

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SAN LUIS POTOSÍ



FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS

Posgrado en Ciencias Químicas

**Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno
Fusarium oxysporum y *Vanilla planifolia* Jacks**

Tesis que para obtener el grado de:

Maestro en Ciencias Químicas

Presenta:

Ceballos Maldonado Juan Gilberto

Director de Tesis: Dra. Candy Carranza Álvarez

Codirector de Tesis: Dr. Alejandro Hernández Morales

Asesor: Dr. Domingo Martínez Soto



UASLP-Sistema de Bibliotecas

Repositorio Institucional Tesis Digitales Restricciones de Uso

DERECHOS RESERVADOS

PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en este Trabajo Terminal está protegido por la Ley Federal de Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos.

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde se obtuvo, mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto o con fines de lucro, reproducción, edición o modificación será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks ©
1999 por Ceballos Maldonado Juan Gilberto se distribuye bajo una licencia Creative Commons
Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International

Este proyecto se realizó en el Laboratorio de Investigación en Ciencias Ambientales adscrito a la Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca, en el periodo comprendido entre agosto de 2022 y agosto de 2025, bajo la dirección de la Dra. Candy Carranza Álvarez y fue apoyado por la infraestructura científica adquirida con el proyecto infraestructura CONAHCYT 262491 y el proyecto Fortalecimiento de la Red Nacional de Jardines Etnobiológicos 2022, Fondo F003.

El programa de Maestría en Ciencias Químicas de la Universidad Autónoma de San Luis Potosí pertenece al Sistema Nacional de Posgrados de Calidad (SNP) del CONAHCYT, registro 00519. Número de la beca otorgada por CONAHCYT: 823394. Número de CVU: 1143716.

Los datos del trabajo titulado “Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks” se encuentran bajo el resguardo de la Facultad de Ciencias Químicas y pertenecen a la Universidad Autónoma de San Luis Potosí.



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SAN LUIS POTOSÍ

Facultad de Ciencias Químicas

Centro de Investigación y Estudios de Posgrado

Posgrado en Ciencias Químicas

Programa de Maestría

Formato M5

Solicitud de Registro de Tesis Maestría

San Luis Potosí SLP a 16 de julio de 2025

Comité Académico

En atención a: Coordinador/a del Posgrado

Por este conducto solicito a Usted se lleve a cabo el registro de tema de tesis de Maestría, el cual quedo definido de la siguiente manera;

Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks.

que desarrollará el/la estudiante: Juan Gilberto Ceballos Maldonado

bajo la dirección y/o Co-dirección de: Dra. Candy Carranza Álvarez

Asimismo, le comunico que el proyecto en el cual trabajará el alumno involucrará el manejo de animales de experimentación, estudios con seres humanos o muestras derivadas de los mismos, el manejo y/o generación de organismos genéticamente modificados y requiere de aval de Comité de Ética e investigación de la FCQ.

(Complete la opción que aplique en su caso):

() Sí debido a que:

() No

() No Aplica

Sin otro particular, quedo de Usted.

A T E N T A M E N T E

Nombre y firma del estudiante

Nombre y firma del/la Director/a de Tesis



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SAN LUIS POTOSÍ

FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS



Posgrado en Ciencias Químicas

Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks

Tesis que para obtener el grado de:

Maestro en Ciencias Químicas

Presenta:

Ceballos Maldonado Juan Gilberto

SINODALES:

Presidente:

Secretario:

Vocal:

Vocal:

Vocal:

SAN LUIS POTOSÍ, S. L. P.

Agosto, 2025

INTEGRANTES DEL COMITÉ TUTORIAL ACADÉMICO

Dra. Candy Carranza Álvarez, directora de tesis. Adscrito al Posgrado en Ciencias Químicas de la Universidad Autónoma de San Luis Potosí, y a la Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca de la Universidad Autónoma de San Luis Potosí.

Dr. Alejandro Hernández Morales, asesor de tesis. Adscrito al Posgrado en Ciencias Químicas de la Universidad Autónoma de San Luis Potosí y a la Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca de la Universidad Autónoma de San Luis Potosí

Dr. Domingo Martínez Soto, asesor externo. Adscrito al Departamento de Microbiología del Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California.



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SAN LUIS POTOSÍ

Facultad de Ciencias Químicas

Centro de Investigación y Estudios de Posgrado

Posgrado en Ciencias Químicas

Programa de Maestría

Formato M5

Carta Cesión de Derechos

San Luis Potosí SLP a 15 de agosto de 2025

En la ciudad de San Luis Potosí el día 15 del mes de agosto del año 2025. El que suscribe Juan Gilberto Ceballos Maldonado Alumno(a) del programa de posgrado Maestría en Ciencias Químicas adscrito a la Facultad de Ciencias Químicas manifiesta que es autor intelectual del presente trabajo terminal, realizado bajo la dirección de: Dra. Candy Carranza Álvarez y cede los derechos del trabajo titulado Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks a la Universidad Autónoma de San Luis Potosí, para su difusión con fines académicos y de investigación.

Los usuarios de la información no deben reproducir de forma total o parcial texto, gráficas, imágenes o cualquier contenido del trabajo si el permiso expreso del o los autores. Éste, puede ser obtenido directamente con el autor o autores escribiendo a la siguiente dirección jgilberto.cm7@gmail.com. Si el permiso se otorga, el usuario deberá dar el agradecimiento correspondiente y citar la fuente del mismo.

Nombre y firma del alumno

Carta de Análisis de Similitud

San Luis Potosí SLP a julio 09 del 2025

L.B. María Zita Acosta Nava
Biblioteca de Posgrado FCQ

Asunto: Reporte de porcentaje de similitud de tesis de grado

Por este medio me permito informarle el porcentaje de similitud obtenido mediante Ithenticate para la tesis titulada “Análisis de la interacción del hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* Jacks” presentada por el autor Juan Gilberto Ceballos Maldonado. La tesis es requisito para obtener el grado de Maestría en el Posgrado en Ciencias Químicas. El análisis reveló un porcentaje de similitud de 3% excluyendo referencias y metodología.

Agradezco sinceramente su valioso tiempo y dedicación para llevar a cabo una exhaustiva revisión de la tesis. Quedo a su disposición para cualquier consulta o inquietud que pueda surgir en el proceso.

Sin más por el momento, le envío un cordial saludo.

ATENTAMENTE:

Dr. Fidel Martínez Gutiérrez
Coordinador Académico del Posgrado
en Ciencias Químicas

AGRADECIMIENTOS

A la Facultad de Ciencias Químicas por las facilidades otorgadas durante mis estudios de maestría.

A la Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca y al Laboratorio de Investigación en Ciencias Ambientales por todo el apoyo brindado para realizar la parte experimental de mi proyecto de maestría; así como por darme la oportunidad de crecer no solo como persona sino también como profesionista.

Para Alexandra Elbakyan que contribuyó al acceso gratuito de información e investigaciones empleadas en este trabajo. El conocimiento como derecho humano.

A la Dra. Candy Carranza Álvarez, directora de tesis, por todo su apoyo como asesora y maestra, por su influencia en la divulgación de la investigación científica, enseñanzas, consejos, paciencia, su confianza durante todo este tiempo y por ser una persona de admiración.

A mis profesores, Dr. Alejandro Hernández Morales y la Dr. Domingo Martínez Soto por sus enseñanzas, así como al tiempo dedicado a la revisión y mejora de este trabajo.

A la M. C. Claudia Esthela Moctezuma Granados y a la M.C. Carol Fabina por su amistad, confianza, enseñanzas, momentos vividos, risas y por todo su apoyo tanto personal como académico y técnico-experimental.

Al Dr. Ángel Montes Rocha y Dra. Rocío Díaz por su apoyo en la parte experimental de este proyecto.

Para la maestra Teresa Campos Medrano, por ser la primera persona que admiré dentro del ámbito educativo.

A mis compañeros y amigos, Axel, Adrián, Gis Méndez, Gustavo, Gael Castillo y Ángela por los momentos compartidos dentro del laboratorio, sigan así, yo creo en ustedes.

A Danae Martínez y Marianel Medllín por su amistad, su ayuda y vivencias compartidas durante este tiempo.

A Javier Gómez, mejor amigo y hermano, así como a Anahí Espinoza por todos estos años de amistad, su apoyo, momentos vividos y por estar conmigo en toda situación.

A mis tías Alicia, Maricela y Fabiola Maldonado por estar conmigo y por todo su apoyo. Así como a mis abuelos Hortencia Cervantes, Liborio Maldonado, Yolanda Zaragoza y Gilberto Ceballos.

A mis padres, Juan Gilberto Ceballos Zaragoza y Martha María Maldonado Cervantes, gracias por ser mis primeros maestros, por sus regaños y por estar conmigo siempre que lo necesito; así como a mis hermanos, Carlos Daniel, Alan Yahir y Oscar Iván. Porque ustedes son mis estrellas brillando en el cielo.

"No son las habilidades lo que demuestra lo que somos, son nuestras decisiones"

RESUMEN

Vanilla planifolia Jacks es una orquídea de gran valor, de ella se extrae un componente orgánico esencial conocido como vainillina, considerado uno de los saborizantes más importantes del mundo. Pese a que el cultivo de vainilla en México representa un alto interés comercial, son pocos los estudios realizados para mantener su sostenibilidad y para hacer frente a diversos problemas a los cuales se encuentra expuesto, entre los que se encuentran su susceptibilidad a plagas y patógenos, las bajas tasas de germinación y la clonación extensiva de la planta. Una de las principales amenazas a las que se enfrenta son los del género *Fusarium*; siendo *Fusarium oxysporum* el agente causal de grandes pérdidas económicas y de producción generadas en este cultivo. Aunado a esto, debido a las desventajas de los fungicidas químicos para su manejo, es urgente evaluar métodos de control biológico para disminuir los daños e incrementar la productividad, en sitios como la Huasteca Potosina. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la interacción planta-patógeno durante la infección de *Vanilla planifolia* con *Fusarium oxysporum*, así como la determinación de la inhibición generada de una cepa de *Trichoderma harzianum* sobre el crecimiento de este hongo patógeno.

Palabras clave: *Vanilla planifolia*; *Fusarium oxysporum*; fitotoxicidad; Huasteca Potosina.

ABSTRACT

Vanilla planifolia Jacks is a highly valuable orchid from which an essential organic compound known as vanillin is extracted considered one of the most important flavoring agents in the world. Although vanilla cultivation in Mexico holds significant commercial interest, few studies have been conducted to ensure its sustainability and address the various challenges it faces, including its susceptibility to pests and pathogens, low germination rates, and extensive plant cloning. One of the main threats it encounters comes from the *Fusarium* genus, with *Fusarium oxysporum* being the causal agent of major economic and production losses in this crop. In addition, due to the drawbacks of chemical fungicides for its management, it is urgent to evaluate biological control methods to reduce damage and increase productivity in regions such as the Huasteca Potosina. The objective of this study was to evaluate the effect of the plant-pathogen interaction during the infection of *V. planifolia* by *F. oxysporum*, as well as to determine the inhibitory effect of a *Trichoderma harzianum* strain on the growth of this pathogenic fungus.

Keywords: *Vanilla planifolia*; *Fusarium oxysporum*; phytotoxicity; Huasteca Potosina.

ÍNDICE

1. INTRODUCCIÓN	1
1.1 Orquídeas: Aspectos generales y ecológicos	1
1.2 Generalidades de la Vainilla (<i>V. planifolia</i> Jacks. ex Andrews).....	3
1.3 Distribución geográfica de <i>V. Planifolia</i> y su producción en México	5
1.3.1 Zonas y sistemas de producción en el estado de San Luis Potosí	8
1.3.2 Cultivo de <i>V. planifolia</i> : Proceso general de beneficiado y problemas del cultivo	10
1.4. Enfermedades fúngicas asociados a <i>V. planifolia</i>	11
1.4.1 <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>vanillae</i>	13
1.5. Papel e importancia de la biotecnología en especies vegetales.....	13
1.5.1 Selección <i>in vitro</i> de plantas resistentes a hongos	15
1.5.2 Control biológico de hongos patógenos.....	17
2. ANTECEDENTES	18
3. JUSTIFICACIÓN	20
4. HIPÓTESIS	21
5. OBJETIVOS.....	21
5.1. Objetivo general	21
5.2. Objetivos específicos	21
6. MATERIALES Y MÉTODOS	22
6.1. Aislamiento e identificación de hongos	22
6.1.1. Preparación de agar papa dextrosa (PDA)	22
6.1.2. Identificación macroscópica y microscópica	23
6.1.3. Extracción de ADN e Identificación molecular	23
6.2. Prueba de resistencia a fungicidas	26
6.3. Obtención del material vegetal y propagación <i>in vitro</i> de <i>V. planifolia</i>	26
6.3.1. Preparación de medios para el cultivo de tejidos vegetales (CTV).....	27
6.4. Ensayo de infección <i>in vivo</i> en plantas de <i>Vanilla planifolia</i>	27
6.5. Ensayo quimiotrópico	29
6.6. Interacción planta-patógeno: observación por microscopía confocal	29
6.7. Comparación de efectos generados por la infección de <i>F. oxysporum</i> y sus filtrados fúngicos sobre <i>V. planifolia</i>	30
6.7.1. Prueba de infección en sistema de tratamiento por inmersión temporal.....	31

