDEF	11.01 $\pm$ 1.55	CDE	1.57 $\pm$ 0.1	BCDEF
4	8.12 $\pm$ 0.32	AB	14.37 $\pm$ 0.65	BCD	12.03 $\pm$ 1.55	BCD	1.76 $\pm$ 0.1	BCD
5	6.49 $\pm$ 0.32	BCDEF	13.99 $\pm$ 0.65	BCDE	10.96 $\pm$ 1.55	CDE	1.60 $\pm$ 0.1	BCDE
6	6.85 $\pm$ 0.32	BCDE	13.01 $\pm$ 0.65	CDEF	11.01 $\pm$ 1.55	CDE	1.74 $\pm$ 0.1	CDEFG
7	5.13 $\pm$ 0.32	FGH	11.53 $\pm$ 0.65	DEFGH	8.49 $\pm$ 1.55	E	1.11 $\pm$ 0.1	FG
8	6.17 $\pm$ 0.32	DEFG	11.01 $\pm$ 0.65	FGH	9.56 $\pm$ 1.55	DE	1.30 $\pm$ 0.1	DEFG
9	4.39 $\pm$ 0.32	H	11.00 $\pm$ 0.65	FGH	7.97 $\pm$ 1.55	E	1.09 $\pm$ 0.1	FG
10	4.15 $\pm$ 0.32	H	10.35 $\pm$ 0.65	FGH	8.55 $\pm$ 1.55	E	1.16 $\pm$ 0.1	EFG
11	6.60 $\pm$ 0.32	BCDEF	11.18 $\pm$ 0.65	EFGH	9.66 $\pm$ 1.55	DE	1.26 $\pm$ 0.1	EFG
12	6.18 $\pm$ 0.32	CDEFG	13.11 $\pm$ 0.65	BCDEF	10.63 $\pm$ 1.55	CDE	1.45 $\pm$ 0.1	CDEFG
13	5.04 $\pm$ 0.32	FGH	11.12 $\pm$ 0.65	EFGH	8.75 $\pm$ 1.55	E	1.08 $\pm$ 0.1	G
14	6.28 $\pm$ 0.32	CDEFG	12.65 $\pm$ 0.65	CDEFG	10.58 $\pm$ 1.55	CDE	1.40 $\pm$ 0.1	DEFG
15	6.17 $\pm$ 0.32	DEFG	11.05 $\pm$ 0.65	FGH	9.99 $\pm$ 1.55	DE	1.34 $\pm$ 0.1	DEFG
16	5.69 $\pm$ 0.32	EFGH	9.80 $\pm$ 0.65	GH	8.01 $\pm$ 1.55	E	1.02 $\pm$ 0.1	G
17	6.48 $\pm$ 0.32	EFGH	10.58 $\pm$ 0.65	FGH	8.47 $\pm$ 1.55	E	1.13 $\pm$ 0.1	EFG
18	6.23 $\pm$ 0.32	CDEFG	10.49 $\pm$ 0.65	FGH	9.32 $\pm$ 1.55	DE	1.16 $\pm$ 0.1	EFG
19	4.81 $\pm$ 0.32	GH	9.34 $\pm$ 0.65	H	8.01 $\pm$ 1.55	E	1.00 $\pm$ 0.1	G
20	7.83 $\pm$ 0.32	ABC	20.67 $\pm$ 0.65	A	17.02 $\pm$ 1.55	A	2.65 $\pm$ 0.1	A

¹ ES= Error estándar

4 DISCUSIÓN

El presente estudio se centró en la identificación de patógenos asociados a raíz y corona de la fresa y la evaluación del progreso de la enfermedad bajo inoculación simple y en mezcla de las especies, *Alternaria* sp., *Fusarium* sp., *Phytophthora* sp., *N. rosae*, *Dactylonectria* sp. y *Macrophomina* sp. La identificación de los patógenos y un conocimiento profundo de las interacciones patógeno-hospedante son cruciales para el desarrollo de estrategias eficaces de manejo integrado de enfermedades en los cultivos de fresa (Camacho et al., 2023b; Kumari & Thakur, 2022). La precisa identificación de estos fitopatógenos no solo optimiza las medidas para mejorar la salud del cultivo, sino que también reduce el uso indiscriminado de fungicidas, promoviendo una agricultura más sostenible (Pautasso et al., 2012).

