

Identificación molecular de patógenos presentes en las hojas de *Brahea berlandieri* (Bartlett) en el Área Natural Protegida Altas Cumbres, Victoria, Tamaulipas, México

Molecular identification of pathogens presents in the leaves of *Brahea berlandieri* (Bartlett) in the Protected Natural Area Altas Cumbres, Victoria, Tamaulipas, Mexico

Rapucel T. Q. Heinz-Castro¹, Nicolás Gómez-Hernández², Francisco Reyes-Zepeda³, Leroy Soria-Díaz³, Guadalupe Treviño-Barbosa³, Julio C. Chacón-Hernández^{3*}

¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Autónoma de San Luis Potosí. Km 14.5 Carretera San Luis Potosí-Matehuala, A. P. 32, CP 78321, Ejido Palma de la Cruz, Soledad de Graciano Sánchez, San Luis Potosí, México.

²Laboratorio de Genómica Funcional y Comparativa, de la División de Biología Molecular, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica. Camino a la Presa San José 2055, Colonia Lomas 4 sección, CP 78216, San Luis Potosí, San Luis Potosí, México.

³Instituto de Ecología Aplicada, Universidad Autónoma de Tamaulipas. División del Golfo 356, colonia Libertad, CP 87019, Ciudad Victoria, Tamaulipas, México.

*Autor por correspondencia: jchacon@docentes.uat.edu.mx

Resumen

La palma *Brahea berlandieri* Bartlett (Arecaceae) se encuentra enlistada en la NOM-059-SEMARNAT-2010, bajo la categoría de riesgo: Sujeta a protección especial (Pr); es una planta endémica que sólo se ubica en los bosques de encinos de la Sierra Madre Oriental, principalmente del noreste de México. Las palmas de esta especie son afectadas por factores bióticos y abióticos, y las enfermedades que contraen constituyen uno de los factores principales que determinan la dinámica de los ecosistemas forestales de esta región. El objetivo de esta investigación fue identificar posibles agentes causales presentes en las hojas de *B. berlandieri* tanto en hojas sanas como en las que tienen síntomas del manchado marrón o chancros en las hojas. Las muestras de *B. berlandieri* se recolectaron en el Área Natural Protegida (ANP) Altas Cumbres, Victoria, Tamaulipas, México. La identificación de los hongos se realizó mediante extracción de ADN, amplificación en PCR, y se analizaron en GenBank por la herramienta BLAST. Como resultado de este estudio, en esta ANP se reporta, por primera vez, la presencia de *Alternaria alternata*, *Epicoccum sorghinum*, *Nigrospora oryzae*, *Setosphaeria rostrata* y *Cladosporium cladosporioides* sobre *B. berlandieri*, y además se detectó que poseen la capacidad de generar manchas necróticas irregulares, por lo que suelen provocar un daño o deterioro, lo cual podría disminuir la densidad poblacional de la palma.

Palabras clave: caracterización molecular de hongos, mancha foliar, *Nigrospora oryzae*, Palma.

Abstract

The palms (*Brahea berlandieri* Bartlett; Arecaceae) are listed in NOM-059-SEMARNAT-2010 under the risk category 'Subject to special protection' (Pr). Palms are endemic, established in the oak forests of the Sierra Madre Oriental, mainly from Northeast Mexico. Palms are affected by biotic and abiotic factors, among them, diseases are one of the main factors determining forest ecosystems' dynamics. The current research aimed to identify possible causal agents present in the leaves of *B. berlandieri*, both in healthy leaves and those with symptoms of brown spotting and cankers on the leaves. The samples of *B. berlandieri* were collected in the Natural Protected Area (NPA) Altas Cumbres, Victoria, Tamaulipas, Mexico. The identification of the fungi was carried out by DNA extraction and PCR amplification. The data obtained were analyzed in GenBank by the BLAST tool. *Alternaria alternata*, *Epicoccum sorghinum*, *Nigrospora oryzae*, *Setosphaeria rostrata*, and *Cladosporium cladosporioides* on *B. berlandieri* are reported for the first time in this NPA. Thus, they can generate irregular necrotic spots, which usually cause damage or deterioration and could decrease the population density of the palm.

Keywords: molecular characterization of fungi, leaf spot, *Nigrospora oryzae*, Palm.

INTRODUCCIÓN

La palma *Brahea berlandieri* Bartlett (Arecaceae), que es endémica de la Sierra Madre Oriental, está ubicada en los estados de Tamaulipas, San Luis Potosí, Guanajuato, Querétaro e Hidalgo (Quero 1992; Quero 2004). Esta especie presenta variaciones, dependiendo de las condiciones ambientales en las que se desarrolla. En bosques cerrados de encino, sus hojas son muy suaves y sus pecio-



los poco dentados o inermes, pero en hábitats abiertos las hojas son más duras y los peciolos tienen mayor cantidad de dientes (Quero 2004). Las hojas de *B. berlandieri* se utilizan para techar casas sencillas y para elaborar artesanías, como sombreros, canastas, abanicos, entre otras (Quero 1992), por lo cual, la hoja debe tener cierta calidad para poder emplearla como materia prima en la elaboración de esos productos artesanales y así generar más recursos económicos (Pulido y Coronel-Ortega 2015). La palma se encuentra catalogada en la NOM-059-SE-MARNAT-2010 bajo la categoría de riesgo: Sujeta a protección especial (Pr), lo que indica que puede estar amenazada por factores que afectan negativamente su viabilidad, por lo cual existe la necesidad de promover su recuperación y conservación (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [Semarnat] 2010).