6.7.2. Preparación del filtrado fúngico.....	31
6.8. Evaluación del daño fitotóxico	32
6.8.1. Inhibición del crecimiento	32
6.8.2. Cuantificación de clorofila y carotenoides	32
6.8.3. Determinación de muerte celular	34
6.8.4. Actividad de la catalasa y superóxido dismutasa	35
6.8.5 Absorción de macro y micronutrientes	37
6.9. Actividad antagónica <i>in vitro</i> de <i>Trichoderma harzianum</i> (PROCIGO) frente a <i>Fusarium oxysporum</i>	39
6.10. Análisis estadístico.....	40
7. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	41
7.1. Aislamiento e identificación molecular	41
7.2. Inhibición del crecimiento micelial por fungicidas	44
7.3. Quimiotropia e interacción planta-patógeno.....	53
7.4. Prueba de patogenicidad <i>in vivo</i>	61
7.5. Pérdida de agua en esquejes de <i>V. planifolia</i> infectados con <i>F. oxysporum</i>	65
7.6. Evaluación <i>in vitro</i> del daño fitotóxico: Comparación de los efectos generados por <i>F. oxysporum</i> y sus filtrados fúngicos (FCF) en vitroplantas de <i>V. planifolia</i>	67
7.6.1. Inhibición del crecimiento	67
7.6.2. Determinación de pigmentos fotosintéticos.....	69
7.6.3. Evaluación de muerte celular en plantas de vainilla	73
7.6.4. Actividad de la catalasa y superóxido dismutasa	75
7.7. Absorción de nutrientes	77
7.8. Prueba de control biológico <i>in vitro</i> con <i>T. harzianum</i> (PROCIGO)	80
7.9. Ciclo de vida y discusión del mecanismo de interacción planta-patógeno.....	89
7.9.1. Ciclo de vida.....	90
7.9.2. Mecanismo de acción	92
8. CONCLUSIONES	99
PERSPECTIVAS	101
APÉNDICE A.....	102
APÉNDICE B.....	104
APÉNDICE C	105
APÉNDICE D	114
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	116

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Hábitos de crecimiento de orquídeas.....	1
Figura 2. <i>Vanilla planifolia</i> Jacks. ex Andrews.....	4
Figura 3. Mayores productores de vainilla en bruto 1961-2022 (FAOSTAT, 2024).	5
Figura 4. Diversidad de especies de <i>Vanilla</i> spp. en México (Flores-Jiménez <i>et al.</i> , 2017).6	
Figura 5. Mapa estratégico para el cultivo de vainilla (SAGARPA, 2017).....	7
Figura 6. Zona de producción de vainilla (Reyes Hernández <i>et al.</i> , 2018).	8
Figura 7. Zonas potenciales de producción de vainilla (Reyes Hernández <i>et al.</i> , 2018).....	9
Figura 8. Proceso general de curado en vainas de vainilla (Mahadeo <i>et al.</i> , 2022).....	10
Figura 9. Problemas detectados en plantas de <i>Vanilla planifolia</i> y en productos derivados.	19
Figura 10. Plantas de <i>Vanilla planifolia</i> con signos de pudrición de tallo y raíz obtenidas en Axtla de Terrazas, S.L.P.	40
Figura 11. Colonias aisladas a partir de plantas de vainilla con síntomas de marchitez vascular.....	41
Figura 12. Estructuras reproductivas de <i>Fusarium oxysporum</i> observadas al microscopio.	42
Figura 13. Prueba de resistencia a fungicidas por <i>Fusarium oxysporum</i>	44
Figura 14. Prueba de resistencia a fungicidas por <i>Fusarium oxysporum</i>	53
Figura 15. Componentes que modulan el quimiotropismo en hongos (Turrà <i>et al.</i> , 2016).55	
Figura 16. Infección y colonización de <i>Fusarium oxysporum</i> en raíces de <i>Vanilla planifolia</i>	58
Figura 17. Estructuras fúngicas y propagación celular de <i>Fusarium oxysporum</i>	59
Figura 18. Grado de infección en <i>Vanilla planifolia</i> frente a <i>Fusarium oxysporum</i>	61
Figura 19. Observación de tallo y hoja de <i>Vanilla planifolia</i> infectada con <i>Fusarium oxysporum</i>	62
Figura 20. Porcentaje de infección de plantas de <i>Vanilla planifolia</i> inoculadas con <i>Fusarium oxysporum</i>	63
Figura 21. Pérdida de agua en plantas infectadas de <i>Vanilla planifolia</i>	64
Figura 22. Respuesta de las plantas a situaciones de estrés (Tadeo-Serrano & Gómez- Cadenas, 2008).	65
Figura 23. Inhibición de crecimiento en vitroplantas de <i>Vanilla planifolia</i>	66

Figura 24. Índice de crecimiento (IC) en vitroplantas de <i>Vanilla planifolia</i>	67
Figura 25. Concentración de clorofila y carotenoides en tallo y hoja de <i>Vanilla planifolia</i> .	69
Figura 26. Viabilidad celular en <i>Vanilla planifolia</i> Jacks por tinción azul de Evans.	72
Figura 27. Evaluación de la muerte celular en plantas de <i>Vanilla planifolia</i>	73
Figura 28. Inhibición de la actividad enzimática de CAT y SOD.	75
Figura 29. Crecimiento de <i>Fusarium oxysporum</i> en presencia de macro y micronutrientes.	77
Figura 30. Sorción de macro y micronutrientes por <i>Fusarium oxysporum</i>	78
Figura 31. Prueba de antagonismo fúngico por <i>Trichoderma harzianum</i> (PROCIGO).....	80
Figura 32. Inhibición in vitro de <i>Fusarium oxysporum</i> por <i>Trichoderma harzianum</i>	81
Figura 33. Efecto antagónico de <i>Trichoderma harzianum</i> sobre <i>Fusarium oxysporum</i>	82
Figura 34. Micoparasitación de <i>Fusarium oxysporum</i> por <i>Trichoderma harzianum</i> (PROCIGO).	86
Figura 35. Ciclo de vida de <i>Fusarium oxysporum</i> en <i>Vanilla planifolia</i> Jacks.	90
Figura 36. Modelo propuesto del mecanismo de acción general de <i>Fusarium oxysporum</i> en plantas	97

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Ejemplos de organismos y microorganismos asociados con orquídeas.	2
Tabla 2. Ejemplos de aplicaciones biotecnológicas en organismos vegetales.	14
Tabla 3. Selección <i>in vitro</i> de plantas resistentes a enfermedades fúngicas por agentes de selección.	16
Tabla 4. Condiciones de amplificación por PCR.	26
Tabla 5. Fungicidas comerciales empleados en el ensayo de resistencia.	27
Tabla 6. Diseño experimental para evaluar el daño producido por <i>Fusarium oxysporum</i> y sus filtrados de cultivo.	31
Tabla 7. Tabla general de fungicidas y sus mecanismos de acción.	46
Tabla 8. Registro de infección porcentual en tallo y hoja en plantas completas de <i>Vanilla planifolia</i> inoculadas con <i>Fusarium oxysporum</i>	60
Tabla 9. Compuestos volátiles identificados en <i>Trichoderma harzianum</i> por medio de cromatografía de gases-espectrometría de masas (GC-MS).	85

1. INTRODUCCIÓN

1.1 Orquídeas: Aspectos generales y ecológicos

Entre las familias de las plantas vasculares, la familia de las orquídeas (Orchidaceae) representa una de las más grandes y diversas con más de 28000 especies (Christenhusz & Byng, 2016; WCSP, 2020) clasificadas en 736 géneros (Chase *et al.*, 2015). Estas plantas generalmente suelen ser admiradas por su alto valor como flores de ornato, no obstante, son fundamentales para la dinámica y diversidad de los ecosistemas boscosos tropicales y subtropicales (Soto *et al.*, 2007).

En cuanto a su distribución, ocupan una vasta región de hábitats, creciendo y desarrollándose en casi todo el mundo con excepción de los desiertos más extremos o los círculos polares; teniendo éxito debido a factores como sus interacciones ecológicas (Tabla 1), sin mencionar su habilidad de crecer en el suelo (terrestres), en árboles (epífitas) y rocas (litófitas o rupículas) (Fig. 1) (Castillo & Carranza, 2019).



Figura 1. Hábitos de crecimiento de orquídeas.

A) Rupícola (*Encyclia* sp.); **B)** Terrestre (*Cyrtopodium macrobulbon*); **C)** Epífita (*Encyclia parviflora*). Fotos de: Castillo-Pérez, Luis Jesús.

A pesar de considerarse cosmopolitas, de acuerdo con Lozano *et al.*, 1996, muchas de ellas suelen distribuirse en hábitats específicos; lo anterior como resultado de su especificidad hacia micorrizas, polinizadores y rangos límites de germinación (Cozzolino & Widmer, 2005; McCormick & Jacquemyn, 2014) (Tabla 1), factores que las han hecho muy susceptibles a las alteraciones de su entorno en comparación con otras plantas (Djordjević & Tsiftsis, 2022). Asimismo, son uno de los grupos taxonómicos más amenazados del mundo (Wraith & Pickering, 2018) con alrededor de 600 especies listadas en la base global de especies amenazadas mantenida por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN), denominada como la lista roja de la IUCN (IUCN, 2019); lo cual, en parte, es consecuencia de la disminución y pérdida de sus hábitats, el coleccionismo con fines de ornato y distintos usos médicos. Encontrándose, dentro de estas orquídeas, a la vainilla (*Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews).

Tabla 1. Ejemplos de organismos y microorganismos asociados con orquídeas.

Orquídea	Tipo de asociación	Organismo	Asociación	Referencia
<i>Isochilus unilateralis</i>	Planta-Planta	<i>Quercus german</i>	Forófito	García (2012)
<i>Stanhopea tigrina</i>	Planta-Planta	<i>Quercus german</i>	Forófito	
<i>Encyclia parviflora</i>	Planta-Planta	<i>Quercus sartori</i>	Forófito	
<i>Myrmecophila grandiflora</i> (Lindl.)	Planta-Animal	<i>Xilocopa nautlana</i> Cockerell	Polinizador	Alanís <i>et al.</i> (2019)
<i>Brassavola nodosa</i> (L.) Lindl	Planta-Animal	<i>Scopula</i> sp.	Polinizador potencial	
<i>Laelia autumnalis</i>	Planta-Microorganismo	<i>Tulasnella calospora</i>	Micorriza	Beltrán <i>et al.</i> (2018)
<i>Vanilla planifolia</i> <i>Vanilla pompona</i> <i>Vanilla insignis</i>	Planta-Microorganismo	<i>Scleroderma areolatum</i>	Micorriza	González <i>et al.</i> , (2018)
<i>Cattleya</i> sp.	Planta-Microorganismo	<i>Colletotrichum orquideaeum</i>	Patógeno	Dutta <i>et al.</i> (2024)

1.2 Generalidades de la vainilla (*V. planifolia* Jacks. ex Andrews)

La vainilla (*Vanilla* spp), es una planta de la familia Orchidaceae para la cual existen alrededor de 110 especies distribuidas sobre las zonas tropicales de México y el mundo (Bory *et al.*, 2008; Bouétard *et al.*, 2010; Gigant, Bory *et al.*, 2011). Es la única orquídea que es propagada y cultivada con propósitos de tipo alimenticio (Ahmad *et al.*, 2020) debido a que su fruto contiene un componente orgánico, la vainillina (4-hidroxi-3-metoxibenzaldehído), el cual es utilizado para elaborar saborizantes en distintas formulaciones y preparaciones en la industria de alimentos. Sin embargo, también es utilizada en medicina, farmacia y perfumería (Watteyn *et al.*, 2020; Rodríguez *et al.*, 2022). Dentro de este género, *Vanilla planifolia*, *Vanilla pompona* y *Vanilla tahitensis* son consideradas como las especies más importantes a nivel global por ser productoras de vainillina natural (Reilly, 2003; Savart, 2003; Jacobson, 2009; Pérez-Pomares, 2009; Álvarez *et al.*, 2013), de la cual, globalmente, el 95% de la producción es obtenida a partir de los frutos procesados de *V. planifolia* (Odoux, 2010; Azofeifa *et al.*, 2014).

De manera particular, *V. planifolia* Jacks. ex Andrews (Fig.2) es una planta hemiepífita o terrestre que se distribuye en climas cálidos-húmedos (Baqueiro & Beltrán, 2017), bajo condiciones de luz y sombra a temperaturas oscilantes entre los 20 y 30 °C; se desarrolla en selvas altas perennifolias y medianas subperennifolias contiguas a sabanas inundables, usualmente en los terrenos kársticos (calizos) muy accidentados, principalmente en las cimas de lomeríos. Para su crecimiento necesita de un sostén que puede estar vivo o muerto (otra planta o un árbol, conocido como tutor) como, por ejemplo, el árbol de naranja, cuyo escaso follaje le proporciona a la planta una apropiada iluminación, ventilación y menor proliferación de plagas o enfermedades (Soto, 2009; Hernández, 2011a). Presenta un ciclo de vida el cual comienza con dos años de crecimiento vegetativo, siendo al tercer año de desarrollo cuando inicia la producción de sus frutos (Kelso-Bucio *et al.*, 2012). Un problema de la planta a nivel natural es que exhibe poblaciones hiperdispersas con baja densidad de individuos. En otras palabras, es visitada raramente por insectos, aunque se han observado abejas del género *Euglossa*

posarse sobre sus flores y transportar polen de esta especie (Hernández *et al.*, 2002; Soto-Arenas *et al.*, 2009). Sin mencionar que sus inflorescencias sobreviven sólo alrededor de 24 horas y a pesar de que las flores son bisexuales, estas no pueden autopolinizarse y por lo tanto, se necesita de acción externa (Fouche & Jouve, 1999; Olivares, 2010).

