



Caracterización morfológica y molecular de *Fusarium incarnatum* asociado a la Malformación del Mango (*Mangifera indica*) en Sinaloa, México

Leonardo Román-Román¹, Tomás Aarón Vega-Gutiérrez¹, Martín Abraham Tirado-Ramírez¹, Luz Llarelly Cázarez-Flores¹, Lorena Molina-Cárdenas^{1*}, Indira Rojo-Báez². ¹Universidad Autónoma de Sinaloa, Facultad de Agronomía, km 17.5 Carretera Culiacán-Eldorado, Culiacán, Sinaloa, C.P. 80000, México. ²Universidad Autónoma de Sinaloa, Facultad de Biología, Ciudad Universitaria, Blvd. de las Américas y Blvd. Universitario S/N. Culiacán, Sinaloa, CP. 80013, México.

*Autor de Correspondencia:
Lorena Molina-Cárdenas
lorenamolina@uas.edu.mx

Sección:
Edición periódica

Recibido:
01 Julio, 2024

Aceptado:
26 Abril, 2025

Publicado:
29 Abril, 2025

Cita:
Román-Román L, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Cázarez-Flores LLI, et al., 2025. Caracterización morfológica y molecular de *Fusarium incarnatum* asociado a la Malformación del Mango (*Mangifera indica*) en Sinaloa, México. Revista Mexicana de Fitopatología 43(2): 68. <https://doi.org/10.18781/R.ME.X.FIT.2407-1>

RESUMEN

Antecedentes/Objetivo. La malformación del mango es una de las principales enfermedades que ataca a dicho cultivo y por ende limita su producción a nivel mundial. El objetivo del presente estudio fue identificar a nivel morfológico y molecular al agente fitopatógeno asociado a la malformación del mango en Sinaloa, México.

Materiales y Métodos. En el año 2018, se colectaron muestras con síntomas de malformación, como panículas compactadas y erupción de múltiples brotes vegetativos, en huertas de mango en Sinaloa. Con base en las características morfológicas los aislados se identificaron como *Fusarium incarnatum*. La identificación molecular se realizó mediante la amplificación del gen parcial del factor de elongación (TEF-1 α) y análisis filogenético. Se realizaron pruebas de patogenicidad en plantas de mango, mediante inoculación artificial.

Resultados. Los síntomas en las plantas inoculadas se observaron a las siete semanas después de la inoculación, con un rango de 2 a 4 en la escala de severidad de la enfermedad, en las plantas testigo no se observaron síntomas. Del tejido sintomático se aisló de nuevo el patógeno e identificó por medio de morfología, con ello cumpliendo con los postulados de Koch.

Conclusión. *Fusarium incarnatum* se asocia por primera vez causando la malformación en mango, en Sinaloa, México.

Palabras clave: Factor de elongación, *Fusarium*, Postulados Koch



INTRODUCCIÓN

El mango (*Mangifera indica*) es el frutal de mayor importancia económica en las regiones tropicales y subtropicales del mundo. México es uno de los principales productores a nivel mundial, en el 2022 ocupó el quinto lugar en cuanto a superficie y producción, aportando 2,485,545 t (FAO, 2024), mientras que Sinaloa en 2022 aportó 407,831.14 t posicionándose en el segundo lugar (SIAP, 2024). Sin embargo, dicha producción es afectada por enfermedades destructivas como la “enfermedad de la malformación del mango”, “escoba de bruja” o proliferación vegetativa y floral (PVF), reportada por primera vez en India en 1891 (Krishnan *et al.*, 2009), misma que afecta brotes vegetativos y florales; destacando su severidad y control ineficiente, presentándose en la mayoría de las variedades y zonas cultivadas (Ploetz, 2007); las inflorescencias marchitas que permanecen en el árbol provocan el contagio de la enfermedad a yemas sanas (Gamliel-Atinsky *et al.*, 2009).