La palma, como miembro de un ecosistema forestal, puede verse afectada por factores bióticos y abióticos (Luke et al. 2016), y según la Ley de Desarrollo Forestal Sustentable y su reglamento, así como la NOM-152-SEMARNAT-2006, establecen que la conservación de biodiversidad debe incorporarse al manejo forestal (Jardel-Peláez 2015); a partir de esta disposición, la palma cumple con altos valores para privilegiar su conservación, de entre los que destacan: su estatus de amenaza, endémica, hábitat esencial para la conservación de la biodiversidad, su unicidad o su extensión reducida y presiones de cambio, además de estar ubicada en un área clave para el mantenimiento de servicios ambientales o ecosistémicos, además de ser un recurso natural con condiciones tales, que satisface algunas necesidades de las comunidades locales.

Los brotes de plagas y patógenos de árboles pueden tener impactos económicos y ambientales negativos, especialmente cuando se ven afectadas grandes áreas de bosque (Macpherson et al. 2017). Las enfermedades son uno de los cuatro principales factores que determinan la dinámica de los ecosistemas forestales, junto con las plagas, los incendios y las condiciones climáticas. Los hongos son los principales agentes causantes de enfermedades forestales que atacan diferentes partes de las plantas, afectando su funcionamiento de varias formas: disminuyen la tasa fotosintética, aumentan el riesgo de caídas inesperadas y reducen la absorción de agua y minerales (Pildain y de-Errasti 2011). Los síntomas visuales de las enfermedades letales de las palmas suelen ser similares, como manchas necróticas (Downer et al. 2009), por lo que resulta difícil conocer, por sus signos y síntomas, qué patógenos hacen o se encuentran en las manchas necróticas.

Las enfermedades de las plantas que son causadas por hongos patógenos representan una grave amenaza para la productividad de las plantas, la seguridad alimentaria (FAO 2022) y los ecosistemas naturales. Un marco útil para la alerta temprana y el manejo rápido es un elemento esencial para prevenir el impacto biológico y ecológico de los patógenos en sus plantas hospedadoras. Por estas razones, las herramientas de detección juegan un papel esencial en el seguimiento de

la sanidad vegetal, la vigilancia y la evaluación cuantitativa del riesgo de patógenos (Phytoma 2007). La necesidad de reducir el tiempo de diagnóstico ha llevado a los fitopatólogos a avanzar hacia métodos más sensibles y rápidos como las técnicas moleculares (Luchi et al. 2020), por lo que es necesario aislar o detectar el patógeno con métodos de cultivo, microscópicos o moleculares (Downer et al. 2009). Hasta el momento no se ha reportado ningún microorganismo patogénico presente en las hojas de la palma de *B. berlandieri*. El objetivo de este estudio fue identificar, mediante técnicas moleculares, a los microorganismos presentes tanto en hojas sanas como con manchas marrón que se encuentran en las hojas de *B. berlandieri*.

MATERIALES Y MÉTODOS

El Área Natural Protegida Altas Cumbres se localiza: 23°37,659 N y 99°12,462 W, a 1061 msnm, en Victoria, Tamaulipas, México; su temperatura anual oscila entre 10 a 35 °C, con una precipitación media anual de 234 a 285 mm (*Periódico Oficial del Estado de Tamaulipas* 2015).

Para realizar este estudio se establecieron cuatro transectos de 100 m cada uno dentro del ANP. Cada transecto fue de 100 m y se recolectaron muestras de hojas de *B. berlandieri*. Se recolectó una hoja (1.5 ± 3.0 m de diámetro) de cinco palmas con signos de manchas cloróticas y necróticas. Además, se recolectaron cinco hojas que no presentaban signos ni síntomas de patógenos. Se cortaron cinco rectángulos de 3×10 cm de cada hoja recolectada, lo que dio un total de 100 muestras (5 cuadros/ hoja/5 palmas/4 transectos). La recolección de palmas fue un trabajo arduo por el tamaño, y por encontrarse dentro de un área natural protegida; se seleccionó un método no destructivo y las muestras obtenidas se almacenaron individualmente en bolsas de papel, dentro de una hielera a 5 ± 2 °C, para realizar el análisis de los microorganismos patogénicos.

Al momento de efectuar el estudio se aislaron las hojas de *B. berlandieri* que presentaban síntomas característicos del patógeno y las asintomáticas. Se cultivaron en cajas Petri con medio al 1.5% de papa dextrosa agar (PDA, DIFCO 254920) a 25 ± 2 °C durante cinco días; el medio se complementó con cloranfenicol a una concentración de 25 µg/µL (Abass et al. 2016). La inoculación del medio se realizó cortando trozos de hoja de 1 cm² los cuales se esterilizaron con hipoclorito de sodio al 10% durante cinco minutos, para posteriormente lavarlos con agua destilada estéril.