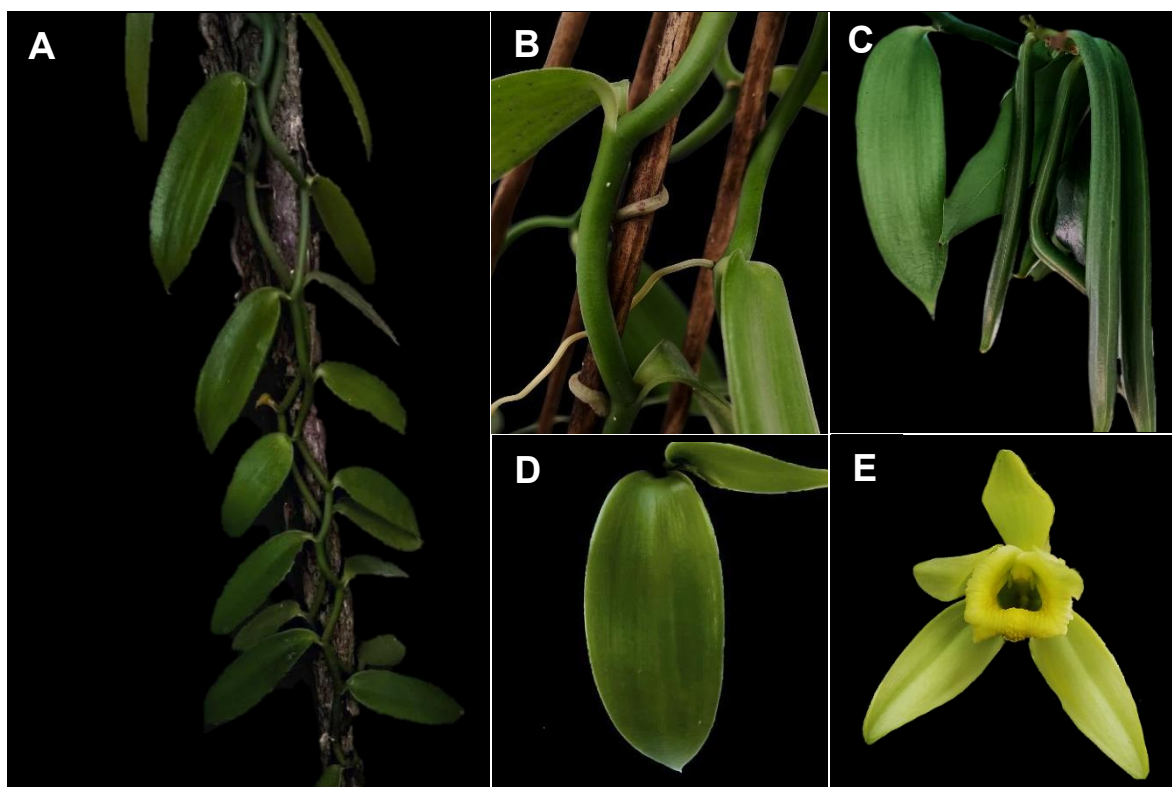


Figura 2. *Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews.

A) Planta completa de *V. planifolia*; **B)** tallo y raíz aérea adventicia; **C)** vaina; **D)** hoja; **E)** flor

A pesar de que México es el centro de origen y domesticación de la vainilla, contando con las condiciones edafoclimáticas ideales para su cultivo; esta especie presenta graves problemas de conservación y reproducción (Rodríguez *et al.*, 2022). En la actualidad, *V. planifolia* es considerada en México como una especie sujeta a protección especial, según la NOM-059-SEMARNAT-2010. Esto es debido a razones como la sobreexplotación, la amenaza a su hábitat natural (Carranza *et al.*, 2020); lo que ha reducido las poblaciones silvestres y mermado su diversidad

genética (Soto, 1999; SAGARPA, 2010); lo anterior sin considerar los problemas fitosanitarios de las que son blanco (Flores *et al.*, 2023) así como a la disminución de su producción por cambios climáticos (Armenta *et al.*, 2022). Por lo que, comprender científicamente su biología, es fundamental para su protección efectiva mediante un enfoque integrado tanto de conservación como de cultivo sostenible (Herrera *et al.*, 2012).

1.3 Distribución geográfica de *V. Planifolia* y su producción en México

La vainilla es una orquídea nativa de las selvas tropicales del sureste de México y América Central (Soto-Arenas & Cribb, 2010; Gantait & Kundu, 2017). Acerca de su productividad global; países como Indonesia, Madagascar y China han liderado la producción de vainilla en bruto de acuerdo con las estadísticas promedio de 1961 a 2022 (Fig. 3); colocando a México durante este lapso como el cuarto mayor productor y como el tercer mayor productor a nivel mundial durante 2022, con un registro de producción de 710.27 toneladas durante ese año (FAOSTAT, 2024). No obstante, nuestro país fue el principal productor y exportador de vainilla durante los siglos XVIII y XIX (Kourí, 2002), perdiendo su monopolio por razones como el descubrimiento de la polinización artificial, la vainilla sintética y la competencia de otros países (Kouri & College, 2000; Trinidad & Reyes, 2015).

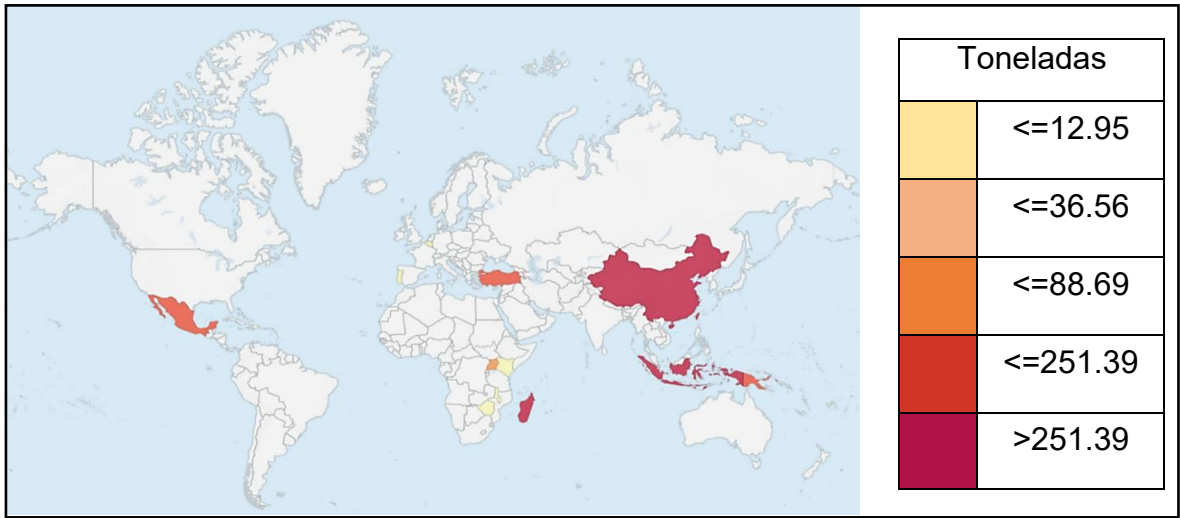


Figura 3. Mayores productores de vainilla en bruto 1961-2022 (FAOSTAT, 2024).

En México, el área de producción de vainilla se extiende desde la costa de la Sierra Madre Oriental hasta el Golfo de México; la planta crece a una altura de 700 m sobre el nivel del mar donde el clima es cálido (24° C), con humedad relativa del 80% (o mayor) y lluvias anuales de 1200-1300 mm. Dentro de estas zonas se ha registrado la presencia de especies como *V. planifolia*, *V. pompona*, *V. odorata*, *V. insignis*, *V. cribbiana*, *V. sprucei* y *V. inodora*. De las cuales *V. planifolia* es de la de mayor distribución (Fig. 4) (Hernández-Hernández, 2011a; Flores Jiménez *et al.*, 2017).

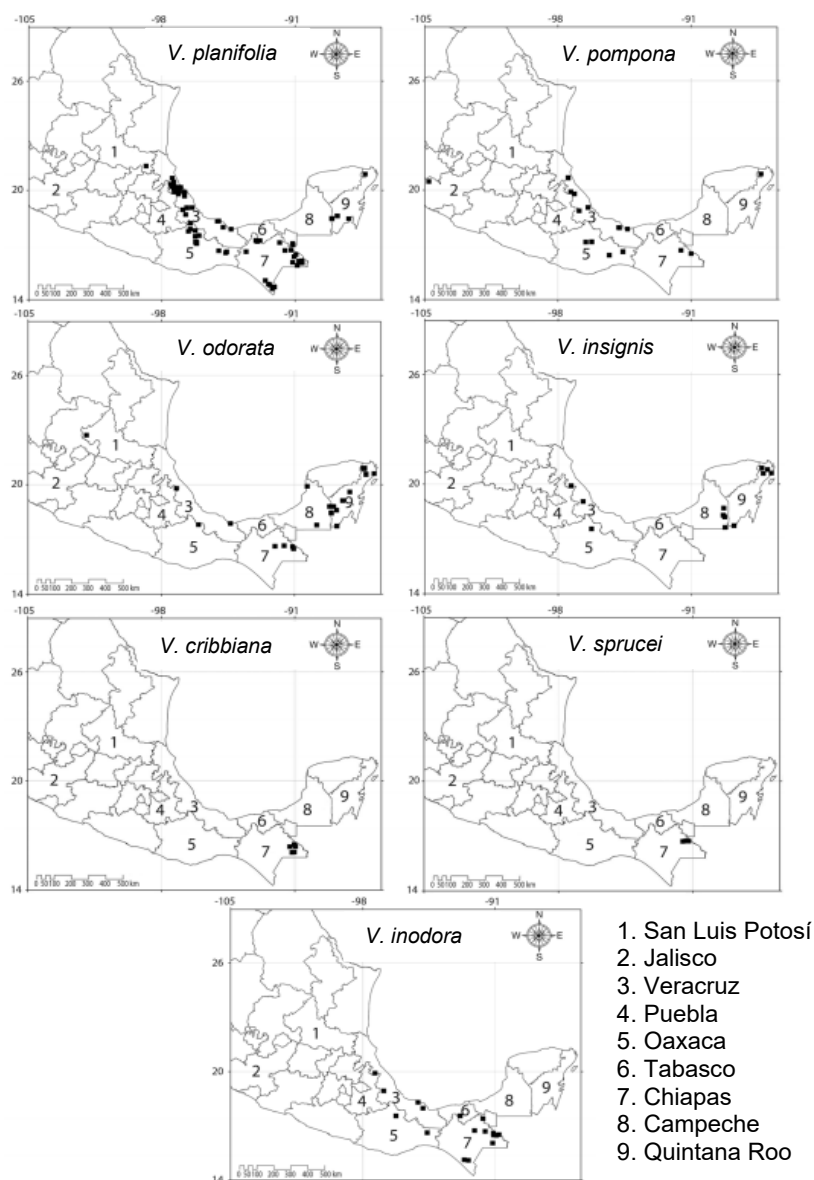


Figura 4. Diversidad de especies de *Vanilla* spp. en México (Flores-Jiménez *et al.*, 2017).

Solo *V. planifolia* se cultiva con fines comerciales por ser la más demanda a nivel industrial. Respecto a esto último, su cultivo se originó en la zona conocida como Totonacapan, la cual abarca parte de los estados de Veracruz y Puebla y que es, de hecho, donde se concentra la mayor zona productora de México, misma que aporta cerca del 76.8% de la producción nacional (Lubinsky *et al.*, 2008; Reyes-López, *et al.*, 2008; SIAP, 2017).

Sin embargo, estos no son los únicos estados productores dado que otros estados como Chiapas, Quintana Roo, Tabasco, Hidalgo, Yucatán, Oaxaca y San Luis Potosí también producen vainilla (Hernández, Sánchez, *et al.*, 2010; Villanueva *et al.*, 2017). No obstante, otros estados como Nuevo León y Tamaulipas representan también zonas estratégicas para la implementación de este cultivo (Fig.5).



Figura 5. Mapa estratégico para el cultivo de vainilla (SAGARPA, 2017).

1.3.1 Zonas y sistemas de producción en el estado de San Luis Potosí

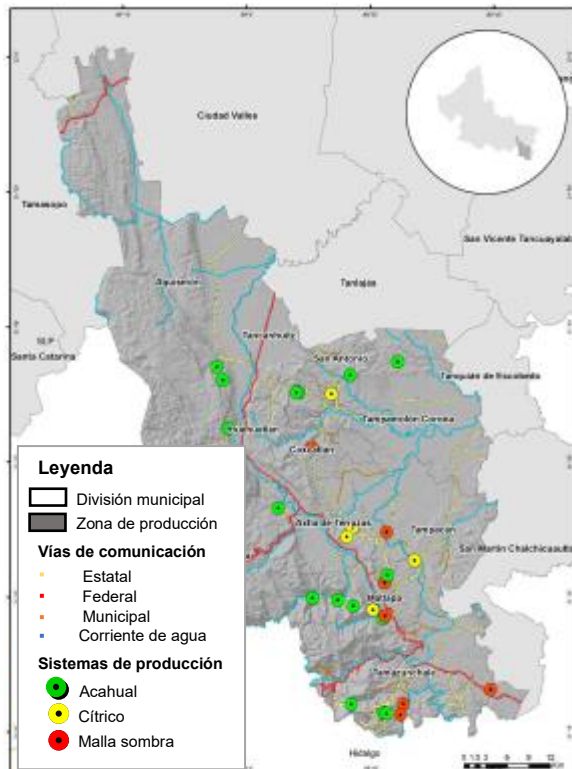


Figura 6. Zona de producción de vainilla
(Reyes Hernández *et al.*, 2018).