El cultivo de mango es afectado por 83 enfermedades y trastornos diferentes, en los que destaca 52 enfermedades fúngicas y tres bacterianas, aunado a que presenta nematodos fitoparásitos del árbol y de la fruta que causan pérdidas (Pernezny y Simone, 2000). El género *Fusarium* descrito por Link (Link, 1809), pertenece a la familia Nectriaceae, el cual engloba más de 100 especies, de las cuales la mayoría son patógenas de plantas. Entre los síntomas que ocasionan está la marchitez, tizones y pudriciones, en diferentes cultivos de importancia económica y ecosistemas naturales (Ma *et al.*, 2013).

En *Fusarium*, se han descrito varias especies ocasionando enfermedades en mango, *F. decemcellulare* se reportó como agente causal de la malformación en Venezuela y muerte regresiva en China (Castellano y Guanipa, 2004; Qi *et al.*, 2013), *F. proliferatum* causando la malformación y mancha foliar en China (Zhan *et al.*, 2010; Omar *et al.*, 2018), la malformación se ha reportado en Pakistán asociada a *F. nivale* (Khaskheli *et al.*, 2008), en Senegal y España ocasionada por *F. tuiense* (Lamine *et al.*, 2012; Crespo *et al.*, 2016), en República Dominicana se asoció a *F. pseudocircinatum* (García-López *et al.*, 2016). En México se informó que los agentes causales son *F. subglutinans* (Mora, 2000), *F. mexicanum* (Otero-Colina *et al.*, 2010), *F. pseudocircinatum* (Freeman *et al.*, 2014), *F. neocosmosporiellum* y *F. proliferatum* (Molina-Cárdenas *et al.*, 2021; 2023). Debido a la importancia de la enfermedad, se plantea que más especies de *Fusarium* pueden causar la malformación por ello, el objetivo del presente estudio fue identificar a nivel morfológico y molecular al agente fitopatógeno asociado a la malformación del mango en Sinaloa, México.

En 2018 se observaron árboles de mango con malformación floral y vegetativa en huertas comerciales y se recolectaron 25 muestras de tejido de árboles con síntomas como hinchazón de yemas, erupción de múltiples brotes terminando en ápice con apariencia de racimo y panícula compactada, en los municipios de Culiacán (6 muestras) localizada a 24° 19' 53.6'' LN 107° 21' 59.2'' LO, Navolato (3 muestras) 24° 46' 08.6" LN 107° 33' 10.0" LO, El Rosario (10 muestras) 22° 54' 40.9" LN 105° 53' 45.3 "LO y Escuinapa (6 muestras) 22° 53' 52.9 "LN 105° 48' 30.9" LO en Sinaloa. Las muestras fueron etiquetadas y transportadas al laboratorio de Fitoprotección de la Facultad de Agronomía (UAS) para ser analizadas, el aislamiento del patógeno se realizó cortando pequeños trozos de las muestras con síntomas que se desinfectaron superficialmente con hipoclorito de sodio al 2 % durante tres minutos y etanol al 70 % por tres minutos, posteriormente se procedió a enjuagarlos dos veces por tres minutos con agua destilada esterilizada. Los

trozos se colocaron en papel absorbente estéril, para retirar la humedad, se sembraron en cajas de Petri con medio de cultivo Papa Dextrosa Agar (PDA) y se incubaron a 25 °C. Para obtener los cultivos monospóricos se utilizó la metodología propuesta por Hansen y Smith (1932), donde se colocó un trozo del micelio en un tubo eppendorf con 1 mL de agua destilada estéril y mediante diluciones seriadas se eligió una espora la cual se colocó en una nueva caja con medio de cultivo PDA.

Para la caracterización morfológica se siguió la metodología propuesta por Leslie y Summerell (2006). Para ello, los aislados se cultivaron en PDA a 25 °C en la oscuridad por 10 días, para observar la formación de micelio aéreo y color de la colonia. Posteriormente, se transfirió a medio de cultivo agar hoja de clavel (CLA), bajo las mismas condiciones anteriormente mencionadas, por medio de un microscopio óptico se observaron el largo y ancho de microconidias y macroconidias (n=50), número de septos, forma, disposición de células conidiógenas en monofialides y polifialides, la presencia o ausencia de esporodoquios y clamidosporas. Para la medición de las estructuras fúngicas (n=50) se utilizó un microscopio óptico con cámara acoplada al software DinoCapture versión 2.0.