Para inocular las cajas Petri se colocó en el centro un trozo de la hoja de la palma, y para realizar una posterior limpieza y separación de los microorganismos, se llevó a cabo por punta de hifas (Recep et al. 2009). Los especímenes de hongos purificados se almacenaron en PDA a 4 °C en el Laboratorio de Genómi-

ca Funcional y Comparativa del Instituto Potosino de Investigación Científica y TECNOLÓGICA (IPICYT).

Para extraer el ADN se cultivaron los hongos en PDA a 18 °C durante 14 días, el micelio (aproximadamente 4.0 g) se molió con un mortero previamente enfriado, hasta obtener un polvo fino bajo N₂. El micelio molido se colocó en un tubo de centrifuga de 35 mL y se re-suspendió a 0 °C en 10 mL de buffer de extracción de ADN (buffer Tris 10 mM, pH 8.0, EDTA 10 mM, SDS al 0.5 %). Se añadió fenol: cloroformo: alcohol isoamílico (25:24:1, 10 mL) a la solución acuosa de micelio y se mezcló lentamente durante 15-30 minutos, en un rotor cilíndrico horizontal. Las fases se separaron por centrifugación a 6 000 rpm durante 15 minutos a 4 °C. Se eliminó el sobrenadante y se repitió el procedimiento de extracción con fenol/separación hasta quedar clara. Se eliminó cualquier rastro de fenol mediante una mezcla de cloroformo: alcohol isoamílico (24:1), y las fases se separaron como antes. Se añadió 1 µL de ribonucleasa A (páncreas bovino) a la solución acuosa y se incubó a 37 °C durante 30 minutos.

La extracción con fenol, seguida de la extracción con cloroformo, se repitió una vez más y el ADN precipitado de la solución acuosa con 2.5 volúmenes de etanol al 100% y 1/10 de volumen de solución de LiCl (4 M) a 32 °C durante la noche. El ADN se recuperó por centrifugación a 13 000 rpm durante 10 minutos; el sedimento se lavó con etanol al 70% a 4 °C, se secó al aire y se re-suspendió durante la noche en aproximadamente 1 mL de buffer TE (Tris-HCl 10 mM, pH 8.0, EDTA 1 mM). El ADN genómico, para ser usado como plantilla en reacciones de PCR, se almacenó a 4 °C (Nicholson et al. 2001; Peters et al. 2008).

La unidad de ADN_r nuclear de 5.8 S, junto con sus secuencias espaciadoras transcritas internas (ITS), se amplificaron usando los cebadores ITS1 (5'TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') e ITS4 (5'TTC TTC GCT TAT TGA TAT GC3') (10 µM) (Abass et al. 2014), utilizando una mezcla de amplificación con un volumen final de 20 µL (13.58 µL MQ-H₂O, 2 µL MgCl₂ (10 X), 0.32 µL buffer (32 mM) MgCl₂, 0.4 µL de dNTP's (10 mM), 0.5 µL de ITS (10 M), 0.2 µL de ADN polimerasa taq 1U y 1 µL de ADN (40 ng/L)). La PCR se realizó en un termociclador Veriti de Applied Biosystems. Para la amplificación por PCR, se incluyeron pasos de desnaturalización a 94 °C durante 5 min, seguidos de 35 ciclos de 94 °C durante 30 s, 57 °C durante 30 s y 72 °C durante 40 segundos.

Se realizó un paso final de elongación a 72 °C durante 5 min. Los productos de PCR se visualizaron mediante electroforesis horizontal en un gel de agarosa al 2%, después de teñirlos con bromuro de etidio a 0.5 µg/mL. Los productos de la PCR de 580 y 750 pb se clonaron en el vector pJET1.2 (Thermo Scientific, CloneJET PCR Cloning Kit Cat. No. K1231), siguiendo las recomendaciones del fabricante. Los productos de ligación utilizados para transformar células TOP

10F de *Escherichia coli* químicamente competentes y cinco clones diferentes, se seleccionaron para cada reacción de ligadura/transformación.

Los plásmidos recombinantes se extrajeron y secuenciaron mediante la técnica de Sanger en el secuenciador AB3130 Applied Biosystems. El plásmido secuenciado se analizó por comparación con todas las secuencias disponibles del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) usando la herramienta de alineación local BLAST (por sus siglas en inglés: Basic Local Alignment Search Tool). Los especímenes de soporte de los hongos se localizan en el Laboratorio de Genómica Funcional y Comparativa del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT), a una temperatura de 4 °C.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Observaciones en campo

En cada transecto se contabilizaron 15 ± 5 palmas, de las cuales 2 ± 1 hojas de 5 ± 3 palmas manifestaban síntomas con mayor frecuencia en las hojas jóvenes, a través de manchas irregulares-ovaladas de color marrón oscuro, de una longitud aproximada de dos a cinco mm en el haz y envés de la hoja, extendiéndose a lo largo de la base hasta el ápice, como se muestra en la Figura 1. Además, se observó que en palmas jóvenes las manchas son ovaladas, irregulares, de color marrón pálido con bordes amarillos, mientras que en palmas maduras se presenta el daño mayor en casos severos, con el progreso de la infección que posiblemente puede conducir a la muerte del raquis. Las manchas marrones y el tizón están correlacionadas con una disminución de la tasa fotosintética (Pildain y de-Errasti 2011); esto, aunado con las condiciones ambientales del ANP, puede provocar que la enfermedad se incremente en las poblaciones de *B. berlandieri*. El patógeno *A. alternata* puede ser el responsable de esta sintomatología, ya que causa marchitamiento vascular, lesiones necróticas, manchas en hojas y tallos, y su presencia también puede representar una amenaza para la salud de personas consumidoras debido a la producción de micotoxinas (Agrios 2005 y Pavón-Moreno et al. 2012).