En la Huasteca Potosina, la vainilla es una especie presente en sistemas agroforestales tradicionales conocidos también como “Acahual”; mismos que se encuentran constituidos por un conjunto de especies nativas e introducidas que son manejadas por los habitantes de la región de forma moderada desde hace más de un siglo; siendo también cultivada en asociación con cítricos (principalmente árboles de naranja) y en casas malla-sombra (Fig.6) (Vargas *et al.*, 2014; Reyes *et al.*, 2016).

Asimismo, es importante resaltar que la vainilla beneficiada potosina muestra una de las mejores calidades a nivel nacional, lo cual incita en aumentar su producción

sobre la región (Xochipa *et al.*, 2016) calidad que es comparable a las variaciones que existen dentro de los frutos procedentes del Totonacapan (Cervantes *et al.*, 2018). Siendo a partir del año 2003, cuando el Gobierno del Estado de San Luis Potosí impulsó este y otros cultivos no tradicionales como alternativa para complementar los sistemas de cultivo (Trinidad & Reyes, 2015). Clasificando a la Zona Huasteca, perteneciente a San Luis Potosí, en 2023 como el cuarto mayor productor a nivel nacional (SIAP, 2024).

En el caso del estado de San Luis Potosí, el sector de producción se encuentra ubicado en un área geográfica que comprende una zona de vainilla que se encuentra distribuida entre los municipios de Aquismón, Xilitla, Axtla de Terrazas, San Antonio, Tampamolón Corona, Tancanhuitz de Santos, Coxcatlán, Huehuetlán, Tampacán, Matlapa y Tamazunchale. Este sitio de producción cuenta con una

superficie promedio equivalente a los 3,000 m² y los vainillales que se encuentran ubicados en este lugar presentan elevaciones que varían de 61 a 678 m, y están asentados sobre zonas cuyas precipitaciones oscilan entre los 1.540 y 2.740 mm anuales y con temperaturas medias anuales de 22 a 25 °C (Fig. 6). De los municipios ya mencionados, Tamazunchale y Matlapa se distinguen por poseer la mayor superficie potencial para el establecimiento del cultivo de vainilla (Fig.7), esto de acuerdo con su altitud (entre los 19 y 1303 m), sus características de precipitación (entre 1216 y 2943 mm anuales), tipo de terreno (terrenos con pendientes ligeras a pronunciadas y con orientación hacia el noreste) y sus temperaturas medias de 21.4 a 25.7 °C (Reyes Hernández *et al.*, 2018).

Con base a los datos mencionados, algunas zonas colindantes con el área de

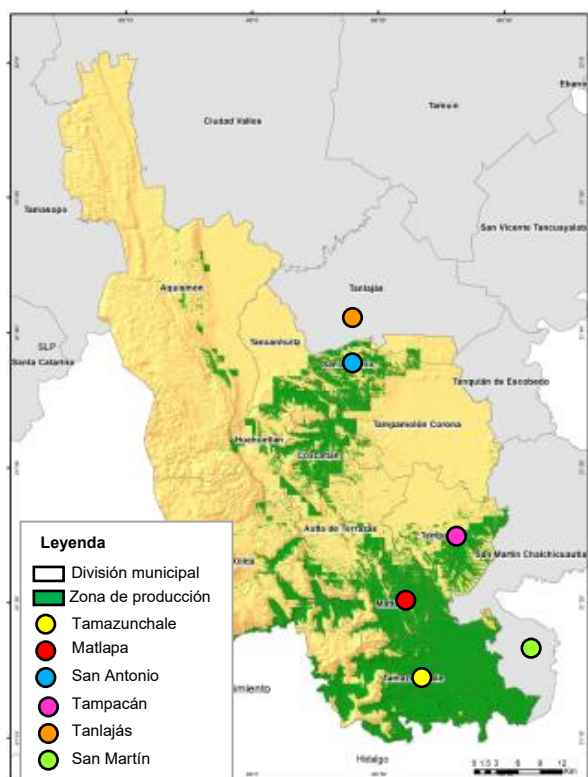


Figura 7. Zonas potenciales de producción de vainilla (Reyes Hernández *et al.*, 2018).

producción de vainilla en San Luis Potosí, específicamente en los municipios de Tanlajás y San Martín Chalcicuautla, podrían presentar un potencial adecuado para el cultivo de esta especie (Fig.7). No obstante, Trinidad *et al.* (2019) señalan que, aunque la Huasteca Potosina cuenta con condiciones favorables para el desarrollo de *V. planifolia*, la fragmentación de las selvas ha reducido significativamente la disponibilidad de áreas con vegetación arbórea nativa, lo que dificulta su establecimiento. Además, la especie enfrenta diversos factores ambientales y antropogénicos que amenazan su conservación y producción, como la escasez de

iniciativas de protección, el saqueo de poblaciones silvestres (Soto & Dressler,

2010; Flanagan & Mosquera, 2016), la incidencia de plagas de insectos y hongos, así como la pérdida de frutos debido a temperaturas excesivas, entre otros.

1.3.2 Cultivo de *V. planifolia*: Proceso general de beneficiado y problemas del cultivo

La vainilla es considerada una de las mayores aportaciones de México al mundo. Esta orquídea es altamente valorada porque de sus vainas se extrae un compuesto vegetal de gran importancia: la vainillina, uno de los saborizantes más utilizados a nivel global (Mendoza Sánchez *et al.*, 2021). Su uso no se limita a la industria alimentaria y de bebidas, sino que también se emplea en productos farmacéuticos, cosméticos, tabaco y artesanías (Luis-Rojas *et al.*, 2020). Cabe destacar que, al momento de la cosecha, el fruto de la vainilla carece de aroma, por lo que debe someterse a un proceso de “beneficiado” para desarrollar sus características organolépticas, incluyendo aroma, brillo, color y textura. Este proceso, en términos generales, consta de cuatro etapas: escaldado, soleado/sudado, secado y acondicionado (Mahadeo *et al.*, 2022) (Fig. 8).



Figura 8. Proceso general de curado en vainas de vainilla (Mahadeo *et al.*, 2022).

Estos procesos son realizados para favorecer las distintas reacciones bioquímicas y enzimáticas que generan la formación de aproximadamente 200 compuestos volátiles, que incluyen ácidos, éteres, alcoholes, ésteres y compuestos fenólicos. De los cuales, solo veinte se producen en concentraciones superiores a $1 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ (Pérez-Silva *et al.* 2006, Sharma *et al.* 2006, Frenkel *et al.* 2011); siendo la vainillina, el compuesto más importante de los producidos. Si bien, el proceso tradicional de curado de vainilla puede tardar hasta tres meses. Aunque las vainas de vainilla se pueden secar en un horno, los métodos de secado más rápidos pueden dar como resultado una calidad inferior y costos elevados (Brauer *et al.*, 2024).

Es importante destacar que, para llevar a cabo el proceso de beneficiado, la planta debe alcanzar un grado óptimo de madurez. En este sentido, y en relación con el cultivo y la comercialización de *V. planifolia*, existen diversos desafíos que deben ser atendidos durante su crecimiento.

Por ejemplo, las plantas de vainilla presentan una viabilidad reducida de sus semillas y bajas tasas de germinación (Soto-Arenas, 2003; Torres-González *et al.*, 2011), lo que dificulta su reproducción. Además, son altamente susceptibles al ataque de plagas de insectos, como *Tenthecoris confusus* y *Plusia aurífera* (Hernández Hernández, 2011a), lo que representa un obstáculo adicional para su cultivo y producción. Asimismo, el proceso de beneficiado de *V. planifolia* Jacks. ex Andrews debe cumplir con requerimientos de calidad e inocuidad, y factores como la actividad de agua, contenido de humedad y temperatura a las que se exponen los frutos (“vainas”). Todos estos parámetros determinan la inocuidad de la vainilla debido a que pueden favorecer el desarrollo de especies bacterianas y fúngicas de riesgo potencial para la salud de los consumidores (Luna-Guevara *et al.*, 2016) y que, a su vez, provocan pérdidas importantes en los frutos verdes. Siendo algunos de los géneros aislados más importantes: *Azotobacter*, *Enterobacter*, *Fusarium*, *Rhizoctonia* y *Colletotrichum* (Odoux, 2011).

1.4. Enfermedades fúngicas asociadas a *V. planifolia*

Las enfermedades de las plantas ocasionadas por microorganismos patógenos generan amenazas sobre la productividad, los ecosistemas naturales y la seguridad

alimentaria (Luchi *et al.*, 2020). En el caso de la de vainilla en México, uno de los problemas a los que se enfrentan los productores son las enfermedades provocadas por hongos, bacterias y virus; dentro de las que destacan como las más frecuentes, las enfermedades fúngicas. Por ejemplo, se ha demostrado que el hongo *Colletotrichum* sp. ataca las hojas, frutos, el tallo y flores de *V. planifolia* (Kadir *et al.*, 2019) produciendo una enfermedad conocida como Antracnosis (Hernández, 2014) que es identificada tras la aparición de pequeñas manchas irregulares y hundidas de tonalidad café (Vargas, 2014; Iftikhar *et al.*, 2023); encontrándose que en esta infección, el tejido vascular se encuentra sano pero la epidermis o capas superficiales de la planta muestra los síntomas característicos de contagio (Tombe & Liew, 2010). Reportando que esta afección es más específicamente producida en vainilla por *C. gloeosporioides* (Talubnak & Soyong, 2010).

Otra de las enfermedades que normalmente se asocia a la planta es conocida como “La roya”; esta es una enfermedad causada por patógenos como *Uromyces joffrini* (Ramos & Iglesias, 2022) aunque también se ha reportado al hongo *Puccinia* sp. como agente fúngico causal (Tombe & Liew, 2010). La roya, se caracteriza por la aparición de manchas de color amarillo-anaranjado, mismas que se convierten posteriormente en pústulas (Kadir *et al.*, 2019). Conforme la roya avanza, las pústulas crecen y se fusionan necrosando la hoja entera, llegando a un punto en el cual *V. planifolia* cesa su desarrollo, disminuyendo como resultado su capacidad de producción y generando la defoliación de plantaciones enteras si no se trata a tiempo (Hernández, 2018).

El patógeno *Phytophthora* es otro de los agentes agresivos que puede generar el ennegrecimiento de raíz, así como la necrosis de tallo y fruto en plantas de vainilla (Hernández-Hernández, 2011b; Tombe & Liew, 2010) causando incluso la caída de este último (Hernández-Hernández, 2011b). La enfermedad causada por *Phytophthora* sp. puede confundirse con la producida por especies del género *Fusarium*, sin embargo, esta es menos agresiva diferenciándose en que, *Phytophthora* sp., forma un micelio con finos y blancos filamentos sobre las zonas de infección alrededor de una semana después de infectar a la planta (Wong *et al.*,

2003; Anandaraj *et al.*, 2005). A pesar de ser afectadas por estos hongos y omicetos, de las enfermedades mencionadas, se considera a la marchitez vascular, producida por *F. oxysporum* f. sp. *vanillae*, como la más devastadora que puede afectar el cultivo (Ramírez-Mosqueda *et al.*, 2019).

1.4.1 *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*

El género *Fusarium* se caracteriza por ser cosmopolita, esto lo convierte en una gran amenaza para los agricultores de todo el mundo por disminuir la producción y el rendimiento de numerosos cultivos (Husaine *et al.*, 2018). Este género cuenta con una alta variación genética al encontrarse inclusive como un fitopatógeno especializado (denominado *formae speciales* o f. sp.), según la planta hospedante que afecte (Edel-Germann & Lecomte, 2019). A partir de lo mencionado, se conoce que las plantas de vainilla pueden ser susceptibles a la infección causada por *F. oxysporum* (Mosquera *et al.*, 2022) debido a la poca variabilidad genética que la planta posee (Pinaría *et al.*, 2010; Ramírez & Iglesias, 2015; Ortega *et al.*, 2023). Este hongo fue identificado molecularmente en un cultivar de vainilla de la Huasteca Potosina perteneciente a la comunidad de Cuichiapa, ubicada en Matlapa, S.L.P., México (Hernández-Martínez *et al.*, 2019).

F. oxysporum f. sp. *vanillae* representa el hongo más peligroso para el cultivo de *V. planifolia*, encontrándose que este patógeno puede ocasionar la destrucción total del tejido al causar la pudrición de tallo y raíz y subsecuentemente la muerte de la propia planta (Fernández-Villa & Iglesias-Andreu, 2024) al causar la pudrición de tallo y raíz y subsecuentemente la muerte de la planta (Koyyappurath *et al.*, 2015). *Fusarium oxysporum*, al ser un habitante del suelo, invade principalmente las plantas a través de las raíces. Por ello, resulta fundamental comprender los mecanismos que emplea este hongo para degradar los principales componentes de las paredes celulares radiculares, como la celulosa, la hemicelulosa y la lignina (Pattathil *et al.*, 2015).

1.5. Papel e importancia de la biotecnología en especies vegetales

La biotecnología representa cualquier aplicación tecnológica que emplea a sistemas biológicos, organismos vivos, e inclusive derivados de los mismos para crear o modificar productos y procesos para cierto uso específico (Babiye *et al.*, 2020). Teniendo un punto de vista ecológico que incluye a la agricultura, la agroindustria, la silvicultura, la pesca y la acuicultura, al presentar diferentes objetivos dentro de los que se abarca la conservación de recursos genéticos, producción de alimentos fermentados y el diagnóstico de afecciones relacionadas con las plantas (Bagwan *et al.*, 2010; Dash *et al.*, 2016).

En este contexto, el cultivo de tejidos vegetales (CTV) desempeña un papel fundamental en la biotecnología moderna debido a sus diversas aplicaciones (Bednarek & Orłowska, 2019) (Tabla 2). Esta técnica consiste en el cultivo de explantes (cualquier parte de la planta, como raíz, hoja, semilla, tallo o protoplasto) en un medio artificialmente suplementado con nutrientes y bajo condiciones asépticas (Touchell *et al.*, 2008; Levitus *et al.*, 2010; Bayoudh *et al.*, 2024).