Para la caracterización molecular se seleccionaron dos aislados monospóricos (95VESIN y 121FRSIN), de un total de ocho aislados que fueron caracterizados por morfología. El micelio de los aislados se colectó raspando la superficie de las colonias crecidas en PDA previamente incubadas durante una semana a 25 °C. Se procedió a pulverizar 100 mg de micelio fúngico de cada aislamiento en nitrógeno líquido y se extrajo el ADN genómico mediante el método descrito por Ausubel *et al.* (2003). La calidad y concentración de ADN se estimaron utilizando un espectrofotómetro Thermo Scientific NanoDrop™ 1000 (Fisher Scientific).

El ADN extraído de los aislados de *Fusarium* se analizó mediante PCR punto final con los cebadores: EF 1 (D) ATGGGTAAGGA(A/G)GACAAGAC, EF 2 (R)GGA(G/A)GTACCAGT(G/C)ATCATGTT (O'Donnell *et al.*, 1998; Geiser *et al.*, 2004). La mezcla de la reacción final fue de 25 µL que contenía 100 ng de ADN molde, una mezcla equimolar de dNTPs y 25 nM MgCl₂, 2.1 U de ADN Taq Polimerasa y 40 pmol de cada oligonucleótido (Bioline, TN, EE. UU.).

Los productos amplificados de PCR (ADN del gen TEF-1α) fueron purificados y secuenciados por MacroGen Inc. (Seúl, Corea del Sur). Las secuencias se utilizaron para buscar similitud y comprobar su identidad al compararse con las secuencias de la base de datos de GenBank NCBI (National Center for Biotechnology Information) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) utilizando el programa BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) y en BLAST en Fusarium-ID. Las especies se identificaron basándose en una identidad de secuencia del 99 al 100 %. Para el análisis filogenético, las secuencias del gen TEF-1α de los aislados se alinearon con secuencias de referencias obtenidas del GenBank y las relaciones filogenéticas entre los cultivos monospóricos de *Fusarium* se infirieron basándose en la alineación de las secuencias de nucleótidos del gen. El árbol se construyó mediante el método de unión de vecinos basado en distancias determinadas por el método de Jukes y Cantor (Erickson, 2010) utilizando 1,000 réplicas de arranque.

Se evaluó la capacidad de ocho aislados provenientes de los municipios de Culiacán (161VCSIN, 163VCSIN y 166VCSIN), Navolato (170FNSIN), El Rosario (39VRSIN, 121FRSIN y 134VRSIN) y Escuinapa (95VESIN), que fueron caracterizados por morfología como *Fusarium incarnatum*, para causar la enfermedad de la malformación,

mediante inoculaciones artificiales en cinco plantas sanas de mango criollo por aislado, de cuatro meses de edad contenidas en bolsas de polietileno con suelo estéril, mantenidas en condiciones de invernadero durante 12 meses. El inóculo se preparó cultivando los aislados en CLA bajo luz fluorescente blanca fría durante 14 días a 25 °C para estimular la esporulación (Freeman *et al.*, 1999). Las pruebas de patogenicidad se realizaron durante 2019-2021. Se inocularon las yemas apicales y cinco nudos por planta, inyectando 20 µL de la suspensión de conidios (1×10^6 conidios mL⁻¹), y se inocularon cinco nudos por planta. Las plantas testigo se inocularon con agua destilada estéril. Los ensayos de patogenicidad se realizaron dos veces. La severidad de la enfermedad se evaluó mediante la escala propuesta por Iqbal *et al.* (2006) (Cuadro 1) con modificaciones, 0 es una planta asintomática y 5 es una planta con síntomas más severos.