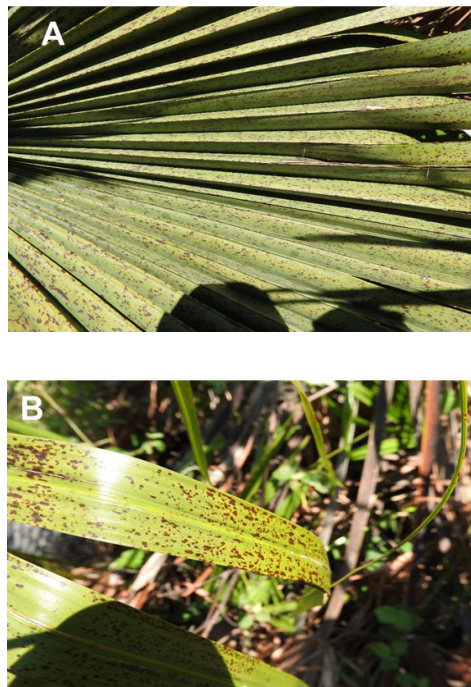


Figura 1. Síntomas de hongos en hojas de *Brahea berlandieri*. A) Manchas marrones en toda la hoja, desde la base hasta la punta; B) Manchas marrones alargadas.

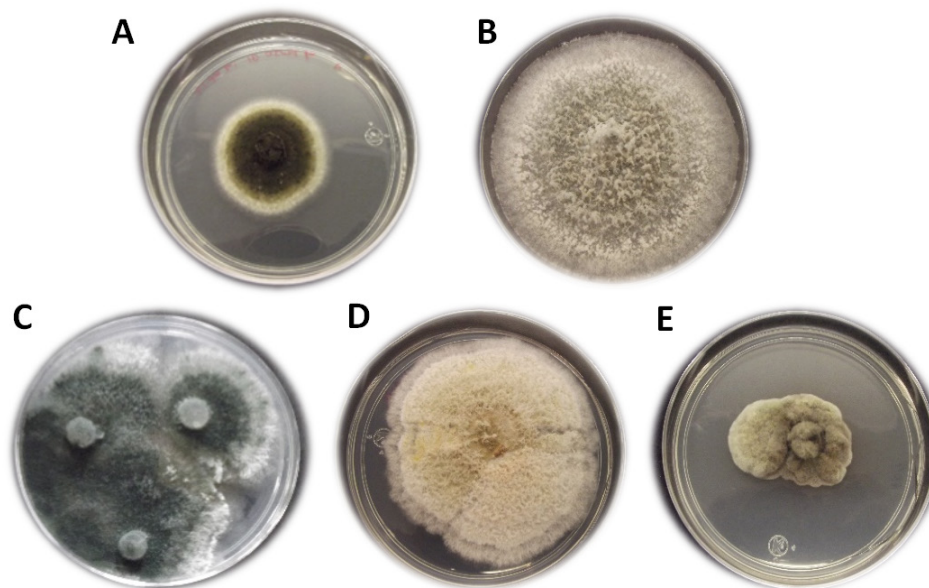


Figura 2. Hongos aislados de hojas de *Brahea berlandieri*. A) *Alternaria alternata*, B) *Epicoccum sorghinum*, C) *Nigrospora oryzae*, D) *Setosphaeria rostrata*, E) *Cladosporium cladosporioides*

Caracterización molecular de aislados

De los aislamientos de hongos se obtuvieron cinco cultivos puros, las pruebas moleculares identificaron a: *Alternaria alternata*, *Epicoccum sorghinum*, *Nigrospora oryzae*, *Setosphaeria rostrata* y *Cladosporium cladosporioides*. En la Figura 2 se observan macroscópicamente las características de los aislados puros de los hongos de las hojas de la palma. La secuencia ITS mostró un alto porcentaje de similitud con las secuencias ITS de hongos fitopatógenos (Cuadro 1). Downer et al. (2009) recomiendan el aislamiento o detección del patógeno con métodos de cultivo o moleculares. Por otro lado, Hariharan y Prasannath (2021) mencionan que el mejor método para el diagnóstico preciso de enfermedades de las plantas es el que se basa en el ADN, por su detección e identificación precisa y rápida de los hongos que infectan a las plantas, lo cual facilita el manejo de la enfermedad.