Tabla 2. Ejemplos de aplicaciones biotecnológicas en organismos vegetales.

Aplicación biotecnológica	Organismo vegetal	Referencia
Micropropagación por biorreactores	<i>V. planifolia</i> Jacks	Ramírez-Mosqueda & Iglesias Andreu (2016)
Tolerancia a Cd, Cu, Mn y Zn	<i>Nicotiana tabacum</i>	Saad <i>et al.</i> (2018)
Biofortificación con carotenoides	<i>Zea mays</i>	Zhu <i>et al.</i> (2018)
Tolerancia a déficit hídrico	<i>Passiflora edulis</i> cv <i>flavicarpa</i> Deneger	Loaiza Campiño <i>et al.</i> (2020)
Micropropagación <i>in vitro</i> de una especie endémica y amenazada	<i>Farsetia macrantha</i> Blatt. & Hallb	Choudhary <i>et al.</i> (2020)
Predicción de la actividad antioxidante	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Carbas <i>et al.</i> (2020)
Producción <i>in vitro</i> de sesquiterpenos por elicitación química y biológica	<i>Gyrinops walla</i>	Munasinghe <i>et al.</i> (2021)

Entre estas aplicaciones, se encuentra la micropropagación vegetal (Uma *et al.*, 2023; Romo-Paz *et al.*, 2023) y la generación de plantas transgénicas con usos específicos industriales y agronómicos (Loyola & Ochoa, 2018). Aplicaciones que engloban a su vez a la mejora de cultivos y fitomejoramiento por eliminación de virus, así como de otros patógenos para la obtención de material vegetal saludable (Hernández *et al.*, 2024), la preservación del germoplasma de cultivos vegetativos (Bettoni *et al.*, 2024) y el rescate de plantas amenazadas o en peligro de extinción (Chandran *et al.*, 2023).

Con base a lo anterior, y de acuerdo con Domínguez *et al.*, (2008), el CTV presenta diversas ventajas en comparación con el cultivo convencional, como lo son:

1. Un sistema de propagación basado en la clonación, lo que significa que las características genotípicas del material original se mantienen.
2. El proceso entero es llevado a cabo en un laboratorio bajo condiciones controladas, totalmente dependientes de condiciones externas; así que, el material no es afectado por los cambios de estación durante el año, congelamiento, altas temperaturas, u otros factores ambientales.
3. Alrededor de 10,000 plantas pueden ser obtenidas en poco tiempo a partir de un solo donante.
4. El espacio requerido es mínimo y el tiempo en el que puede tener lugar el proceso es relativamente corto.
5. Las plantas obtenidas son libres de hongos, bacterias y nematodos fitopatógenos y con técnicas más específicas (como el cultivo de meristemos), las plantas pueden incluso estar libres de virus y viroides.

1.4.2 Selección *in vitro* de plantas resistentes a hongos

El cultivo de tejidos ha emergido como una herramienta factible para la obtención de plantas resistentes al estrés biótico (Verma *et al.*, 2021) y abiótico (Saad *et al.*, 2018; Loaiza Campiño *et al.*, 2020). Las variables mutantes o somaclonales con resistencia a enfermedades han sido obtenidas a partir del uso de agentes apropiados, o mediante alteraciones en el ADN. Generando así nuevos recursos en

cuestión a variedades genéticas de vegetales selectos y resistentes al ataque o infección de patógenos (Dong & Ronald, 2019; Maheshwari *et al.*, 2020).

De acuerdo con lo anterior, la selección *in vitro* se ha utilizado a través de los años para generar plantas resistentes a enfermedades fúngicas por medio de los agentes específicos de selección; ya sea empleando toxinas derivadas de un hongo en específico (puras o semipurificadas) o por el recurrente uso de extractos crudos y filtrados fúngicos a diferentes concentraciones. Sometiendo en experimentos *in vitro* y *ex vitro* a diferentes variedades de plantas dentro de las que se encuentran vegetales de interés agronómico y medicinal (Tabla 3).

Tabla 3. Selección *in vitro* de plantas resistentes a enfermedades fúngicas por agentes de selección.

Organismo vegetal	Patógeno	Agente de selección	Referencia
<i>Fragaria x ananassa</i>	<i>Colletotrichum acutatum</i>	Inóculo de esporas	Hammerschlag <i>et al.</i> (2006)
<i>Saccharum</i> sp.	<i>Colletotrichum falcatum</i>	Filtrado fúngico	Sengar <i>et al.</i> (2009)
<i>Allium sativum</i>	<i>Sclerotium cepivorum</i>	Filtrado fúngico	Zhang <i>et al.</i> (2011)
<i>Dendranthema grandiflora</i> Tzelev	<i>Septoria obesa</i>	Filtrado fúngico	Kumar <i>et al.</i> (2012)
<i>Curcuma longa</i> L. cv. Suroma	<i>Fusarium</i> <i>oxysporum</i> f.sp. <i>Zingiberi</i>	Filtrado fúngico	Kuanar <i>et al.</i> (2014)
<i>Citrus jambhiri</i> Lush	<i>Phytophthora parasitica</i>	Filtrado fúngico	Savita <i>et al.</i> (2017)
<i>Vanilla planifolia</i> Jacks.	<i>F. oxysporum</i> f. sp. <i>vanillae</i>	Filtrado fúngico	Ramírez-Mosqueda <i>et al.</i> (2019)
<i>Withania somnifera</i>	<i>Alternaria alternata</i>	Filtrado fúngico/Toxina parcialmente purificada	Chakraborty <i>et al.</i> (2020)
Portainjerto de manzana (MM106)	<i>Phytophthora cactorum</i>	Filtrado fúngico	Verma <i>et al.</i> (2021)
<i>Musa</i> L. spp	<i>F. oxysporum</i> f. sp. cubense	Ácido fusárico	Rebouças <i>et al.</i> (2021)

Dichos agentes de selección también conocidos como elicitores, actúan en la planta de tal manera que le permite generar resistencia. Este método de selección ha demostrado ser eficaz en el fortalecimiento de la resistencia a enfermedades en diversos cultivos, y se considera un enfoque biotecnológico ampliamente aceptado con un enorme potencial para la mejora agrícola (Anil *et al.*, 2018).

1.4.3 Control biológico de hongos patógenos

Las enfermedades de las plantas representan una amenaza significativa para la sostenibilidad de la agricultura a nivel global. Aunque el desarrollo de cultivares resistentes es visto como la principal estrategia para prevenir y controlar estas enfermedades, este enfoque requiere una comprensión profunda de las interacciones entre las plantas y los patógenos. (Li *et al.*, 2024a). Sin mencionar que es difícil encontrar cultivares resistentes debido a la ruptura de la resistencia por las diversas razas de patógenos (Ivanov *et al.*, 2021).

El control biológico, es definido de manera general como el uso de organismos vivos (denominados antagonistas o agentes de control biológico: ACB) para controlar plagas como insectos, malezas, parásitos, hongos patógenos u otras especies invasoras (Martínez *et al.*, 2023). Este tipo de alternativas se ha empleado debido a que, técnicas tradicionales de protección de cultivos que utilizan plaguicidas sintéticos, han comenzado a generar problemas de contaminación ambiental, problemas de salud e incluso generación de resistencia por parte de los fitopatógenos a combatir (Saldaña *et al.*, 2023). Debido a lo anterior, se han realizado diversas investigaciones con el enfoque de inhibir patógenos fúngicos tanto en diversas especies vegetales agrícolas, forestales, etc. Por ejemplo, especies como *Coprinellus micaceus* e *Iyonectria mors-panacis* han sido utilizadas para la inhibición de *Phytophthora agathidicida*, que representa una grave amenaza para el kauri (*Agathis australis*) a nivel individual y de población (Lawrence *et al.*, 2024). Otro ejemplo de control biológico es el uso de *Trichoderma* spp. para la prevención de diversas enfermedades en plantas (Løvschall *et al.*, 2024; Sutthisa *et al.*, 2024; Asghar *et al.*, 2024).

El uso de ACBs para el control de patógenos fúngicos como *Fusarium* spp. representa una estrategia prometedora en el manejo de la enfermedad. No obstante, es crucial una mayor elucidación de sus mecanismos de acción y eficacia para optimizar su aplicación (Risoli *et al.*, 2024).

2. ANTECEDENTES

De acuerdo con las visitas realizadas al centro de acopio ubicado en Axtla, San Luis Potosí, en mayo de 2022 y junio de 2023, los problemas que suelen presentarse en los cultivos de *V. planifolia* de la Huasteca Potosina generan pérdidas que van desde el deterioro de pocas plantas hasta la muerte total del cultivo; mismos que han retardado y minimizado su volumen de producción. Lo que ha dado por consecuencia pérdidas económicas de cifra variable para los agricultores.

Entre las incidencias, los cultivos han sido invadidos por plagas de chinche roja y gusanos; mencionando además que su producto terminado ha sido blanco de hongos contaminantes (Fig.9). A pesar de la existencia de estas problemáticas, algunos productores de vainilla de la Zona Huasteca han logrado disminuir parte de ellas a través del intercambio de información en reuniones con otros productores de México, la investigación, agroquímicos como el carbendazim e incluso la producción de sus propios insecticidas utilizando conocimientos tradicionales. Sin embargo, no todos los productores cuentan con la iniciativa de realizarlo y eso, en consecuencia, provoca la pérdida de su cultivo a corto o largo plazo. Por lo anterior, el principal problema detectado dentro del cultivo de *V. planifolia* en la Huasteca Potosina, es la pudrición de tallo y raíz causada por *Fusarium* sp. (Fig.9-C) aunque también se han logrado identificar plantas con síntomas de antracnosis a una menor escala. Si bien, en una investigación previa realizada por Hernández-Martínez *et al.* (2020) se identificó molecularmente al hongo como *F. oxysporum*; se desconoce si hay otras especies dentro de este género que estén afectando los cultivos vainilleros de la región y que tan dañinas puedan llegar a ser dichos posibles aislados. Esto último considerando el hecho de que existe una variación de fitopatogenicidad entre

especies de *Fusarium* (Ha *et al.*, 2023; Harish *et al.*, 2023). En ese sentido, es necesario comenzar a analizar la diversidad de este hongo en los cultivos de vainilla de la Huasteca Potosina, así como su variación patogénica; con la finalidad de generar un registro que determine la incidencia de esta enfermedad en los cultivos del estado, así como un análisis de los efectos a nivel bioquímico para evaluar de forma certera los efectos de que estos hongos producen en la planta de vainilla.

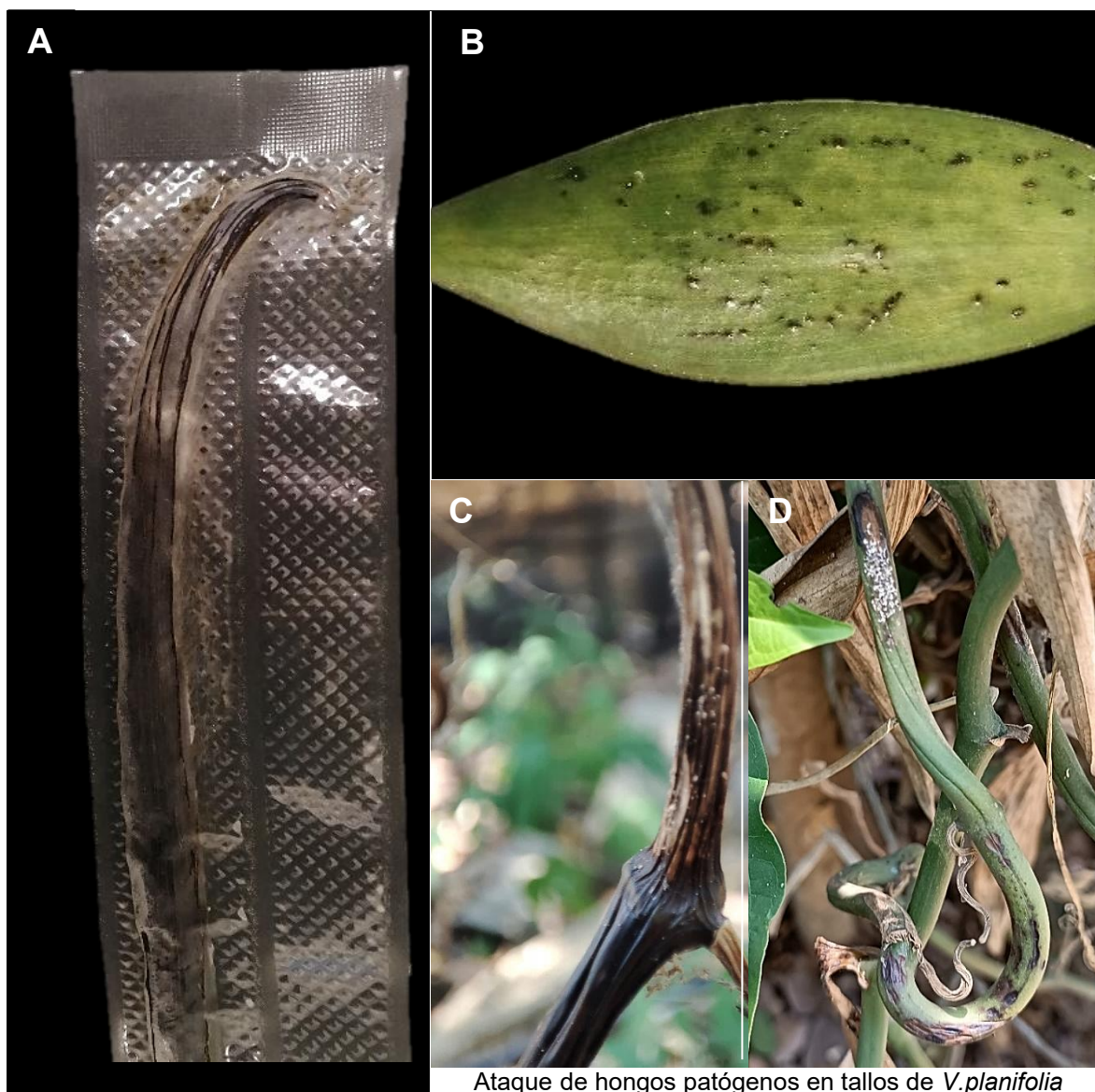


Figura 9. Problemas detectados en plantas de *Vanilla planifolia* y en productos derivados.