Cuadro 1. Escala de severidad de la enfermedad de malformación propuesta por Iqbal *et al.* (2006).

Valor	Síntoma
0	Planta sana
1	Hinchazón de las yemas para malformaciones vegetativas y florales
2	Erupción de múltiples brotes(vegetativos) o raquis cortos y gruesos (florales)
3	Brotes agrupados con entrenudos acortados (vegetativos) o pedúnculos engrosados (florales)
4	Hojas pequeñas escamosas (vegetativos) o flores agrandadas (florales)
5	Ápice bunchy (vegetativos) o panícula deformada compacta (florales)

Los aislados se caracterizaron morfológicamente como *F. incarnatum* (Leslie y Summerell, 2006; Xia *et al.*, 2019) y en medio de cultivo PDA mostraron un micelio algodonoso de coloración blanco a café, con el tiempo se tornaron café oscuro. En medio de cultivo CLA las microconidias (n=50) eran piriformes, de 0 -1 septos, midiendo 7.4-30.9 x 3.8-8.3 µm. Las macroconidias (n=50) eran relativamente esbeltos con una curva en la célula basal y apical, de 3 a 5 septos, midiendo 41.4-92.7 x 4.2-10.1 µm. Se observaron esporodoquios de color café y clamidosporas intercaladas y solitarias (Figura 1).

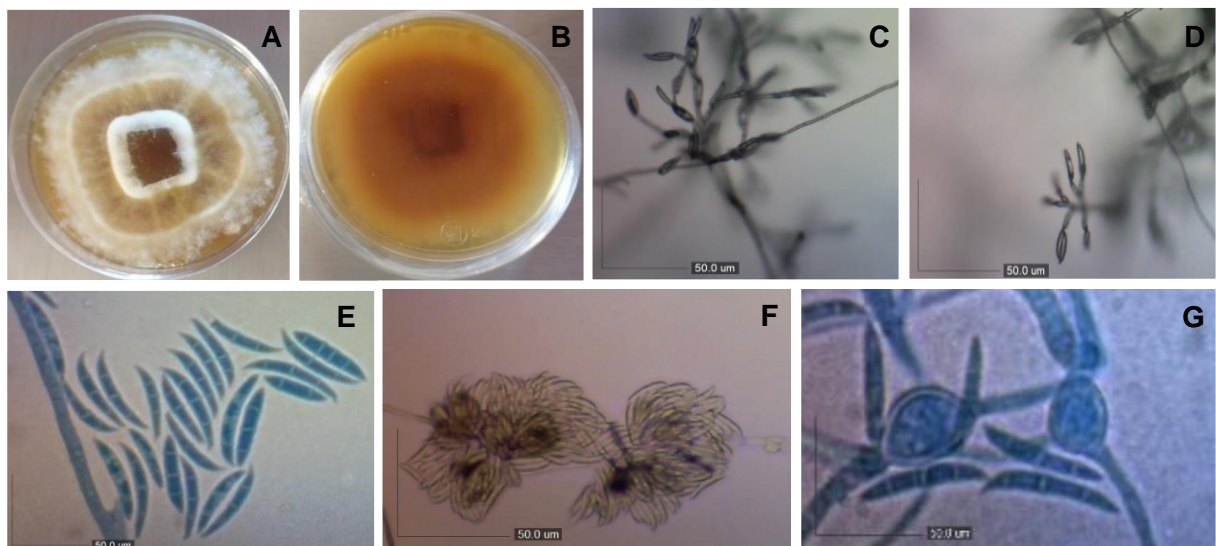


Figura 1. A-G. Características morfológicas de *Fusarium incarnatum*. A y B) Cultivo en PDA; C y D) Microconidias in situ; E) Microconidias y macroconidias; F) Esporodoquios color café; G) Clamidosporas intercaladas y solitarias en medio de cultivo CLA. Barras= 50 µm.