El reaslamiento de los patógenos en los tratamientos individuales (1. *Alternaria*, 2. *Fusarium*, 3. *Dactylonectria*, 4. *Macrophomina*, 5. *Neopestalotiopsis* y 6. *Phytophthora*) en plantas de fresa variedad 'Fronteras' bajo condiciones de invernadero fue invariable en ambos experimentos. Esto confirma la efectividad de la inoculación y la viabilidad de los patógenos, alineándose con los hallazgos de Zhang et al. (2022), quienes reportaron el reaslamientos de las especies inoculadas en condiciones similares y demostraron una notable variabilidad en la virulencia de aislados de *Fusarium oxysporum*, *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora cactorum* y otros, lo cual subraya la diversidad genética de los patógeno, así como sus fuentes de inóculo. De la misma manera Pastrana et al. (2017), reportaron que el reaslamiento de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*, *Verticillium dahliae*, *Macrophomina phaseolina* y *Phytophthora cactorum* presentes bajo condiciones de invernadero, es un indicador directo de la viabilidad de los patógeno y de su capacidad para infectar plantas de fresa de manera consistente.

En reaslamiento de los patógenos para determinar la presencia o ausencia, se observó que en tratamientos mixtos (10. *Macrophomina* + *Neopestalotiopsis*, 13. *Macrophomina* + *Neopestalotiopsis* + *Fusarium*, 17. *Macrophomina* + *Neopestalotiopsis* + *Fusarium* + *Phytophthora*, y 19. *Alternaria* + *Fusarium* + *Dactylonectria* + *Macrophomina* + *Neopestalotiopsis* + *Phytophthora*). *Macrophomina* predominó, suprimiendo el crecimiento de otros patógenos, incluido *Neopestalotiopsis*. Según lo señalado por Musharraf et al. (2011), este fenómeno puede deberse a la producción de metabolitos a partir de la biotransformación del 2 β -methoxyclovan-9 α -ol, los cuales incluyen al 2 β -metoxiclovan-9-ona, Clovan-2 β ,9 β -diol y Clovan-2 β ,9 α -diol, a las

cuales se les atribuyen cualidades fungistáticas. Recientemente Yu et al. (2022), describieron la identificación y caracterización de nuevos compuestos llamados macrophasetinas a partir de *Macrophomina phaseolina*, los cuales pertenecen a la familia de los ácidos 3-Decalinoyltetramic (DTAs), que mostraron diversas capacidades bioactivas, lo que sugiere su potencial aplicación en la agricultura. Además, según Khambhati et al. (2023) y Tajdinian et al., 2022; Liu et al., 2022), *Macrophomina* puede competir eficazmente con otros hongos debido a las características propias como la producción de microesclerocios que son estructuras de resistencia. En este estudio los síntomas consistieron en áreas rojizas y cloróticas en las hojas más viejas, las cuales se hicieron más pronunciadas y comenzaron a afectar una mayor superficie de las hojas. posteriormente la coloración rojiza se intensificó y algunas hojas mostraron necrosis que inicio en los laterales inferiores. Similares a los descritos por Zveibil & Freeman (2005). Síntomas que pueden atribuirse a la síntesis de (-)-botryodiplodin y mellein, que contribuyen a los efectos fitotóxicos en las plantas (Abbas et al., 2019; Khambhati et al., 2023). Este patógeno, cuando se inoculó en mezcla con otros hongos, resultó en un incremento en la severidad, en especial con *Neopestalotiopsis*, pues los síntomas aparecieron hasta 4 días antes que el resto de las inoculaciones. Estos resultados sugieren que la ocurrencia de *M. phaseolina* con la presencia de otros patógenos como *Fusarium oxysporum*, y *N. rosae*, intensifica la manifestación de los síntomas.

De la misma manera se observó que *Neopestalotiopsis* al reaislarlo de los tratamientos coinoculados suprimió el desarrollo de los patógenos presentes. Esto pudiera explicarse de acuerdo con lo señalado por Xu et al. (2010), quienes reportan más de 130 compuestos bioactivos aislados de varias especies de *Pestalotiopsis*, entre ellos alcaloides, terpenoides, derivados de isocumarina, cumarinas, cromonas, quinonas, semiquinonas, péptidos, xantonas, derivados de xantonas, fenoles, ácidos fenólicos y lactonas, los cuales presentan actividades antifúngicas y antimicrobianas. De la misma manera Fooladi et al. (2019) documentan la producción de sustancias bioactivas como exópolisacaridos a partir de *Neopestalotiopsis sp.* que son compuestos integrados principalmente por D-glucosa, sorbitol y D-galactosa los cuales muestran una variedad de funciones médicas incluidas acciones antivirales, antibacterianas y antifúngicas. Además, según Rotondo et al. (2022), *Neopestalotiopsis* puede competir eficazmente con otros hongos por recursos limitados en el medio, reduciendo así su capacidad de crecimiento y colonización. En este estudio, los síntomas inducidos por *Neopestalotiopsis rosae*, resultaron coloraciones rojizas que comenzaron en los bordes inferiores de las hojas viejas, en el avance de la enfermedad, la coloración rojiza se