Los hongos encontrados en las hojas de *B. berlandieri* presentan hábitos saprofitos y parásitos. Huan et al. (2007) mencionan que algunos microorganismos pueden cambiar sus hábitos, dependiendo del ambiente en el que se desarrollen; por ejemplo, pueden ser endófitos y/o patógenos, por lo que se puede observar homología de resultados moleculares; en 2014, Abass y Mohammed caracterizaron dos especies de *Nigrospora* causantes de enfermedad en la palma datilera y en distintos aislados de cultivos de palma identificaron a *N. oryzae* y a *N. sphaerica*. Estos

Cuadro 1. Comparación de secuencias en el banco de genes del NCBI de los hongos asociados a <i>B. berlandieri</i> y porcentaje de similitud, así como su ubicación.				
Clave de identificación IPICYT	Identificación molecular	Porcentaje de identificación	Número de acceso	Origen
HA	<i>A. alternata</i>	100 %	KX783399.1	China
HB	<i>E. sorghinum</i>	100 %	MF948994.1	China
HH	<i>N. oryzae</i>	99 %	KC341981.1	México
18sH6	<i>S. rostrate</i>	99 %	KJ159579.1	Bélgica
18sH9	<i>C. cladosporioides</i>	99 %	KP788715.1	México

resultados mostraron que ambos patógenos son capaces de invadir a las plantas con distinta virulencia.

La mayoría de las especies de *Alternaria* son hongos saprofitos que se encuentran en el suelo y en plantas en descomposición. Sin embargo, algunas especies son patógenos oportunistas que, colectivamente, causan un rango de enfermedades a una variedad de cultivos como cereales, plantas ornamentales, cultivos oleaginosos, vegetales como la coliflor, el brócoli, la zanahoria y la papa, y frutas como tomate, cítricos y manzana (Thomma 2003). Ammar y Naggar (2011) reportaron a *A. alternata* causando manchas marrones en las hojas de la palma datilera, *Phoenix dactylifera* L. (Arecaceae). Estas manchas son similares a las que se reportan en este estudio. Ellos mencionan que esta palma se considera el principal cultivo social y económico en la región desértica de Arabia Saudita.

Por otro lado, *A. alternata* es un hongo que provoca alergia en humanos (Dang et al. 2015), lo cual podría generar un daño al ecoturismo de la zona si se incrementan las plantas hospederas de este agente, así como a la comunidad. Actualmente la tasa de crecimiento de las alergias respiratorias es alarmante y se considera un fenómeno mundial (Rodríguez et al. 2010). En Europa, un estudio multicéntrico realizado por D'Amato et al. (1997), documentaron la prevalencia de la alergia respiratoria relacionada con sensibilización a hongos, particularmente a *Alternaria* y *Cladosporium*, desde 3% en Portugal hasta 20% en España.

Las especies del género *Epicoccum* son endófitos (Elkhateeb y Daba 2019). Abass et al. (2016) reportaron que *Epicoccum sorghinum* causa manchas foliares a otra especie de palma, de la familia Arecaceae (*P. dactylifera*). Estos autores documentaron que este patógeno reduce significativamente el crecimiento, desarrollo y producción de la palma datilera. *E. sorghinum* causa un impacto económico severo en la producción de sorgo (Oliveira et al. 2019), debido a la facilidad que tiene para dispersarse y propagarse a través de las corrientes de aire, por lo que este patógeno podría propagarse y causar pérdidas económicas en los cultivos de

sorgo en Tamaulipas, principal estado productor de sorgo en México (Fideicomisos Instituidos en Relación con la Agricultura México [FIRA] 2020).

Las especies del género *Nigrospora* son fitopatógenos, endófitos y saprobios en diferentes hospederos (Hao et al. 2020). *N. oryzae* y *N. sphaerica* son las más reportadas como fitopatógenos (Hao et al. 2020). *N. oryzae* provoca manchas foliares en la palma *P. dactylifera*, las cuales son similares a las observadas en las hojas de *B. berlandieri* (Abass et al. 2007; Abass y Mohammed 2014). Además, el hospedero principal de *N. oryzae* es el arroz, *Oryza sativa* L., que causa la enfermedad de la mancha del grano de arroz, mientras que, en *Zea mays* L. produce la pudrición de la raíz (Mew y Gonzales 2002; Saunders y Kohn 2008). Es importante considerar que *B. berlandieri* puede ser un hospedero de este patógeno y puede afectar a los cultivos adyacentes al área de estudio, como el maíz, el cual es una de las principales actividades agropecuarias de los pobladores del ANP Altas Cumbres (*Periódico Oficial del Estado de Tamaulipas* 2015).

El género *Cladosporium* es uno de los hongos más comunes que se encuentran en distintos sustratos e incluye especies con estilos de vida diversos. *C. cladosporioides* afecta a varios cultivos tales como los de la mandarina (*Citrus reticulata* Blanco), la papaya (*Papaya carica* L.), el maracuyá (*Passiflora edulis* Sims.), mango (*Mangifera indica* L.) y zapote (*Pouteria campechiana* Baehni) (Nabor-Romero et al. 2018). Además, del comportamiento saprófito y fitopatógeno (Torres et al. 2017), se ha descrito como antagonista de *Venturia inaequalis* (Köhl et al. 2009) y de *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Zhan et al. 2014).

Setosphaeria rostrata (= *Exserohilum rostratum*) es otro patógeno aislado de las hojas de *B. berlandieri*. *S. rostrata* tiene varios hábitos de sobrevivencia como patógeno vegetal, patógeno humano oportunista y heterotálico, y sus hospederos son: pastos, bananos, maíz, arroz, caña de azúcar, sorgo, tomate, trigo y humanos (Wu y Turgeon 2013; Kusai et al. 2016). Este patógeno causa la enfermedad de las manchas foliares y afecta a una amplia gama de especies de plantas, principalmente gramíneas (Kusai et al. 2016). Las manchas de color marrón observadas en las hojas de *B. berlandieri* fueron similares a las reportadas por Majeed et al. (2016) y Kusai et al. (2016) en hojas de *Oryza sativa*.