Los ocho aislados denominados; 39VRSIN, 95VESIN, 121FRSIN, 134VRSIN, 161VCSIN, 163VCSIN, 166VCSIN y 170FRSIN indujeron síntomas, con un rango en la escala de severidad de la enfermedad de 2 a 4. Se observaron síntomas como hinchazón, múltiples brotes, entrenudos acortados y hojas escamosas, entre las siete y 13 semanas después de la inoculación (Figura 2). De los síntomas se aisló al hongo y fue identificado con las mismas características morfológicas descritas previamente para *Fusarium incarnatum*, cumpliendo así con los postulados de Koch.

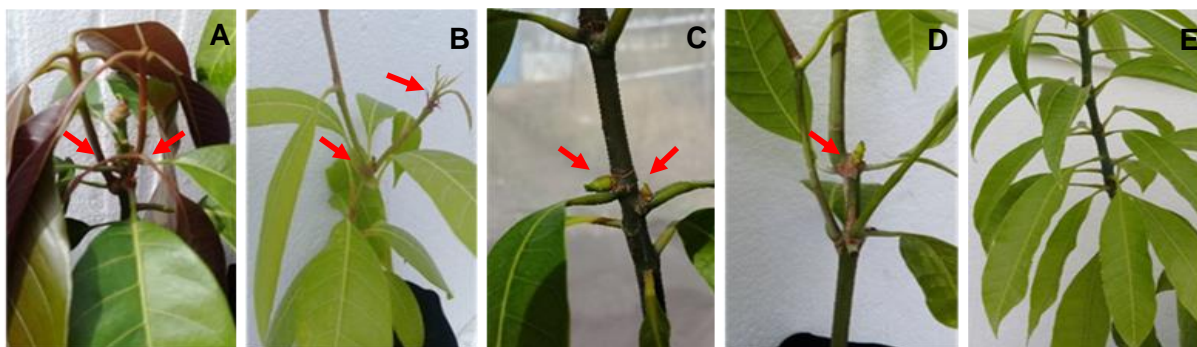


Figura 2. A–D) Síntomas de malformación en plantas de mango corriente inoculadas con *Fusarium incarnatum* (95VESIN y 121FRSIN); E) Planta de mango testigo.

F. incarnatum ha sido reportado previamente por Gai *et al.* (2016) como agente causal de la podredumbre del tallo del maíz (*Zea mays*) en China y en India causando tizón y marchitez de la hoja en cacahuete (*Arachis hypogaea*), observándose los síntomas a los 6 días después de la inoculación (Thirumalaisamy *et al.*, 2018), como también ocasionando pudrición del fruto de moringa (*Moringa oleifera*) (Ekabote *et al.*, 2023). A su vez se reportó a una especie del complejo FIESC como primer informe causando la pudrición del fruto del melón (*Cucumis melo*) en Taiwán (Ahmen *et al.*, 2023).

La ausencia de regulaciones sanitarias en el tránsito de material vegetativo de viveros de mango a regiones distintas de un país podría contribuir a diseminar a este patógeno (Zheng y Ploetz, 2002). Además, es un hongo que puede sobrevivir en el suelo ya que forma estructuras de resistencia llamadas clamidosporas, en ausencia del hospedante y cuando tiene una planta huésped y con las condiciones favorables, se puede iniciar la infección en raíces o en partes aéreas de las plantas, favoreciéndose a través del agua o aire (Ma *et al.*, 2013).

Las secuencias de los aislados (95VESIN y 121FRSIN) se depositaron en la base de datos del GenBank con los números de accesión; MK932800 y MK932804, respectivamente. El análisis de las secuencias en las bases de datos del GenBank y Fusarium-ID, mostraron que las secuencias estaban alineadas a especies del complejo *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC), en el GenBank los dos aislados presentaron una homología del 99 al 100 % con *Fusarium incarnatum* y *F. pernambucanum*, en el Fusarium-ID mostraron una similitud del 99.84 % con las secuencias (MK289625 y MK289588) registradas como *Fusarium pernambucanum*.