intensificó, afectando gran parte de las hojas y finalmente se presentaron áreas necróticas que comenzaron en los bordes inferiores de la hoja hasta cubrirlas totalmente. Lo que concuerda con reportado por (Wu et al., 2021b) y Rotondo et al. (2022), quienes describieron síntomas en el área foliar de las plantas de fresa, coloraciones intervenales marron-rojizas y áreas necróticas marrón oscuro que iniciaban en el borde de las hojas.

De manera conjunta, los análisis del progreso de la incidencia, severidad y mortalidad mostraron que los tratamientos 7 (*Alternaria* + *Fusarium*), 10 (*Macrophomina* + *Neopestalotiopsis*), 13 (*Macrophomina* + *Neopestalotiopsis* + *Fusarium*) y 19 (*Alternaria* + *Fusarium* + *Dactylonectria* + *Macrophomina* + *Neopestalotiopsis* + *Phytophthora*) presentaron una incidencia y severidad rápida y constante, alcanzando valores cercanos al 100% rápidamente y manteniéndose así desde los 21 hasta los 49 días después de la inoculación (DDI). Basado en los resultados de Pastrana et al. (2017) la incidencia de la enfermedad en las plantas de fresa puede verse influida significativamente por inoculaciones mixtas de patógenos, lo que da lugar a interacciones complejas y a resultados variados en la enfermedad. En otros cultivos este comportamiento es similar de acuerdo con lo reportado por Tsrer y Hazanovsky (2001), donde examinan cómo la coinoculación de *Verticillium dahliae* y *Colletotrichum coccodes* afecta los síntomas de la enfermedad y la colonización fúngica en cuatro cultivares de papa mostrando que la coinoculación intensificó los síntomas foliares y la pudrición del tallo. Además da Silva y Clark (2013), evidenciaron que el complejo de la enfermedad de la pudrición de la raíz del camote es causado principalmente por *Fusarium solani* y *Macrophomina phaseolina*, siendo un importante problema de postcosecha en el camote. Adicionalmente (Barrett et al., 2021) investigaron cómo las infecciones mixtas de diferentes cepas del hongo *Zymoseptoria tritici* afectan la dinámica de la infección en campos de trigo y como estas interacciones pueden influir significativamente en el desarrollo de epidemias y en la evolución de la virulencia del patógeno. En contraste con descrito por Lerch-Olson & Robertson, (2020) al evaluar el efecto de la coinoculación con especies de *Pythium* y *Fusarium* en el desarrollo de la enfermedad de las plántulas de soja observaron que hubo poca diferencia en el desarrollo de la enfermedad entre los tratamientos inoculados con *Pythium* solo y los inoculados en conjunto con *Pythium* y *Fusarium*. Además, los tratamientos 7, 10, 12 y 19 destacaron por sus altos porcentajes de mortalidad que de acuerdo en el estudio de Abied & Duzan (2020) que han informado la presencia de *Macrophomina phaseolina* en tres zonas de producción de fresas del este de Trípoli (Al-Nasheh, Bir Al-Turki, Eslaisla), donde el 90% de las

plantas de fresa analizadas (cv. Fortuna) mostraron síntomas de marchitamiento y colapso en comparación con los tratamientos de control.

Los tratamientos 7, 9, 10, 13, 17 y 19 impactaron negativamente el desarrollo de las plantas de fresa, reduciendo significativamente la altura final, longitud de raíz, el peso fresco y seco. Este efecto puede atribuirse al estrés biótico causado por la coinoculación, que afecta la capacidad de las plantas para absorber nutrientes y agua y realizar la fotosíntesis eficientemente, como indicaron Fang et al. (2021) y Zhou et al. (2023). Estudios previos, como los de García et al. (2020) y Mazzola et al. (2019), también han documentado que la coinoculación de patógenos puede reducir más el crecimiento y la biomasa de las plantas en comparación con la inoculación de patógenos individuales.

5 CONCLUSIONES

La progresión de los síntomas en las plantas de fresa tratadas con *Macrophomina* y *Neopestalotiopsis* reveló un patrón distintivo que comenzó con coloraciones rojizas y amarillentas en los bodes inferiores de las hojas, culminando en manchas necróticas y en una necrosis total. Este estudio demostró que la coinoculación de *Macrophomina* y *Neopestalotiopsis* afecta negativamente el crecimiento de las plantas de fresa.