Los hongos fitopatógenos pueden provocar el deterioro de la palma y reducir directamente su densidad poblacional, además de ser hospederos alternos, para después dispersarse a cultivos de interés económico de la zona y, posiblemente, provocar un impacto en la productividad de los cultivos. Se requieren más estudios para conocer si un solo patógeno es causante de las manchas marrones o si es una sinergia, por lo que se deben iniciar medidas de manejo efectivas para el control de la enfermedad, la recuperación y conservación de las poblaciones de *B. berlandieri*, las cuales se encuentran bajo la categoría de riesgo: Sujeta a protección especial (Pr), enlistada en la NOM-059-SEMARNAT-2010; también es neces-

rio obtener datos precisos sobre la epidemiología y sintomatología que las manchas pueden llegar a ejercer dentro de la dinámica de los ecosistemas forestales.

CONCLUSIÓN

En este estudio, con el diagnóstico molecular, se identificaron los patógenos *A. alternata*, *E. sorghinum*, *N. oryzae*, *S. rostrata* y *C. cladosporioides* que probablemente son los causantes de las manchas marrones presente en las hojas de la palma *B. berlandieri*, localizadas en el Área Natural Protegida Altas Cumbres, Victoria, Tamaulipas, México. Estos patógenos pueden presentar diferentes hábitos de sobrevivencia como fitopatógenos y saprófitos (*C. cladosporioides*, *S. rostrata* y *A. alternata*), otros sólo como fitopatógenos (*N. oryzae* y *E. sorghinum*).

LITERATURA CITADA

- Abass M.H. 2016. Identification of different fungal fruit rot pathogens of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) using ITS and RAPD markers. *Basra Journal for Date Palm Researches*. 15(1-2): 1-10. <https://www.iasj.net/iasj?func=fulltext&aId=115601>.
- Abass M.H. and N.H. Mohammed. 2014. Morphological, molecular and pathological study on *Nigrospora oryzae* and *Nigrospora sphaerica*, the leaf spot fungi of date palm. *Basra Journal for Date Palm Researches*. 13(1-2): 26–38. <https://www.iasj.net/iasj?func=fulltext&aId=95520>.
- Abass M.H., Hameed M.A. and A.N. Ahmed. 2013. First report of *Nigrospora sphaerica* (Sacc.) Mason as a potential pathogen of date palm (*Phoenix dactylifera* L.). *Canadian Journal of Plant Pathology*. 35(1): 75-80. <https://doi.org/10.1080/07060661.2012.732612>
- Abass M.H., Hameed M.A. and A. Al-Sadoon. 2007. Survey of fungal leaf spot disease of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) in Shaat- Alarab orchards/Basra and evaluation of some fungicides. *Basra Journal for Date Palm Researches*. 6(1): 1-21. <https://www.iasj.net/iasj?func=article&aId=5466>
- Agrios G.N. 2005. Plant pathology. 5^a ed. Elsevier Academic Press, Burlington, MA. USA. 952 p.
- Ammar M.I. and M.A. El-Naggar. 2011. Date palm (*Phoenix dactylifera* L.) fungal diseases in Najran, Saudi Arabia. *International Journal of Plant Pathology*. 2(3): 126–135. <https://doi.org/10.3923/ijpp.2011.126.135>
- Casadevall A. and L.A. Pirofski. 2013. *Exserohilum rostratum* fungal meningitis associated with methylprednisolone injections. *Future Microbiology*. 8(2): 135-137. <https://doi.org/10.2217/fmb.12.138>
- D'Amato G., Chatzigeorgiou G., Corsico R., Gioulekas D., Jäger L., Jäger S., Kontou-Fili K., Kouridakis S., Liccardi G., Meriggi A., Palma-Carlos A., Palma-Carlos