El filograma obtenido con las secuencias en estudio y las otras secuencias registradas en el GenBank se dividió en tres grupos, en el primero las secuencias registradas en el presente estudio marcadas en negrita, donde se observa que formaron un grupo donde se

alinearon con secuencias de *F. incarnatum* registradas de otros países, por ejemplo, de China e India. Los dos grupos restantes representan grupos externos (Figura 3).

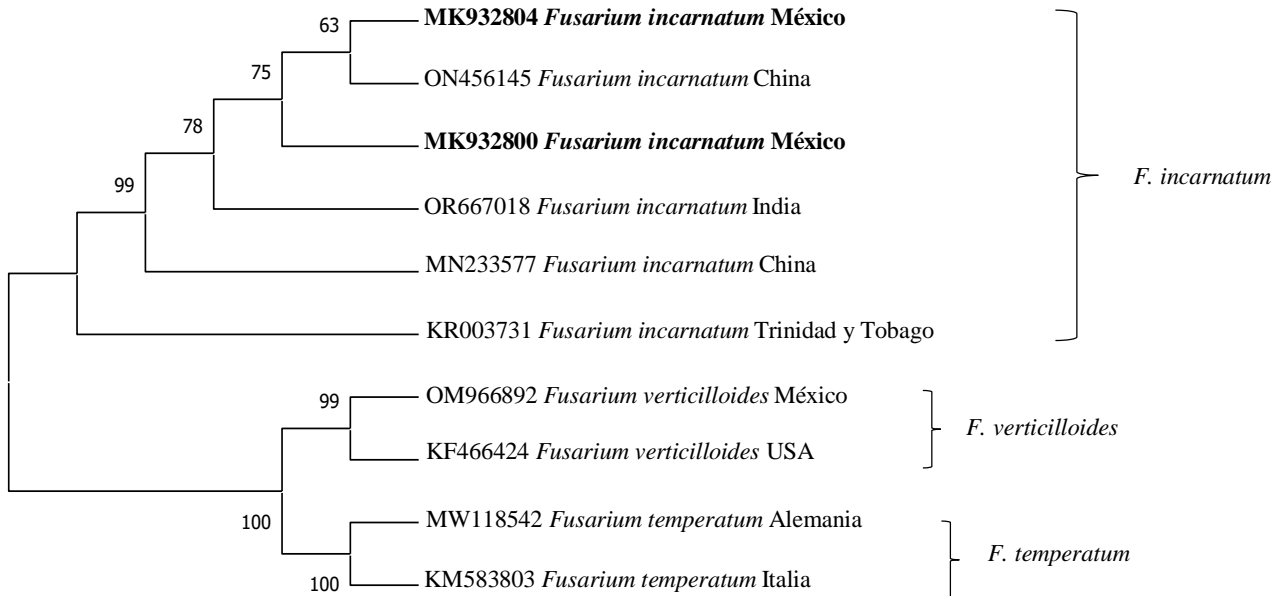


Figura 3. Filograma inferido por Neighbor Joining para secuencias parciales del gen TEF-1α de especies de *Fusarium*. Los valores en los nodos representan las puntuaciones de arranque basadas en 1000 réplicas. Las secuencias MK932800 y MK932804 provienen del presente estudio.

Se reporta por primera vez a *Fusarium incarnatum* causando la malformación en mango, en Sinaloa, México. Por ello es de suma importancia futuras investigaciones para comprender la relación patógeno-huésped, ya que es un nuevo patógeno en un nuevo cultivo y así poder diseñar estrategias de control adecuadas para la enfermedad.

REFERENCIAS

- Ahmed N, Mohamed R, Wei CH and Wen HC. 2023. First report on the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex causing melon fruit rot in Taiwan. Plant Disease. 107(2):579. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-21-2624-PDN>
- Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Scidman JG, Smith JA and Struhl K. 2003. Current protocols in molecular biology. Wiley, New York: 4648 p.
- Castellano G y Guanipa N. 2004. Comportamiento de diez cultivares de mango (*Mangifera indica* L.) a la inoculación con *Fusarium decemcellulare* Brix. Revista de Facultad de Agronomía 21: 200-206. <https://produccioncientificaluz.org/index.php/agronomia/article/view/26539>
- Crespo M, Arrebola E, Cazorla FM, Freeman S, Aoki T, O'Donnell K, Tores JA and de Vicente A. 2016. Analysis of genetic diversity of *Fusarium tuiense*, the main causal agent of mango malformation disease in southern Spain. Plant Disease. 100: 276-286.