Estos hallazgos subrayan la importancia de considerar las interacciones entre múltiples patógenos en el manejo de enfermedades en cultivos de fresa. Los tratamientos que incluyeron *Macrophomina* (especialmente los tratamientos 7, 10, 13 y 19) mostraron ser particularmente agresivos, causando infecciones y síntomas severos. En contraste, los tratamientos de un solo patógeno (como 1, 2, 4, 5 y 6) demostraron una menor agresividad, lo que sugiere que la coinoculación tiene un impacto significativo en la virulencia de las enfermedades.

6 LITERATURA CITADA

- Abbas, H. K., Bellaloui, N., Accinelli, C., Smith, J. R., & Shier, W. T. (2019). Toxin production in soybean (*Glycine max* L.) plants with charcoal rot disease and by *Macrophomina phaseolina*, the fungus that causes the disease. *Toxins*, 11(11), 645. <https://doi.org/10.3390/toxins11110645>
- Aichinger, G., Del Favero, G., Warth, B., & Marko, D. (2021). Alternaria toxins—Still emerging? *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 20(5), 4390–4406. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12803>
- Al Noman, M. A., & Shamsi, S. (2021). An improved and effective protocol for monoconidial isolation of *Pyricularia oryzae*. *Journal of Plant Pathology*, 103(1), 317–320. <https://doi.org/10.1007/s42161-020-00732-x>
- Baggio, J. S., Forcelini, B. B., Wang, N. Y., Ruschel, R. G., Mertely, J. C., & Peres, N. A. (2021). Outbreak of leaf spot and fruit rot in Florida strawberry caused by *Neopestalotiopsis* spp. *Plant Disease*, 105(2), 305–315. <https://doi.org/10.1094/pdis-06-20-1290-re>
- Cai, H., Yu, N., Liu, Y., Wei, X., & Guo, C. (2022). Meta-analysis of fungal plant pathogen *Fusarium oxysporum* infection-related gene profiles using transcriptome datasets. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.970477>
- Camacho, M., de los Santos, B., Vela, M. D., & Talavera, M. (2023). Use of bacteria isolated from berry rhizospheres as biocontrol agents for charcoal rot and root-knot nematode strawberry diseases. *Horticulturae*, 9(3), 346. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9030346>
- Campos, M. D., & Félix, M. do R. (2023). Advances in plant–pathogen interaction: New challenges for sustainable disease management. *Biology*, 12(2), 203. <https://doi.org/10.3390/biology12020203>
- Chen, P., Li, H. Q., Li, X. Y., Zhou, X. H., Zhang, X. X., Zhang, A. S., & Liu, Q. Z. (2022). Transcriptomic analysis provides insight into defensive strategies in response to continuous cropping in strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) plants. *BMC Plant Biology*, 22(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03857-6>
- Chen, Q., Yin, S. L., Zhang, X. G., Ma, X. Y., Zhong, S., & Zhang, G. Z. (2021a). *Dactylonectria* species associated with black root rot of strawberry in China. *Australasian Plant Pathology*, 50(5), 501–511. <https://doi.org/10.1007/s13313-021-00804-1>
- Cox, M. P., Guo, Y., Winter, D. J., Sen, D., Cauldron, N. C., Shiller, J., Bradley, E. L., Ganley, A. R., Gerth, M. L., Lacey, R. F., McDougal, R. L., Panda, P., Williams, N. M., Grunwald, N. J., Mesarich, C. H., & Bradshaw, R. E. (2022). Chromosome-level assembly of the *Phytophthora agathidicida* genome reveals adaptation in effector gene families. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1038444>