A) Producto final con empaque contaminado; **B)** ataque foliar de chinche roja; **C)** infección por *Fusarium* sp.; **D)** antracnosis en tallo de *V. planifolia*

3. JUSTIFICACIÓN

Vanilla planifolia Jacks es la especie de vainilla de mayor importancia comercial (Torres-Zamudio *et al.*, 2025). En San Luis Potosí, el cultivo de vainilla ha sido impulsado como una alternativa agrícola no convencional desde 2002 (GESLP, 2014). La zona productora abarca aproximadamente 13 municipios ubicados en la región centro-sur de la Huasteca, donde se cultiva principalmente mediante tres métodos: en asociación con cítricos, bajo malla sombra y en sistemas agroforestales tradicionales (Trinidad, 2014). No obstante, pese a los esfuerzos realizados por aumentar el volumen de producción, los rendimientos tienden a ser menores a una tonelada por hectárea en los sistemas empleados (Trinidad, 2020). En adición a esto, con anterioridad se ha reportado presencia *Fusarium oxysporum* en cultivos de vainilla dentro del municipio de Matlapa, ubicado en la Zona Huasteca (Hernández-Martínez *et al.*, 2020); esto ha provocado que las plantas se vean afectadas dado a la rápida infección y propagación del patógeno. Mermando aún más la producción del cultivo dado a su difícil tratamiento.

En nuestro grupo de trabajo se aisló dentro del presente trabajo a *F. oxysporum* a partir de plantas enfermas recolectadas en el municipio de Axtla de Terrazas, San Luis Potosí; Aunque anteriormente ya se había realizado el aislamiento e identificación molecular de este hongo en otro municipio. No se realizó ningún estudio sobre el potencial fitotóxico que este hongo genera tras infectar la orquídea.

La investigación planteada contribuirá a una mejor comprensión de la interacción planta-patógeno que se produce tras la infección de *Fusarium* en *V. planifolia* en la Huasteca Potosina. Además, los resultados obtenidos podrán orientar el desarrollo de posibles estrategias o alternativas para reducir la incidencia del hongo en los cultivos, con la intención de beneficiar a las comunidades productoras y mitigar los daños causados por este patógeno.

4. HIPÓTESIS

La interacción entre *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* involucra mecanismos específicos de patogenicidad del hongo, como la producción de metabolitos tóxicos y la penetración en tejidos vasculares, que inducen respuestas morfológicas, fisiológicas y moleculares en la planta, incluyendo alteraciones estructurales, estrés oxidativo y mecanismos de defensa.

Hipótesis nula (H_0):

La interacción entre *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* no genera alteraciones morfológicas, fisiológicas ni moleculares significativas en la planta, ni se activan mecanismos de defensa específicos frente a la infección.

Hipótesis alternativa (H_1):

La interacción entre *Fusarium oxysporum* y *Vanilla planifolia* provoca alteraciones morfológicas, fisiológicas y moleculares en la planta, activando mecanismos de defensa específicos como respuesta a la patogenicidad del hongo.

5. OBJETIVOS

5.1. Objetivo general

Evaluar la interacción entre el hongo fitopatógeno *Fusarium* sp. y *Vanilla planifolia* Jacks., mediante estudios morfológicos y fisiológicos para identificar los mecanismos implicados en la patogenicidad del hongo y la respuesta de defensa de la planta.

5.2. Objetivos específicos

1. Aislar e identificar molecularmente una cepa de *Fusarium* sp. asociada a cultivos de *Vanilla planifolia* en la Huasteca Potosina.

2. Evaluar la sensibilidad del aislado de *Fusarium* sp. frente a diferentes fungicidas mediante ensayos *in vitro*.
3. Analizar la interacción planta-patógeno en raíces de *Vanilla planifolia* utilizando microscopía confocal.
4. Estimar el daño estructural y bioquímico causado por el aislado de *Fusarium* sp. y sus filtrados fúngicos en vitroplantas de *Vanilla planifolia*.
5. Determinar el efecto de macro y micronutrientes sobre el crecimiento *in vitro* del aislado de *Fusarium* sp.
6. Evaluar la capacidad antagónica directa e indirecta de *Trichoderma harzianum* frente al aislado patógeno de *Fusarium* sp.

6. MATERIALES Y MÉTODOS

6.1. Aislamiento e identificación de hongos

Para el aislamiento del hongo, se realizó una visita a los productores de vainilla en la comunidad de Ahuacatitla, Axtla de Terrazas, San Luis Potosí, durante el mes de mayo de 2022 y junio del 2023; lugar donde se recolectaron muestras de plantas con síntomas aparentes de marchitez vascular. Obtenidas las muestras, estas se colocaron en bolsas de polietileno de cierre hermético y posteriormente fueron trasladadas al Laboratorio de Investigación en Ciencias Ambientales de la Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca, UASLP. Una vez en el laboratorio y bajo condiciones estériles, el tejido vegetal fue lavado con agua destilada para eliminar la suciedad y el polvo. Finalmente, el tejido vegetal colectado fue inoculado en agar papa dextrosa (PDA) por triplicado, colocando en cada caja Petri tres secciones de tejido (± 1 cm) por separado; los cultivos fueron incubados en condiciones de oscuridad dentro de una cámara ambiental (Prendo CA-6) a 27 ± 1 °C por un lapso de siete días. Se realizaron resiembras de los hongos obtenidos periódicamente hasta su posterior identificación molecular.

6.1.1. Preparación de agar papa dextrosa (PDA)

Todos los hongos obtenidos de las muestras colectadas fueron aislados empleando agar PDA (BD Bioxon, Agar dextrosa y papa, Lot. 7347656); para su preparación, se disolvieron 39 gramos del medio por litro de agua destilada, se ajustó el pH a ± 6.5 y finalizado lo anterior, el medio fue esterilizado en autoclave (Felisa, modelo FE-399. Serie 1311120) a 121 °C por 15 minutos. Culminado el ciclo, el medio fue vertido en cajas Petri de plástico (60 x 15 mm) bajo condiciones de esterilidad proporcionadas por una campana de flujo laminar (ESCO Laminar Flow Cabinet); adicionalmente el medio fue suplementado con 0.2 mL/50mL de bencilpenicilina procaína con bencilpenicilina cristalina (PiSA farmacéutica, Lot. 119S060) para inhibir el crecimiento bacteriano. Una vez llenadas las cajas Petri, el medio se dejó solidificar y a continuación las cajas fueron selladas y resguardadas en refrigeración hasta su uso.

6.1.2. Identificación macroscópica y microscópica

La identificación macroscópica de las especies fúngicas obtenidas se realizó empleando placas de Petri adicionadas con agar PDA, los aislados fueron sembrados en el medio por picadura y se incubaron a 27 °C por siete días. Al finalizar el periodo de tiempo, se visualizó la morfología y color de la colonia.

La identificación microscópica se llevó a cabo mediante la aplicación de la técnica de microcultivo de hongos. En este proceso, se procedió a esterilizar el material necesario utilizando una autoclave a 121 °C por 15 minutos (portaobjetos, cubreobjetos, palillos de madera). Para realizar el microcultivo, se cortaron secciones cuadriculadas de $\pm 1 \text{ cm}^2$ de agar PDA empleando un bisturí. Posteriormente, para brindar soporte, en una caja Petri de plástico se colocaron 3 palillos de madera en forma de triángulo y sobre ellos se colocó un portaobjetos seguido de una sección de agar. Empleando un asa, se tomó una muestra de la colonia fúngica pura y en seguida se inoculó el hongo en cada uno de los lados del cuadro de agar. Para mantener la humedad, dentro de la caja se adicionó agua destilada y tras siete días de crecimiento la colonia se visualizó por medio de un microscopio óptico tras teñir la preparación con azul de lactofenol.

6.1.3. Extracción de ADN e Identificación molecular

Los análisis moleculares, con excepción de la secuenciación, se realizaron en el Departamento de Microbiología del Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE), en Baja California.

Para la identificación molecular de la especie fúngica y para fines específicos de esta investigación, de los dos hongos aislados se eligió únicamente el cultivo con las características morfológicas reportadas para las especies de *Fusarium*; en ese sentido, se realizó una extracción de ADN utilizando el kit DNeasy® Plant (cat. nos. 69104 y 69106). Como paso inicial, el hongo fue cultivado en medio mínimo de Vogel (Apéndice A) durante 72 horas a 30°C tras adicionar un cuadro de micelio ($\pm 1 \text{ cm}^2$) de 7 días de crecimiento. El cultivo se realizó bajo condiciones de oscuridad dentro de un matraz Erlenmeyer de 250 mL cubierto previamente con aluminio.

Pasadas 72 horas de haberse inoculado, el hongo fue retenido en un papel filtro estéril por medio de filtración al vacío y una vez eliminado el medio líquido, el micelio se lavó con agua destilada para retirar el exceso de sales. Realizado lo anterior, el micelio fue congelado tras agregar nitrógeno líquido y luego de esto se procedió a realizar la extracción de ADN de la muestra con base al protocolo del kit DNeasy® Plant, justo como se describe en breve:

1. Se trituró la muestra congelada utilizando un mortero y pistilo estériles.
2. La muestra obtenida se colectó en un tubo de microcentrífuga (2mL) y se adicionaron 400 µL de buffer AP1 seguido de 4 µL de RNasa. La muestra se llevó a un vórtex y luego de esto se incubó a 65 °C por 10 minutos, realizando de 2-3 homogenizaciones durante dicho periodo.
3. Se añadieron 130 µL del buffer P3 a la muestra y posteriormente se homogenizo para ser incubada en hielo posteriormente por 5 minutos.
4. El lisado se centrifugó a 13000 rpm por 5 minutos y a continuación la muestra fue trasladada en una columna QIAshredder spin situada en un tubo de recolección de 2 mL.
5. La muestra se centrifugó a 13000 rpm por 2 minutos y seguido de esto se trasladó a un tubo nuevo. Se añadieron enseguida 1.5 volúmenes del buffer AW1 y se mezcló por pipeteo.
6. Se colocaron 650 µL de la mezcla en una columna DNeasy Mini spin colocada en un tubo colector de 2 mL.
7. La muestra fue centrifugada a 8000 rpm y se descartó el flujo. Este paso fue repetido con la muestra restante.
8. Se colocó la columna DNeasy Mini spin en un tubo colector de 2 mL nuevo y se adicionaron 500 µL del buffer AW2; se realizó una centrifugación a 8000 rpm por 1 minuto y se descartó el líquido fluido.
9. Se añadieron 500 µL de buffer AW2 nuevamente y se centrifugó a 13000 rpm por 2 min.
10. Se transfirió la columna a un tubo nuevo de microcentrífuga de 2 mL y se añadieron finalmente 40 µL de agua destilada.

La pureza de la muestra se midió empleando un NanoDrop (NanoDrop Lite, Thermo Scientific) y por medio de la técnica de PCR (Reacción en cadena de la polimerasa) se amplificó el producto obtenido. Respecto a esto último, la PCR fue realizada añadiendo a 5 µL de DNA, 31.25 µL de agua ultrapura estéril, 4 µL de un mix de dNTP, 4 µL de Cloruro de Magnesio (MgCl₂), 0.25 µL de enzima (TaKara LA Taq DNA polymerase), 5 µL de buffer y 2.5 µL de los primers Forward (IT5, 632 pb, posición:1737-1758, primer: GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG) y Reverse (ITS4, 1000 pb, posición: 2390-2409, primer: TCCTCCGCTTATTGATATGC). La mezcla obtenida, se procesó dentro de un termociclador (BIO-RAD, T100™ Thermal Cycler) empleando las rampas de temperatura descritas en la Tabla 4.

Tabla 4. Condiciones de amplificación por PCR.

Paso	Tiempo	T (°C)	Ciclos
Calentamiento y desnaturalización inicial	2 minutos	94	1
Desnaturalización	30 segundos	98	34
Alineamiento	30 segundos	59.9	
Extensión	40 segundos	72	
Extensión final	3 minutos	72	1
Descenso de temperatura y almacenamiento	-	16	-

El producto obtenido de la PCR fue procesado en una electroforesis en gel de agarosa (1%) para verificar su integridad y calidad; posteriormente, la banda fue visualizada por medio de un transiluminador (BIO-RAD, GEL DOC XR+) y seguido de lo anterior, esta fue seccionada. Para finalizar, se efectuó un proceso de extracción de ADN empleando el protocolo establecido en un kit de extracción de geles (QIAquick® PCR & Gel Cleanup Kit, cat. nos. 28704, 28706, 28506 y 28115). El producto purificado fue secuenciado para confirmar la identidad molecular. Para este caso, la secuenciación fue realizada por la empresa Eton Bioscience Inc., ubicada en San Diego, California, EE.UU. en noviembre de 2023.