- M.L., Pagan A.A., Parmiani S., Puccinelli P., Russo M., Spieksma F.T., Torricelli R. and B. Wüthrich. 1997. Evaluation of the prevalence of skin prick test positivity to *Alternaria* and *Cladosporium* in patients with suspected respiratory allergy. *Allergy* 52:711-716. <https://doi.org/10.1111/j.1398-9995.1997.tb01227.x>.
- Dang H.X., Pryor B., Peever T. and C.B. Lawrence. 2015. The *Alternaria* genomes database: a comprehensive resource for a fungal genus comprised of saprophytes, plant pathogens, and allergenic species. *BMC Genomics* 16(239). <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1430-7>
- Downer A., Uchida J.Y., Hodel D.R. and M.L. Elliott. 2009. Lethal Palm Diseases Common in the United States, *HortTechnology*. 19(4): 710-716. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.19.4.710>
- Elkhateeb W.A. and G.M. Daba. 2019. *Epicoccum* species as potent factories for the production of compounds of industrial, medical, and biological control applications. *Biomedical Journal of Scientific & Technical Research*. 14(3): 10616-10620. <https://doi.org/10.26717/BJSTR.2019.14.002541>
- Fideicomisos Instituidos en Relación con la Agricultura México (FIRA). 2020. Panorama Agroalimentario, Sorgo 2020. 200 pp. In: <https://www.inforural.com.mx/wp-content/uploads/2020/11/Atlas-Agroalimentario-2020.pdf> (Fecha de consulta: 10 de febrero de 2022).
- Food and Agricultural Organization (FAO) (2022). Plagas y enfermedades de las plantas. <https://www.fao.org/emergencias/tipos-de-peligros-y-de-emergencias/plagas-y-enfermedades-de-las-plantas/es/> (Fecha de consulta: 10 de febrero de 2022).
- Hao Y., Aluthmuhandiram J.V.S., Chethana K.W.T., Manawasinghe I.S., Li X., Liu M., Hyde K.D., Phillips A.J.L. and W. Zhang. 2020. *Nigrospora* species associated with various hosts from Shandong Peninsula, China. *Mycobiology*. 48(3):169-183. <https://doi.org/10.1080/12298093.2020.1761747>
- Hariharan G. and K. Prasannath. 2021. Recent advances in molecular diagnostics of fungal plant pathogens: A mini Review. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 10: 600234. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.600234>
- Huang S.L., Yan B., Wei J.G., Yan W.H., Cen Z.L. and T. Yang. 2007. First report of plantain zonate leaf spot caused by *Pestalotiopsis menezesiana* in China. *Australasian Plant Disease Notes*. 2(1): 61-62. <https://doi.org/10.1071/DN07025>.
- Jardel-Peláez E.J. 2015. Criterios para la conservación de la biodiversidad en los programas de manejo forestal. Comisión Nacional Forestal (CONAFOR). Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo (PNuD). Zapopan, Jalisco, México. 126 p.
- Köhl J.J., Molhoek W.W.M.L., Groenenboom-de Haas B. B.H. and H.H.M. Goossen-van de Geijn. 2009. Selection and orchard testing of antagonists sup-

- pressing conidial production by the apple scab pathogen *Venturia inaequalis*. *European Journal of Plant Pathology*. 123(4): 401-414. <https://doi.org/10.1007/s10658-008-9377-z>
- Kusai N.A., Azmi M.M., Zainudin N.A., Yusof M.T. and A.A. Razak. 2016. Morphological and molecular characterization, sexual reproduction, and pathogenicity of *Setosphaeria rostrata* isolates from rice leaf spot. *Mycologia*. 108(5): 905-914. <https://doi.org/10.1007/s108.10.3852/15-175>
- Lin S.H., Huang S.L., Li Q.Q., Hu C.J., Fu G., Qin L.P., Ma Y.F., Xie L., Cen Z.L. and W.H. Yan. 2011. Characterization of *Setosphaeria rostrata*, a new causal agent of banana leaf spot disease in China. *Australasian Plant Pathology*. 40(3): 246-259. <https://doi.org/10.1007/s13313-011-0037-y>
- Luchi N., Ioos R. and A. Santini. 2020. Fast and reliable molecular methods to detect fungal pathogens in woody plants. *Applied Microbiology Biotechnology*. 104: 2453-2468. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10395-4>
- Luke D., McLaren K. and B. Wilson. 2016. Short-term Dynamics and the effects of biotic and abiotic factors on plant physiognomic groups in a hurricane-impacted lower montane tropical forest. *BIOTROPICA*. 48(3): 332-334. <https://doi.org/10.1111/btp.12288>
- Macpherson M.F., Kleczkowski A., Healey J.R., Quine C.P. and N. Hanley. 2017. The effects of invasive pests and pathogens on strategies for forest diversification. *Ecological modelling*. 350: 87-99. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2017.02.003>
- Majeed R.A., Shahid A.A., Liaqat G.A., Saleem K., Asif M., Shafiq M. and M.S.H. Noreen. 2016. First Report of *Setosphaeria rostrata* causing brown leaf spot of rice in Pakistan. *Plant Disease*. 100(10): 2162. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-16-0220-PD>
- Mew T.W. and P. Gonzales. 2002. Handbook of rice seedborne fungi. International Rice Research Institute (IRRI). Science Publishers, Inc. Manila, Philippines. 90 p. In: http://books.irri.org/9712201740_content.pdf
- Nabor-Romero O., Silva-Valenzuela M., Rojas-Martínez R.I. and R. Garza-García. 2018. Primer reporte de *Cladosporium cladosporioides* causando pudriciones en frutos de zapote mante en México. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 36(2): 356-362. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1712-1>
- Nicholson T.P., Rudd B.A., Dawson M., Lazarus C.M., Simpson T.J. and R.J. Cox. 2001. Design and utility of oligonucleotide gene probes for fungal polyketide synthases. *Chemistry & biology*. 8(2): 157-178. [https://doi.org/10.1016/s1074-5521\(00\)90064-4](https://doi.org/10.1016/s1074-5521(00)90064-4)
- NOM-059-SEMARNAT-2010. Diario Oficial de la Federación jueves 30 de diciembre de 2010. 77 pp. In: https://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/3552/1/nom-059-semarnat-2010__30-dic-2010.pdf (Fecha de consulta: 15 de enero de 2022).