- Dandurand, L. M., & Menge, J. A. (1992). Influence of *Fusarium solani* on citrus root rot caused by *Phytophthora parasitica* and *Phytophthora citrophthora*. *Plant and Soil*, 144(1), 13–21. <https://doi.org/10.1007/bf00018840>
- Dilla-Ermita, C. J., Goldman, P., Jaime, J., Ramos, G., Pennerman, K. K., & Henry, P. M. (2023). First report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* race 2 causing Fusarium wilt of strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) in California. *Plant Disease*, 107(9), 2849. <https://doi.org/10.1094/pdis-02-23-0217-pdn>
- Domínguez-Begines, J., Ávila, J. M., García, L. V., & Gómez-Aparicio, L. (2021). Disentangling the role of oomycete soil pathogens as drivers of plant–soil feedbacks. *Ecology*, 102(8). <https://doi.org/10.1002/ecy.3430>
- Doyle, J., & Doyle, J. (1987). A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Phytochemical Bulletin*. https://webpages.charlotte.edu/~jweller2/pages/BINF8350f2011/BINF8350_Readings/Doyle_plantDNAextractCTAB_1987.pdf
- Drobek, M., Cybulska, J., Gałazka, A., Feledyn-Szewczyk, B., Marzec-Grządziel, A., Sas-Paszt, L., Gryta, A., Trzciński, P., Zdunek, A., & Frąc, M. (2021). The use of interactions between microorganisms in strawberry cultivation (*Fragaria* × *ananassa* Duch.). *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.780099>
- Essa, T., Kamel, S., Ismail, A., & El-Ganainy, S. (2018). Characterization and chemical control of *Neopestalotiopsis rosae* the causal agent of strawberry root and crown rot in Egypt. *Egyptian Journal of Phytopathology*, 46(1), 1–19. <https://doi.org/10.21608/ejp.2018.87411>
- Fang, X. L., Phillips, D., Li, H., Sivasithamparam, K., & Barbetti, M. J. (2011). Severity of crown and root diseases of strawberry and associated fungal and oomycete pathogens in Western Australia. *Australasian Plant Pathology*, 40(2), 109–119. <https://doi.org/10.1007/s13313-010-0019-5>
- Gogoi, A., Lysøe, E., Eikemo, H., Stensvand, A., Davik, J., & Brurberg, M. B. (2023). Comparative transcriptome analysis reveals novel candidate resistance genes involved in defence against *Phytophthora cactorum* in strawberry. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(13), 10851. <https://doi.org/10.3390/ijms241310851>
- Gomez, A. O., De Faveri, J., Neal, J. M., Aitken, E. A. B., & Herrington, M. E. (2020). Response of strawberry cultivars inoculated with *Macrophomina phaseolina* in Australia. *International Journal of Fruit Science*, 20(S2), 164–177. <https://doi.org/10.1080/15538362.2019.1709114>
- Gui, X., Zhang, P., Wang, D., Ding, Z., Wu, X., Shi, J., Shen, Q. H., Xu, Y. Z., Ma, W., & Qiao, Y. (2022). *Phytophthora* effector PSR1 hijacks the host pre-mRNA splicing machinery

to modulate small RNA biogenesis and plant immunity. *The Plant Cell*, 34(9), 3443–3459. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac176>

Holmes, G. J., Mansouripour, S. M., & Hewavitharana, S. S. (2020). Strawberries at the crossroads: Management of soilborne diseases in California without methyl bromide. *Phytopathology*, 110(5), 956–968. <https://doi.org/10.1094/phyto-11-19-0406-ia>

Islam, M. S., Haque, M. S., Islam, M. M., Emdad, E. M., Halim, A., Hossen, Q. M. M., Hossain, M. Z., Ahmed, B., Rahim, S., Rahman, M. S., Alam, M. M., Hou, S., Wan, X., Saito, J. A., & Alam, M. (2012). Tools to kill: Genome of one of the most destructive plant pathogenic fungi *Macrophomina phaseolina*. *BMC Genomics*, 13(1), 493. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-493>

Khambhati, V. H., Abbas, H. K., Sulyok, M., Tomaso-Peterson, M., Chen, J., & Shier, W. T. (2023). Mellein: Production in culture by *Macrophomina phaseolina* isolates from soybean plants exhibiting symptoms of charcoal rot and its role in pathology. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1105590>

Kosman, E., Chen, X., Dreiseitl, A., McCallum, B., Lebeda, A., Ben-Yehuda, P., Gulyaeva, E., & Manisterski, J. (2019). Functional variation of plant-pathogen interactions: New concept and methods for virulence data analyses. *Phytopathology*, 109(8), 1324–1330. <https://doi.org/10.1094/phyto-02-19-0041-le>

Kotsaridis, K., Tsakiri, D., & Sarris, P. F. (2022). Understanding enemy's weapons to an effective prevention: Common virulence effects across microbial phytopathogens kingdoms. *Critical Reviews in Microbiology*, 49(4), 528–542. <https://doi.org/10.1080/1040841x.2022.2083939>

Kronmiller, B. A., Feau, N., Shen, D., Tabima, J. F., Ali, S. S., Armitage, A. D., Arredondo, F., Bailey, B. A., Bollmann, S. R., Dale, A., Harrison, R. J., Hrywkiw, K., Kasuga, T., McDougal, R., Nellist, C. F., Panda, P., Tripathy, S., Williams, N. M., Ye, W., ... Grünwald, N. J. (2022). Comparative genomic analysis of 31 *Phytophthora* genomes reveal genome plasticity and horizontal gene transfer. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 36(1), 26–46. <https://doi.org/10.1094/mpmi-06-22-0133-r>