- Ekabote S, Kousalyadevi P, Mahadevakumar S and Sreenivasa MY. 2023. First Report of *Fusarium incarnatum* Associated with Fruit Rot Disease of Drumstick (*Moringa oleifera*) in India. Plant Disease 107: 8, 2519. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-23-0102-PDN>
- Erickson K. 2010. The Jukes-Cantor model of molecular evolution. PRIMUS 20(5): 438-445. <https://doi.org/10.1080/10511970903487705>
- FAO, Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Base de datos estadísticos corporativos de la Organización para la Alimentación y la Agricultura. 2024. <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC> (Consulta, mayo 2024).
- Freeman S, Maimon M and Pinkas Y. 1999. Use of GUS transformants of *Fusarium subglutinans* for determining etiology of mango malformation disease. Phytopathology. 89 (6): 456-461.
- Freeman S, Otero CG, Rodríguez AG, Fernández PS, Maymon MR, Ploetz RC, Aoki T and O'Donnell K. 2014. First Report of Mango Malformation Disease Caused by *Fusarium pseudocircinatum* in Mexico. Plant Disease 98 (11): 1583. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-14-0375-PDN>
- Gai XT, Yang RX, Pan XJ, Yuan Y, Wang SN, Liang BB and Gao ZG. 2016. First report of *Fusarium incarnatum* causing corn stalk rot in China. Plant Disease 100(5):1010. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-15-0766-PDN>
- Gamliel AE, Szejnberg A, Maymon M, Vintal H, Shtienberg D and Freeman S. 2009. Infection dynamics of *Fusarium mangiferae*, causal agent of mango malformation disease. Phytopathology 99 (6): 775-781. <https://doi.org/10.1094/PHTO-99-6-0775>
- García-López E, Mora-Aguilera JA and Nava-Díaz C. 2016. First report of *Fusarium pseudocircinatum* causing mango malformation disease in Dominican Republic. Plant Disease. 100: 1501. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-15-1397-PDN>
- Geiser D, Jiménez GM, Kang S, Makalowska I, Veeraraghavan N, Ward TJ, Zhang N, Kuldau GA and O'Donnell K. 2004. FUSARIUM-ID v. 1.0: A DNA sequence database for identifying *Fusarium*. European Journal of Plant Pathology 110: 473-479.
- Hansen HN and Smith RE. 1932. The mechanisms of variation in imperfect fungi: *Botrytis cinerea*. Phytopathology 37 (4): 369-371.
- Iqbal Z, Rehman M, Dasti AA, Saleem A and Zafar Y. 2006. RAPD analysis of *Fusarium* isolates causing mango malformation disease in Pakistan. World Journal Microbiology and Biotechnology. 22: 1161-1167. <https://doi.org/10.1007/s11274-006-9157-x>
- Khaskheli MI, Pathan MA, Jiskani MM, Wagan KH and Goswami SP. 2008. Survey, intensity and varietal response of mango malformation disease (MMD) in different Mango orchards of Sindh, Pakistan. Pakistan Journal of Agriculture, Agricultural Engineering and Veterinary Sciences. 24 (1): 53-56.
- Krishnan AG, Nailwal TK, Shukla A and Pant RC. 2009. Mango (*Mangifera indica* L) malformation an unsolved mystery. Researcher. 1 (5): 20-36.
- Lamine SA, Sharma K, Lava KP y Banyopadhyay R. 2012. First Report of Mango Malformation Disease Caused by *Fusarium tuiense* in Senegal Plant Disease. 96 (10): 1582-1582. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-12-0623-PDN>
- Leslie JF and Summerell BA. 2006. The *Fusarium* Laboratory Manual. Blackwell Publishing Ltd.
- Link HF. 1809. Ovservationes in ordines plantarum natural. Dissertation IMagGes Naturf Freunde Berlin. 3:3-42.
- Ma LJ, Geiser DM, Proctor RH, Rooney AP, O'Donnell K, Trail F y Kazan K. 2013. *Fusarium* Pathogenomics. Annual review of microbiology. 67: 399-416.
- Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, Amarillas-Bueno LA, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Velázquez-Alcaraz TDJ, Velarde-Félix S and López-Orona CA. 2021. Mango malformation disease caused by *Fusarium neocosmosporiellum* in Mexico. Canadian Journal of Plant Pathology. 43: 714-721. <https://doi.org/10.1080/07060661.2021.1880483>