6.2. Prueba de resistencia a fungicidas

Con el objetivo de determinar la efectividad de diferentes fungicidas (Tabla 5) contra *F. oxysporum*, se realizaron pruebas *in vitro*. Las concentraciones utilizadas de cada fungicida se seleccionaron considerando diferentes rangos reportados como efectivos contra *Fusarium* pp. patógenas. Para esta prueba se empleó un medio mínimo de sales, el cual fue preparado con nitrato de potasio (KNO₃), sales de ustílago, sacarosa (1.5% p/v) y la concentración indicada del fungicida. Las pruebas se realizaron en cajas Petri de plástico (60 x 15 mm) a las cuales se les inoculó el hongo una vez adicionado el medio con el tratamiento; tras la inoculación, las cajas fueron incubadas a 27 °C y se midió el crecimiento de la colonia fúngica diariamente. El tiempo de evaluación de los tratamientos estuvieron sujetos al control, por lo que una vez que el hongo colonizó la caja de este, se dio por finalizada la prueba.

Tabla 5. Fungicidas comerciales empleados en el ensayo de resistencia.

Fungicida	Compuesto activo	Concentración (mg/L)	Referencia
Control	-	-	-
Captan	Carboxamida	500	Jamil & Ashraf (2020)
Manzate®	Mancozeb	300	Emara <i>et al.</i> (2021)
PROUD 3®	Aceite de tomillo (5.5%)	100	Kadiri <i>et al.</i> (2019)
PROCURE®	Triflumizole	0.3	Elmer (2006)
Derosal	Carbendazim	100	Sinha <i>et al.</i> (2019)
Tiabendazol	Tiabendazol	5	Ortiz <i>et al.</i> (2022)
Switch®	Fludioxonil+Ciprodinil	100	Malandrakis <i>et al.</i> (2018)
Cabrio® C	Boscalid + Piraclostrobina	5	Bubici <i>et al.</i> (2019)

6.3. Obtención del material vegetal y propagación *in vitro* de *V. planifolia*

Las plantas de *Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews utilizadas en esta investigación fueron obtenidas a partir de un cultivo *in vitro* preestablecido en el Laboratorio de

Investigación en Ciencias Ambientales, UASLP; esto con el fin de obtener mayor cantidad de material vegetal para los experimentos. Por lo que *V. planifolia* fue micropropagada a través de esquejes.

La siembra del material vegetal fue realizada durante los meses de agosto a diciembre de 2022 y de enero a diciembre de 2023. Se utilizaron frascos de vidrio de distintas capacidades (250, 500 y 1000 mL) con tapa hermética y por cada contenedor fueron sembrados de 2 a 4 esquejes.

6.3.1. Preparación de medios para el cultivo de tejidos vegetales (CTV)

En cuestión al cultivo *in vitro* de *V. planifolia*, se empleó el medio Murashige & Skoog (MS) (PhytoTech Labs, Lot. 14G0519109A), cuya preparación se obtuvo disolviendo 4.43 g del medio; el medio se suplementó con 15 g de sacarosa comercial y 5 g de carbón activado por cada litro de solución. El pH del medio fue ajustado en un rango de 5.7-6 utilizando NaOH o HCl 1N haciendo uso de un potenciómetro. Para la obtención del medio semisólido se añadieron 8 g de agar (Agar Plant TC, CAS Number 9002-18-0) por litro de medio basal y al final, este fue vertido en frascos de vidrio en los que se colocaron de 30-80 mL del medio de acuerdo con el tamaño del contenedor. Tras ser preparados, los medios fueron esterilizados en autoclave (Felisa, modelo FE-399. Serie 1311120) a 121 °C durante 15 minutos.

6.4. Ensayo de infección *in vivo* en plantas de *Vanilla planifolia*

Se realizó una prueba de infección inicial para comprobar la severidad patogénica de la cepa de fusarium aislada e identificada molecularmente. Para realizar este proceso; a partir de una planta madre de *V. planifolia* sin aparentes signos de enfermedad se obtuvieron secciones de 6.5-7 cm de largo (n=10). Los cuales fueron lavados con agua de grifo y agua destilada con la finalidad de retirar el polvo acumulado.

Para el ensayo de infección, en 50 mL de medio mínimo de Vogel se colocó un cuadro de micelio ($\pm 1 \text{ cm}^2$) de la especie identificada molecularmente; dicha siembra fue realizada a partir de un cultivo de 7 días de crecimiento en medio PDA. El medio líquido fue incubado dentro de una cámara ambiental a $27 \pm 1 \text{ }^\circ\text{C}$ por una semana

y posteriormente se realizó un conteo de esporas. Una vez obtenido el cultivo líquido (2.5625×10^6 esporas/mL), este fue añadido a 500 g de tierra (doblemente esterilizada) humedecida con agua destilada. En relación con los explantes de *V. planifolia*, previo al inicio del ensayo, se realizaron incisiones en la base de las plantas con la ayuda de un bisturí y posteriormente, estos explantes fueron sembrados en la tierra infectada. Para esta parte experimental el grupo control consistió en una maceta con tierra estéril no inoculada en la que fueron sembradas el mismo número de plantas de vainilla.

Se realizó una evaluación del nivel de infección cada 3 días a lo largo de un periodo de 21 días. Se determinó el porcentaje de plantas infectadas cada 24 horas y se registró la evolución del marchitamiento en la planta; adicionalmente se tomó nota de la sintomatología manifestada. En cada evaluación se tomaron fotos con ayuda de un estereoscópio (SWIFT, Mod. SM100 Series) a 2X para tener una visualización más precisa a nivel macroscópico. Para este análisis, la planta se consideró como infectada tras la aparición de algún tipo de daño en la zona base del tallo, la cual puede manifestarse como oscurecimiento, manchas oscuras, oxidación o ligera pérdida de turgencia. Además, se evaluó la pérdida de agua porcentual de las plantas (WL%); para ello se tomó como base el protocolo descrito por Dami & Hughes (1995) con ligeras modificaciones. Para realizar esto, previo al experimento las plantas fueron pesadas empleando una balanza analítica registrando de esta manera el peso fresco inicial (FW_{T0}). Una vez culminados los 21 días, se registró el peso de las muestras inmediatamente después de retirarlas del medio; de esta forma se obtuvo el peso fresco final (FW_t). El tejido vegetal fue sometido a un secado en estufa a 70 °C por 24 horas para determinar el peso seco de la muestra y tras obtener este dato, se calculó el porcentaje de pérdida de agua (WL%) por medio de la siguiente fórmula:

$$(Eq. 1) \quad WL (\%) = \frac{(FW_{T0} - DW_t) - (FW_t - DW_t)}{FW_{T0} - DW_t} \times 100$$

Donde:

- $WL (\%) = \text{Pérdida de agua porcentual}$
- $FW_{T0} = \text{Peso fresco inicial}$
- $FW_t = \text{Peso fresco final}$
- $DW_t = \text{Peso seco}$

6.5. Ensayo quimiotrópico

Para el ensayo quimiotrópico, se siguió la metodología propuesta por Zhai *et al.* (2018) con ligeras modificaciones. Para esta prueba se emplearon brotes de *V. planifolia* Jacks de ± 0.5 cm, los cuales fueron sembrados en cajas de Petri con división doble adicionadas con agar base agua (0.5%, w/v); como control se empleó una tira de papel filtro estéril (1 x 3 cm) inmersa en agua destilada estéril. Una vez establecidos los tratamientos, en la zona centro de la caja fue inoculado el aislado de *F. oxysporum*. Realizado lo anterior, se evaluó el crecimiento de la colonia a temperatura ambiente tras 24, 48 y 120 horas de haber sembrado el patógeno; el efecto quimiotrópico hacia un tratamiento u otro fue considerando el factor de medición ya mencionado.

6.6. Interacción planta-patógeno: observación por microscopía confocal

Raíces de *V. planifolia* fueron infectadas con el hongo *F. oxysporum* a lapsos de 2, 3 y 6 días. Una vez ejecutado este proceso, se realizaron las tinciones correspondientes conforme a la metodología descrita por Ghareeb *et al.* (2011) con el fin de realizar la observación del hongo. Para ello, las raíces infectadas fueron inmersas en etanol absoluto durante 24 horas. Terminado el proceso anterior, estas se lavaron con agua destilada estéril para retirar el exceso del solvente y posteriormente fueron incubadas en KOH (10%) por un lapso de 12 horas; a $27 \pm 1^\circ$ C. Después de ser lavadas nuevamente con agua destilada estéril; posteriormente se sometieron a un proceso de tinción. Para ello las raíces fueron incubadas por 30 minutos (incluyendo tres intervalos de 2 min en condiciones de vacío) en una

solución suplementada con WGA-Alexa Fluor 488 (10 mg/mL), 20 mg/mL de yoduro de propidio y 0.02% de Tween 20 en solución salina con buffer de fosfato (pH 7,4).

Tras teñir las muestras, estas fueron observadas en un microscopio confocal (Olympus FluoView FV1000) y fotografiadas con una cámara Hamamatsu (Hamamatsu, Japan). De acuerdo con las sugerencias de manufactura, el WGA-Alexa Fluor 488 fue detectado a una longitud de excitación de 488 nm y a una longitud de emisión de 500 a 540 nm (tiñendo las estructuras fúngicas en verde); por otra parte, el yoduro de propidio se detectó a una longitud de excitación de 561 nm y a una longitud de emisión de 580 a 660 nm (tiñendo las estructuras de la planta en rojo).

6.7. Comparación de efectos generados por la infección de *F. oxysporum* y sus filtrados fúngicos sobre *V. planifolia*

Los efectos fitotóxicos generados por la infección del hongo *F. oxysporum* y sus metabolitos en plantas de vainilla se evaluó a través del establecimiento de los tratamientos especificados en la Tabla 6 por medio de un sistema de inmersión temporal (Apartado 4.8.1).

Tabla 6. Diseño experimental para evaluar el daño producido por *Fusarium oxysporum* y sus filtrados de cultivo.

Patógeno	Organismo vegetal	Tratamiento	Clave	Especificación	Filtrado fúngico (%)
<i>F. oxysporum</i>	<i>V. planifolia</i> Jacks	Control	Ctrl	Control	-
		T1	TF	Hongo <i>in vivo</i>	-
		T2	FCF15	Filtrado fúngico	15
		T3	FCF30	Filtrado fúngico	30

De acuerdo con lo anterior mencionado, el control consistió en un medio basal MS (PhytoTech Labs, Lot. 14G0519109A) adicionado solo con sacarosa. En este

estudio, se implementaron tres tratamientos experimentales además del control. El tratamiento uno (T1) consistió en un medio MS inoculado con el hongo caracterizado, con una siembra realizada con todas las precauciones necesarias para evitar la posibilidad de escape o fuga de las condiciones controladas establecidas. Por otro lado, los tratamientos 2 y 3 (T2 y T3) se prepararon siguiendo las mismas premisas que el tratamiento control. No obstante, estos tratamientos fueron suplementados con filtrado fúngico al 30% y 15%, respectivamente.

6.7.1. Pruebas de infección

Explantos de *V. planifolia* con una altura de ± 2 cm ($n=10$) fueron cultivados en diferentes tratamientos (Tabla 6) empleando un sistema modular de inmersión temporal (SMIT). Los cultivos consistieron en medio líquido MS el cual fue preparado añadiendo 4.43 gramos por litro de agua destilada y suplementándolo únicamente con sacarosa (5 g/L); sin hacer uso de reguladores de crecimiento. Los sistemas fueron mantenidos en un cuarto de cultivo con un fotoperiodo de 16 horas luz/ 8 horas oscuridad, a una temperatura de 21 °C y con una frecuencia de inmersión de 2 minutos cada 4 horas. Esto último conforme a la metodología descrita por Ramos *et al.* (2014).

En este estudio, el período experimental abarcó 15 días y al concluir este lapso, se realizó la evaluación del daño fitotóxico ocasionado en las plantas (Apartado 4.9).

6.8. Evaluación del daño fitotóxico

En este apartado se especifican las metodologías empleadas para evaluar los daños generados en *V. planifolia* Jacks por el patógeno *F. oxysporum* y los filtrados fúngicos producidos.

6.8.1. Inhibición del crecimiento

Se realizaron las mediciones de la altura al inicio y al final de la prueba en plantas de *V. planifolia*. Con base al número de plantas expuestas ($n=10$), se evaluó la inhibición sobre el crecimiento generada por los tratamientos de acuerdo con el índice de crecimiento (Eq.2); registrando a su vez los síntomas visibles en los explantes tras dar por terminada la prueba.

$$(Eq. 2) \quad IC = \frac{Altura\ inicial}{Altura\ final}$$

6.8.2. Cuantificación de clorofila y carotenoides

La extracción de clorofila se realizó de acuerdo con los métodos de Arnon (1949) y AOAC (1990); con mínimas modificaciones. Para ello, se obtuvieron secciones de tallo y hoja (0.1 g) de los tratamientos experimentales. Luego de esto, en condiciones de obscuridad, se agregaron 10 mg de CaCO_3 (CAS 471-34-1, CTR, Lote: 01042659) a un mortero. La muestra fue triturada adicionando un total de 8 mL de acetona al 80% (v/v) (CAS 67-64-1, CTR Scientific, Lote: 81345) bajo condiciones frías (baño de hielo) para evitar su evaporación. En seguida la solución fue colocada en un tubo cónico (FALCON®) de 15 mL previamente etiquetado y cubierto con papel aluminio, agregando acetona hasta la obtención de un volumen final de 10 mL.