Kumari, N., & Thakur, A. (2022a). Black root rot of strawberry: A disease complex. *International Journal of Economic Plants*, 9(2), 158–163. <https://doi.org/10.23910/2/2022.0455a>

Löhrer, M., Vogel, L., Petrescu Dita Singer, S., Erwes, S., Heupel, M., & Schaffrath, U. (2022). PCR diagnostics for rapid detection of fungi associated with black root rot of strawberries. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 129(5), 1053–1062. <https://doi.org/10.1007/s41348-022-00594-8>

- Mandal, K., Dutta, S., Upadhyay, A., Panda, A., & Tripathy, S. (2022). Comparative genome analysis across 128 *Phytophthora* isolates reveal species-specific microsatellite distribution and localized evolution of compartmentalized genomes. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.806398>
- Manici, L. M., Kelderer, M., Caputo, F., Saccà, M. L., Nicoletti, F., Topp, A. R., & Mazzola, M. (2018). Involvement of *Dactylonectria* and *Ilyonectria* spp. in tree decline affecting multi-generation apple orchards. *Plant and Soil*, 425(1), 217–230. <https://doi.org/10.1007/s11104-018-3571-3>
- Martins, I. M., Meirinho, S., Costa, R., Cravador, A., & Choupina, A. (2019). Cloning, characterization, in vitro and in planta expression of a necrosis-inducing *Phytophthora* protein 1 gene npp1 from *Phytophthora cinnamomi*. *Molecular Biology Reports*, 46(6), 6453–6462. <https://doi.org/10.1007/s11033-019-05091-0>
- Meena, M., Gupta, S. K., Swapnil, P., Zehra, A., Dubey, M. K., & Upadhyay, R. S. (2017). *Alternaria* toxins: Potential virulence factors and genes related to pathogenesis. *Frontiers in Microbiology*, 8, 1451. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01451>
- Mugao, L. (2023). Morphological and molecular variability of *Alternaria solani* and *Phytophthora infestans* causing tomato blights. *International Journal of Microbiology*, 2023, 1–8. <https://doi.org/10.1155/2023/8951351>
- O’Keeffe, K. R., Simha, A., & Mitchell, C. E. (2021). Indirect interactions among co-infecting parasites and a microbial mutualist impact disease progression. *Proceedings of The Royal Society B: Biological Sciences*, 288(1956), 20211313. <https://doi.org/10.1098/rspb.2021.1313>
- Paccanaro, M. C., Sella, L., Castiglioni, C., Giacomello, F., Martínez-Rocha, A. L., D’Ovidio, R., Schäfer, W., & Favaron, F. (2017). Synergistic effect of different plant cell wall-degrading enzymes is important for virulence of *Fusarium graminearum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 30(11), 886–895. <https://doi.org/10.1094/mpmi-07-17-0179-r>
- Parkinson, L. E., Le, D. P., & Dann, E. K. (2019). Development of three loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assays for the rapid detection of *Calonectria ilicicola*, *Dactylonectria macrodidyma*, and the *Dactylonectria* genus in avocado roots. *Plant Disease*, 103(8), 1865–1875. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-18-2005-re>
- Pautasso, M., Döring, T. F., Garbelotto, M., Pellis, L., & Jeger, M. J. (2012). Impacts of climate change on plant diseases—Opinions and trends. *European Journal of Plant Pathology*, 133(1), 295–313. <https://doi.org/10.1007/s10658-012-9936-1>
- Pincot, D. D. A., Hardigan, M. A., Cole, G. S., Famula, R. A., Henry, P. M., Gordon, T. R., & Knapp, S. J. (2020). Accuracy of genomic selection and long-term genetic gain for resistance to Verticillium wilt in strawberry. *The Plant Genome*, 13(3). <https://doi.org/10.1002/tpg2.20054>