- Oliveira R.C., Davenport K.W., Hovde B., Silva D., Chain P.S.G., Correa B. and D.F. Rodrigues. 2017. Draft genome sequence of sorghum grain mold fungus *Epicoccum sorghinum*, a producer of tenuazonic acid. *Genome Announcements*. 5(4): e01495-16. <https://doi.org/10.1128/genomeA.01495-16>
- Oliveira R.C., Goncalves, S.S., Silva Dilkin P., Madrid H. and B. Correa. 2019. Polyphasic characterization of *Epicoccum sorghinum*: A tenuazonic acid producer isolated from sorghum grain. *International Journal of Food Microbiology*. 292(2): 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.12.004>
- Pavón-Moreno M.Á., González-Alonso, I., Martín-de-Santos, R., and T. García-Lacarra. 2012. Importancia del género *Alternaria* como productor de micotoxinas y agente causal de enfermedades humanas. *Nutrición Hospitalaria*. 27(6): 1772-1781. <https://dx.doi.org/10.3305/nh.2012.27.6.6017>
- Periódico Oficial del Estado de Tamaulipas. 2015. Gubernamental mediante el cual se aprueba el Programa de Manejo del Área Natural Protegida “Altas Cumbres”, localizada en los municipios de Jaumave y Victoria, Tamaulipas. Gobierno del Estado de Tamaulipas. 221 pp. In: <http://po.tamaulipas.gob.mx/wp-content/uploads/2015/05/cxl-52-300415F-ANEXO-2.pdf>. (Fecha de consulta: 6 de marzo de 2022).
- Peters J.C., Lees A.K., Cullen D.W., Sullivan L., Stroud G.P. and A.C. Cunnington 2008. Characterization of *Fusarium* spp. responsible for causing dry rot of potato in Great Britain. *Plant Pathology*. 57(2): 262-271. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01777.x>
- Phytoma. 2005. Las nuevas tecnologías como instrumento de apoyo en la toma de decisiones en el campo. <https://www.phytoma.com/la-revista/phytohemeroteca/186-febrero-2007/las-nuevas-tecnologias-como-instrumento-de-apoyo-en-la-toma-de-decisiones-en-el-campo>
- Pildain M.B. and A. de-Errasti. 2011. Hongos patógenos de pinos en la patagonia y su asociación con plagas entomológicas. 1-14 pp. In: Villacide J. and J. Corley (Eds.). Serie Técnica: Manejo Integrado de Plagas Forestales. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. In: https://inta.gob.ar/sites/default/files/script-tmp-inta-_cuadernillo12_-_hongos_patgenos_de_pinos_en_pat.pdf (Fecha de consulta: 18 febrero 2022).
- Pulido M.T. and M. Coronel-Ortega. 2015. Ethnoecology of the palm *Brahea dulcis* (Kunth) Mart. in central Mexico. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*. 11(1): 1-16. <https://doi.org/10.1186/1746-4269-11-1>
- Quero H.J. 1992. Current status of mexican palms. *Principes*. 36: 203–216.
- Quero H.J. 2004. Palmae (pp. 1-23). En Rzedowski J. and G. Calderon-de-Rzedowski (Eds). Flora del bajío y de regiones adyacentes, Fascículo 129. Instituto de Ecología, Veracruz, México.

- Recep K., Fikrettin S., Erkol D. and E. Cafer. 2009. Biological control of the potato dry rot caused by *Fusarium* species using PGPR strains. *Biological Control*. 50(2): 194–198. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2009.04.004>
- Rodríguez-Orozco A.R., Moreno-Chimal K., Méndez-López T. and C. Gómez-Alonso. 2010. Prevalencia comparada de sensibilización a géneros de hongos alergénicos en pacientes con alergias respiratorias provenientes de Michoacán y Altos de Jalisco-León, Gto., años 2004-2006 vs 2007-2009. *Revista Mexicana de Micología*. 32: 01-09. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-31802010000200001&lng=es&tlng=es. (Fecha de consulta: 5 de mayo de 2022).
- Saunders M. and L.M. Kohn. 2008. Host-synthesized secondary compound influence the in vitro interactions between fungal endophytes of maize. *Applied and Environmental Microbiology*. 74(1): 136-142. <https://doi.org/10.1128/AEM.01538-07>
- Thomma B. 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>
- Torres D.E, Rojas-Martínez R.I., Zavaleta-Mejía E., Guevara-Fefer P., Márquez-Guzmán G.J. and C. Pérez-Martínez. 2017. *Cladosporium cladosporioides* and *Cladosporium pseudocladosporioides* as potential new fungal antagonists of *Puccinia horiana* Henn., the causal agent of chrysanthemum white rust. *PLoS One*. 12(1): e0170782. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170782>
- Wu D. and B.G. Turgeon. 2013. *Setosphaeria rostrata*: Insights from the sequenced genome 4 of *Setosphaeria turcica*. *Fungal Genetics and Biology*. 61:158-163. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2013.08.015>
- Zhan G., Tian Y., Wang F., Chen X., Guo J., Jiao M., Huang L. and Z. Kang. 2014. A Novel Fungal Hyperparasite of *Puccinia striiformis* f. sp. tritici, the causal agent of wheat stripe rust. 2014. *PLoS One*. 9(11): e111484. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0111484>