- Molina-Cárdenas L, López-Urquidez GA, Román-Román L, Vega-Gutiérrez TA, Tirado-Ramírez MA, Leyva-Hernández HA, and López-Orona CA. 2023. First report of mango malformation disease caused by *Fusarium proliferatum* in Mexico. *Plant Disease*. 107(2):581. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-22-1213-PDN>
- Mora AJA. 2000. Patogénesis y epidemiología de la "Escoba de bruja" *Fusarium subglutinans* (Wollemwed y Reinking) y *F. oxysporum* (Schlecht.) del mango (*Mangifera indica* L.) en Michoacán, México. Tesis de Doctor en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Edo. México. 107 p.
- O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E and Ploetz RC. 1998. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: Concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 95: 2044-2049. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.5.2044>
- Omar NH, Mohd M, Nik Mohd Izham MN and Zakaria L. 2018. Characterization and pathogenicity of *Fusarium* species associated with leaf spot of mango (*Mangifera indica* L.). *Microbial Pathogenesis*. 114:362-368. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2017.12.026>
- Otero CG, Rodríguez AG, Fernández PS, Maymon M, Ploetz RC, Aoki T and Freeman S. 2010. Identification and characterization of a novel etiological agent of mango malformation disease in Mexico, *Fusarium mexicanum* sp. nov. *Phytopathology*. 100(11): 1176-1184. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-10-0029>
- Pernezny K and Simone GW. 2000. Diseases of Mango (*Mangifera indica* L.). In: Common names of plant diseases. www.apsnet.org/online/common/names/mango.asp
- Ploetz RC. 2007. Diseases of tropical perennial crops: Challenging problems in diverse environments. *Plant Disease*. 91:644-663.
- Qi YQ, Pu JJ, Zhang X, Zhang H, Lu Y, Qun FY, Zhang HQ and Xie YX. 2013. First report of dieback of mango caused by *Fusarium decemcellulare* in China. *Journal Phytopathology*. 161: 735-738. <https://doi.org/10.1111/jph.12117>
- SIAP, Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. 2024. Cierre de la producción agrícola por cultivo. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/> (Consulta, mayo 2024).
- Thirumalaisamy PP, Dutta R, Jadón KS, Nataraja MV, Padvi RD, Rajyaguru R and Yusufzai SJ. 2018. Association and characterization of *Fusarium incarnatum* - *F. equiseti* species complex with leaf blight and wilt of groundnut in India. *Plant Pathology*. 85:83-89. <https://doi.org/10.1007/s10327-018-0827-y>
- Xia JW, Sandoval DM, Crous PW, Zhang XG, Lombard L. 2019. Numbers to names - restyling the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. *Persoonia*. 43:186-221. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.05>
- Zhan RL, Yang SJ, Ho HH, Liu F, Zhao YL, Chang JM and He YB. 2010. Mango malformation disease in south China caused by *Fusarium proliferatum*. *Journal of Phytopathology*. 158: 721-725. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2010.01688.x>
- Zheng Q and Ploetz R. 2002. Genetic diversity in the mango malformation pathogen and development of a PCR assay. *Plant Pathology*. 51:208-2018.