- Porteous-Álvarez, A. J., Mayo-Prieto, S., Álvarez-García, S., Reinoso, B., & Casquero, P. A. (2020). Genetic response of common bean to the inoculation with indigenous *Fusarium* isolates. *Journal of Fungi*, 6(4), 228. <https://doi.org/10.3390/jof6040228>
- Prechsl, U. E., Rizzoli, W., Marschall, K., & Jasper Wubs, E. R. (2023). Fungicide-free management of *Alternaria* leaf blotch and fruit spot on apple indicates *Alternaria* spp. as secondary colonizer. *Scientific Reports*, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-35448-2>
- Probst, C., Jones, E. E., Ridgway, H. J., & Jaspers, M. V. (2012). *Cylindrocarpon* black foot in nurseries—Two factors that can increase infection. *Australasian Plant Pathology*, 41(2). <https://doi.org/10.1007/s13313-011-0103-5>
- Qin, Q., Fan, Y., Jia, Q., Duan, S., Liu, F., Jia, B., Wang, G., Guo, W., & Wang, C. (2022). The potential of *Alternaria* toxins production by *A. alternata* in processing tomatoes. *Toxins*, 14(12), 827. <https://doi.org/10.3390/toxins14120827>
- Raftoyannis, Y., & Dick, M. W. (2002). Effects of inoculum density, plant age and temperature on disease severity caused by pythiaceous fungi on several plants. *Phytoparasitica*, 30(1), 67–76. <https://doi.org/10.1007/bf02983972>
- Rebollar-Alviter, A., Silva-Rojas, H. V., Fuentes-Aragón, D., Acosta-González, U., Martínez-Ruiz, M., & Parra-Robles, B. E. (2020). An emerging strawberry fungal disease associated with root rot, crown rot and leaf spot caused by *Neopestalotiopsis rosae* in Mexico. *Plant Disease*, 104(8), 2054–2059. <https://doi.org/10.1094/pdis-11-19-2493-sc>
- Renaud, J. B., Desrochers, N., Hoogstra, S., Garnham, C. P., & Sumarah, M. W. (2021). Structure activity relationship for fumonisin phytotoxicity. *Chemical Research in Toxicology*, 34(6), 1604–1611. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrestox.1c00057>
- Sangiorgio, D., Cellini, A., Spinelli, F., & Donati, I. (2023). Promoting strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) stress resistance, growth, and yield using native bacterial biostimulants. *Agronomy*, 13(2), 529. <https://doi.org/10.3390/agronomy13020529>
- Santos, K. M., Lima, G. S., Barros, A. P. O., Machado, A. R., Souza-Motta, C. M., Correia, K. C., & Michereff, S. J. (2020). Novel specific primers for rapid identification of *Macrophomina* species. *European Journal of Plant Pathology*, 156(4), 1213–1218. <https://doi.org/10.1007/s10658-020-01952-8>
- Schiro, G., Verch, G., Grimm, V., & Müller, M. E. H. (2018). *Alternaria* and *Fusarium* fungi: Differences in distribution and spore deposition in a topographically heterogeneous wheat field. *Journal of Fungi*, 4(2), 63. <https://doi.org/10.3390/jof4020063>
- Shrestha, U., Dee, M. E., Ownley, B. H., & Butler, D. M. (2023). First report of strawberry black root rot caused by *Globisporangium sylvaticum* in Tennessee, USA. *Plant Disease*, 107(9), 2890. <https://doi.org/10.1094/pdis-01-23-0007-pdn>

- Siegieda, D. G., Panek, J., & Frac, M. (2021). “Shining a LAMP” (loop-mediated isothermal amplification) on the molecular detection of phytopathogens *Phytophthora* spp. and *Phytophthora cactorum* in strawberry fields. *Pathogens*, 10(11), 1453. <https://doi.org/10.3390/pathogens10111453>
- Sotelo-Cerón, N. D., Martínez-Álvarez, J. C., & Maldonado-Mendoza, I. E. (2023). Recent advances in the bioherbicidal potential of tenuazonic acid, an *Alternaria* spp. mycotoxin. *Journal of the Mexican Chemical Society*, 67(3), 266–274. <https://doi.org/10.29356/jmcs.v67i3.1994>
- Steele, M. E., Hewavitharana, S. S., Henry, P., Goldman, P., & Holmes, G. J. (2022). Survey of late-season soilborne pathogens infecting strawberry in Watsonville-Salinas, California. *Plant Health Progress*, 24(1), 104–109. <https://doi.org/10.1094/php-06-22-0056-s>
- Stępień, Ł. (2022). Plant-pathogenic *Fusarium* species. *Journal of Fungi*, 9(1), 13. <https://doi.org/10.3390/jof9010013>
- Sun, Q., Harishchandra, D., Jia, J., Zuo, Q., Zhang, G., Wang, Q., Yan, J., Zhang, W., & Li, X. (2021). Role of *Neopestalotiopsis rosae* in causing root rot of strawberry in Beijing, China. *Crop Protection*, 147, 105710. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105710>
- Tajdinian, S., Rahmati-Joneidabad, M., & Ghodoum Parizipour, M. H. (2022). Macroalgal treatment to alleviate the strawberry yield loss caused by *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. in greenhouse cultivation system. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 6. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.1089553>
- Wang, H., Guo, Y., Luo, Z., Gao, L., Li, R., Zhang, Y., Kalaji, H. M., Qiang, S., & Chen, S. (2022). Recent advances in *Alternaria* phytotoxins: A review of their occurrence, structure, bioactivity, and biosynthesis. *Journal of Fungi*, 8(2), 168. <https://doi.org/10.3390/jof8020168>
- Wang, S., Zhang, X., Zhang, Z., Chen, Y., Tian, Q., Zeng, D., Xu, M., Wang, Y., Dong, S., Ma, Z., Wang, Y., Zheng, X., & Ye, W. (2023). *Fusarium*-produced vitamin B6 promotes the evasion of soybean resistance by *Phytophthora sojae*. *Journal of Integrative Plant Biology*, 65(9), 2204–2217. <https://doi.org/10.1111/jipb.13505>
- Wedel, M. (2001). GLIMMIX: Software for estimating mixtures and mixtures of generalized linear models. *Journal of Classification*, 18(1), 129–135. <https://doi.org/10.1007/s00357-001-0008-z>
- Wipfle, R., McCormick, S. P., Proctor, R. H., Teresi, J. M., Hao, G., Ward, T. J., Alexander, N. J., & Vaughan, M. M. (2019). Synergistic phytotoxic effects of culmorin and trichothecene mycotoxins. *Toxins*, 11(10), 555. <https://doi.org/10.3390/toxins11100555>
- Xu, Q., Hu, S., Jin, M., Xu, Y., Jiang, Q., Ma, J., Zhang, Y., Qi, P., Chen, G., Jiang, Y., Zheng, Y., & Wei, Y. (2022). The N-terminus of a *Fusarium graminearum*-secreted protein enhances

broad-spectrum disease resistance in plants. *Molecular Plant Pathology*, 23(12), 1751–1764. <https://doi.org/10.1111/mpp.13262>

Xu, X. M., Monger, W., Ritieni, A., & Nicholson, P. (2007). Effect of temperature and duration of wetness during initial infection periods on disease development, fungal biomass and mycotoxin concentrations on wheat inoculated with single, or combinations of, *Fusarium* species. *Plant Pathology*, 56(6), 943–956. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01650.x>

Xu, X.-L., & Ko, W.-H. (1998). A quantitative confined inoculation method for studies of pathogenicity of fungi on plants. *Bot. Bull. Acad. Sin.*, 39, 187–190.

Yan, C. W., Su, D. F., Dai, Q. Z., Chen, S. Y., Zhang, Z. R., Dong, Q. E., Tian, Y. X., Zhou, W. X., Yang, J. Y., Tong, J. Y., & Cui, X. L. (2022). First report of anthracnose crown rot on strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) caused by *Colletotrichum pandanicola* in Yunnan Province, China. *Plant Disease*, 107(5), 1628. <https://doi.org/10.1094/pdis-08-22-1759-pdn>

Zhang, Y., Chen, C., Mai, Z., Lin, J., Nie, L., Maharachchikumbura, S. S. N., You, C., Xiang, M., Hyde, K. D., & Manawasinghe, I. S. (2022). Co-infection of *Fusarium aglaonematis* sp. nov. and *Fusarium elaeidis* causing stem rot in *Aglaonema modestum* in China. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.930790>

Zhang, Y., Yu, H., Hu, M., Wu, J., & Zhang, C. (2022). Fungal pathogens associated with strawberry crown rot disease in China. *Journal of Fungi*, 8(11), 1161. <https://doi.org/10.3390/jof8111161>

Zhong, F. T., Liu, Y. L., Zheng, D. F., & Lu, S. L. (2022). First report of *Alternaria alternata* causing brown leaf spot on wild rice (*Oryza rufipogon*) in China. *Plant Disease*, 106(1). <https://doi.org/10.1094/pdis-05-21-1024-pdn>

Zulfiana, D., Zulfritri, A., Lestari, A. S., Krishanti, N. P. R. A., & Meisyara, D. (2020). Production of conidia by entomopathogenic fungi and their pathogenicity against *Coptotermes* sp. *Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education*, 12(1), 1–9. <https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v12i1.22435>

REASLAMIENTOS		
Tratamientos	Evidencias	
7		
7 ANEX 10		
13		
17		
18		
19		