Se midió la absorbancia de cada solución mediante espectrofotometría UV-Visible (Espectrofotómetro UV/Vis, Thermo Scientific) a una longitud de onda de 646.6 y 663.6 nm; para esta fase se utilizó acetona al 80% (v/v) como muestra blanco. Realizado lo anterior, se calculó el contenido de clorofila total (C_T) así como la concentración de clorofila a (C_a) y b (C_b). Esto con base a las fórmulas planteadas en el protocolo de Porra (2002) (Eq. 3-5). Los resultados obtenidos fueron expresados en miligramos por gramo de peso fresco (mg/gpf) justo como se describe a continuación:

$$(Eq. 3) \quad C_T \left(\frac{mg}{gpf} \right) = \frac{(17.76 \times A_{646.6}) + (7.34 \times A_{663.6}) (V)}{(1000)(W)}$$

$$(Eq. 4) \quad C_a \left(\frac{mg}{gpf} \right) = \frac{(12.25 \times A_{663.6}) - (2.55 \times A_{646.6}) (V)}{(1000)(W)}$$

$$(Eq. 5) \quad C_b \left(\frac{mg}{gpf} \right) = \frac{(20.31 \times A_{646.6}) - (4.91 \times A_{663.6})(V)}{(1000)(W)}$$

Donde:

- V= Volumen final de la muestra
- W= Peso de muestra

Para la determinación del contenido de carotenoides (Car), se realizó una medición adicional de la solución a una longitud de 470 nm. Para estimar su concentración se utilizaron los coeficientes propuestos por Gao (2006) justo como se muestra en la ecuación 6 (Eq. 6), y posteriormente el resultado se convirtió a miligramos por gramo de peso fresco (Eq.7) (Zhou *et al.*, 2017).

$$(Eq. 6) \quad Car \left(\frac{mg}{L} \right) = \frac{(1000 \times A_{470}) - (3.27 \times Ca) - (104 \times Cb)}{229}$$

$$(Eq. 7) \quad Car \left(\frac{mg}{gpf} \right) = \frac{[Car \left(\frac{mg}{L} \right) \times V(mL)]}{W \times 1000}$$

Donde:

- V= Volumen final de la muestra
- W= Peso de muestra

6.8.4. Actividad de la catalasa y superóxido dismutasa

Con la finalidad de evaluar la actividad de la catalasa (CAT) y superóxido dismutasa (SOD), inicialmente y de forma individual, se pesaron 200 mg de tejido vegetal; obtenido a partir de cada tratamiento experimental.

Para realizar el análisis de CAT, la muestra fue pulverizada en un mortero mantenido bajo condiciones frías (baño de hielo), en el cual fueron añadidos 5 mL

de la solución de molienda 50 mM de $\text{KH}_2\text{PO}_4/\text{K}_2\text{HPO}_4$ (pH 7), suplementada con PVP ($10 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$), EDTA (0.2 mM) y Triton X-100 ($10 \text{ ml}\cdot\text{L}^{-1}$) en una proporción de 1:5 (w/v). Posteriormente, se colectó la muestra en tubos (Ependorf®) y seguido a esto las muestras fueron procesadas en una centrífuga refrigerada (HERMLE Z 216MK, Labortechnik GmbH) programada a 12 000 g por 20 minutos, a una temperatura de 4°C. Ya que las muestras fueron centrifugadas se refrigeraron hasta su uso. Una vez que las muestras fueron centrifugadas y se obtuvieron los extractos, estos fueron colocados en celdillas de plástico. Para su análisis se adicionaron 30 μL del sobrenadante del extracto en conjunto con 2 ml de la mezcla de reacción, la cual consistió en una solución de peróxido de hidrogeno (H_2O_2) 15 mM, adicionada con un buffer de KPO_4 50 mM (pH 7). Para esta etapa experimental se realizó una lectura a 240 nm durante 3 minutos (cada 60 segundos) empleando un espectrofotometría UV-Visible (GENESYS™ 10S, Thermo Scientific).

En relación con la actividad de SOD, se colocó la muestra vegetal en un mortero (en condiciones frías). En el mismo mortero se agregaron 5 mL de la solución de medio de molienda, compuesta por un buffer de K- fosfatos (100 mM) a pH de 7.8, EDTA (0.1 mM), Triton X-100 al 0.1% (v/v) y PVP al 2% de (w/v). Ya desintegrada la muestra, esta fue recolectada en tubos (Ependorf®) y seguido de esto las muestras fueron centrifugadas a 15 000 g por 20 minutos y una temperatura de 4°C. Inmediatamente de que se centrifugaron los extractos, se conservaron en refrigeración hasta que fueron empleados para su análisis. Para la reacción, dentro de tubos de ensayo se colocaron 50 μL del sobrenadante de los extractos centrifugados, 950 μL de agua desionizada y 2 mL de la mezcla de reacción (riboflavina al $1.3 \times 10^{-5} \text{ M}$, metionina al 13 mM, cloruro de nitroazul de tetrazolio o NBT 63 μM y Na_2CO_3 al 0.05 M) ajustada a pH de 10.2. Después de ser homogeneizadas las muestras, estas fueron colocadas en una bandeja o hielera (forrada con papel aluminio para permitir una mayor reflectancia de luz) y se transportaron a una cámara de germinación durante una hora a 25°C y bajo condiciones de luz proporcionadas por lámparas (17 Watts). Una vez transcurrido el tiempo de incubación, se realizó la lectura de las muestras a 560 nm mediante un espectrofotómetro UV-Visible (GENESYS™ 10S, Thermo Scientific).

Como todo método analítico, en la prueba se debe de tener un blanco y un control. El control, por una parte, estuvo conformado por 50 µL del sobrenadante del extracto, 950 µL de agua desionizada y 2 ml de la solución de mezcla de reacción. Para la preparación del blanco, por otra parte, se añadieron 950 µL de agua desionizada y 2 ml de la solución de mezcla de reacción (sin la adición de los 50 µL del sobrenadante del extracto centrifugado); mismo que no fue expuesto a la luz de la cámara de germinación durante el procedimiento. El cálculo de la concentración de cada enzima se realizó utilizando las fórmulas siguientes:

$$(Eq. 9) \quad CAT (\mu mol \cdot g^{-1}) = \left(\frac{A}{E \cdot x \cdot L} \right) \times FD$$

Donde:

- A= Absorbancia del extracto
- E= Coeficiente de extinción (39.4 mM⁻¹cm⁻¹)
- L = Longitud de onda
- FD= Factor de dilución (volmen final 2mL/ volumen de la muestra del extracto 0.03 mL)

$$(Eq. 10) \quad SOD (\mu mol \cdot g) = \left(\frac{T}{C} \right) \times FD$$

Donde:

- T= Absorbancia de las plantas expuestas
- C= Absorbancia de los controles
- FD= Factor de dilución (volumen final 3mL/ volumen de la muestra del extracto 0.05 mL)

6.8.5 Absorción de macro y micronutrientes

6.8.3. Absorción de nutrientes

Se evaluó la absorción de nutrientes *in vitro* por el hongo aislado para determinar su crecimiento y su capacidad de remoción del medio. Para esta experimentación se consideraron los macronutrientes Calcio (Ca^{2+}) y los micronutrientes Hierro, Manganeseo y Cobre (Fe^{2+} , Mn^{2+} y Cu^{2+}) que, de acuerdo con Kirkby (2023), forman parte de los 14 elementos esenciales requeridos en el ciclo de vida de las plantas. Todos los elementos empleados fueron obtenidos a partir de estándares de concentración certificada AccuStandar® (Ca, AA09N-1; Fe, AA27N-1; Cu, AA15N-1) y Ricca Chemical Company (Mn, AMN1KN-100).

Se preparó medio líquido PDB el cual fue suplementado con 20 mg/L de los nutrientes ya mencionados. Seguido de esto, a 100 mL del medio se le adicionó un cuadro de micelio del hongo caracterizado; obtenido a partir de una colonia de una semana de crecimiento en agar PDA. Los cultivos líquidos fueron mantenidos en agitación constante a 150 rpm dentro de un shaker (Labnet, Orbit 1900) a temperatura ambiente durante 15 días. Seguido de lo anterior, el micelio fue separado a través de un papel filtro y posteriormente se sometió a un proceso de secado en estufa a 40 °C por 48 horas.

Del material fúngico obtenido, se pesaron 100 mg, los cuales se colocaron en tubos cónicos (Ependorf ®) de 15 mL; a la muestra se adicionaron 7 mL de HNO_3 (CAS 7697-37-2, CTR Scientific, Lote: 81292) y 1 mL de HCl (CAS 7647-01-0, CTR Scientific, Lote:71973) y se procedió a realizar una digestión ácida en autoclave por 30 minutos a 121 °C. Una vez digeridas las muestras, estas se aforaron a un volumen de 15 mL con agua desionizada y finalmente se cuantificó el contenido total de cada elemento por Espectrofotometría de Absorción Atómica (EAA). El procedimiento anterior fue realizando bajo las mismas especificaciones experimentales, pero esta vez en una muestra del medio PDB filtrado (500 μL) de cada tratamiento.

6.8.4. Cuantificación de elementos

Las muestras digeridas se analizaron mediante Espectrofotometría de Absorción Atómica (EAA) (ICE™ 3000/Flama) utilizando el método de flama aire-acetileno. Para ello, se realizó una curva de calibración de cinco puntos, empleando una solución stock grado absorción atómica certificada de 1000 mg/L. El equipo de EAA se calibró y se tomó como ajuste aceptable para validar la calibración un valor de $R^2 \geq 0.995$ y un porcentaje de recuperación igual o mayor del 90%. Como control analítico se leyó un estándar certificado de cada metal y blanco de análisis de HNO₃ al 30%.

6.9. Actividad antagonica *in vitro* de *Trichoderma harzianum* (PROCIGO) frente a *Fusarium oxysporum*

La actividad antagonica fue evaluada mediante el ensayo de cultivo dual (Yassin *et al.*, 2021). Para ello, una cepa de *Trichoderma harzianum* (PROCIGO) aislada por Citrofrut Agrícola; fue empleada para evaluar su efecto potencial *in vitro* frente a un aislado de *F. oxysporum* patógeno que se obtuvo a partir de *V. planifolia* Jacks. ex Andrews.

Para cumplir con lo anterior, algunos discos del aislado antagonista (*T. harzianum*) y el patógeno (*F. oxysporum*) de ± 0.3 cm de diámetro, fueron tomados a partir de un cultivo de 3 días de crecimiento. Los discos fueron depositados en cajas Petri (60 x 15 mm) adicionadas con medio PDA y como grupos control se emplearon discos de cada aislado, los cuales fueron inoculados en cajas Petri separadas. Tras realizar lo anterior, los medios fueron incubados a 27 ± 1 °C, por un lapso de tres días. Tras este tiempo, se calculó el área de crecimiento de las colonias fúngicas y se determinó el porcentaje de inhibición con base a la siguiente fórmula (Ambata *et al.*, 2023):

$$(Eq. 11) \quad I (\%) = \frac{G_0 - G_T}{G_0} \times 100$$

Donde:

- I = Inhibición
- G_o = Crecimiento (cm^2) en tratamiento control
- G_T = Crecimiento (cm^2) en tratamiento de confrontación

De manera adicional se evaluó el efecto de sustancias volátiles derivadas de *T. harzianum* sobre la inhibición del crecimiento de *F. oxysporum* como método de antagonismo indirecto. Para ello, se inocularon discos con micelio de *T. harzianum* tomados a partir de un precultivo de 2 días de crecimiento en el centro de una placa de PDA. La tapa de la placa de Petri se reemplazó por una placa inoculada en el centro con *F. oxysporum*. El sistema de dos placas posteriormente fue sellado y se incubó a 27 ± 1 °C durante 3 días. Como tratamiento control, el antagonista fue reemplazado por un disco de agar y en la segunda placa, se inoculó *F. oxysporum*.

Para estimar la inhibición del patógeno por antagonismo indirecto se empleó la fórmula anteriormente descrita (Eq.11). Tanto el ensayo de confrontación directo como indirecto fueron realizados por triplicado.

6.10. Análisis estadístico

Los datos fueron procesados y graficados por medio del programa GraPhad Prism 8. Para este punto, se realizó un análisis de varianza (ANOVA) de una vía para el análisis de los experimentos de interacción de *F. oxysporum* con *V. planifolia* seguido de una prueba Post hoc de Tukey.

En los experimentos de resistencia de *F. oxysporum* a fungicidas se empleó un ANOVA de dos vías y para la determinación de la pérdida de agua se llevó a cabo una prueba T. Cada experimento llevado a cabo fue realizado por triplicado, empleando la desviación estándar para graficar.

7. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el capítulo se presentan los resultados sobre los efectos producidos por *Fusarium oxysporum* en *Vanilla planifolia* Jacks. En la discusión de los mismos, se explorará en detalle los síntomas de daño observados en las plantas de vainilla, así como las posibles implicaciones de estos resultados para la salud de las plantas.

7.1. Aislamiento e identificación molecular

Una vez obtenidas las plántulas con signos de pudrición de tallo y raíz, conocida también como marchitez vascular (Fig. 10), se tomaron secciones que fueron cultivadas en medio PDA. A partir de dicho cultivo se obtuvieron dos colonias fúngicas con una velocidad de crecimiento similar entre sí y sin aparente inhibición una sobre otra, las cuales fueron aisladas hasta obtener cultivo puro (o (Fig. 11). La primera colonia (Fig.11-A), presentó un micelio de aspecto filamentoso y de rápido crecimiento, color blanco con pigmentación rosa-violeta. El segundo aislado, por otra parte, presentó un micelio algodonoso de color negro y con hifas aéreas grisáceas (Fig. 11-B).



Figura 10. Plantas de *Vanilla planifolia* con signos de pudrición de tallo y raíz obtenidas en Axtla de Terrazas, S.L.P.

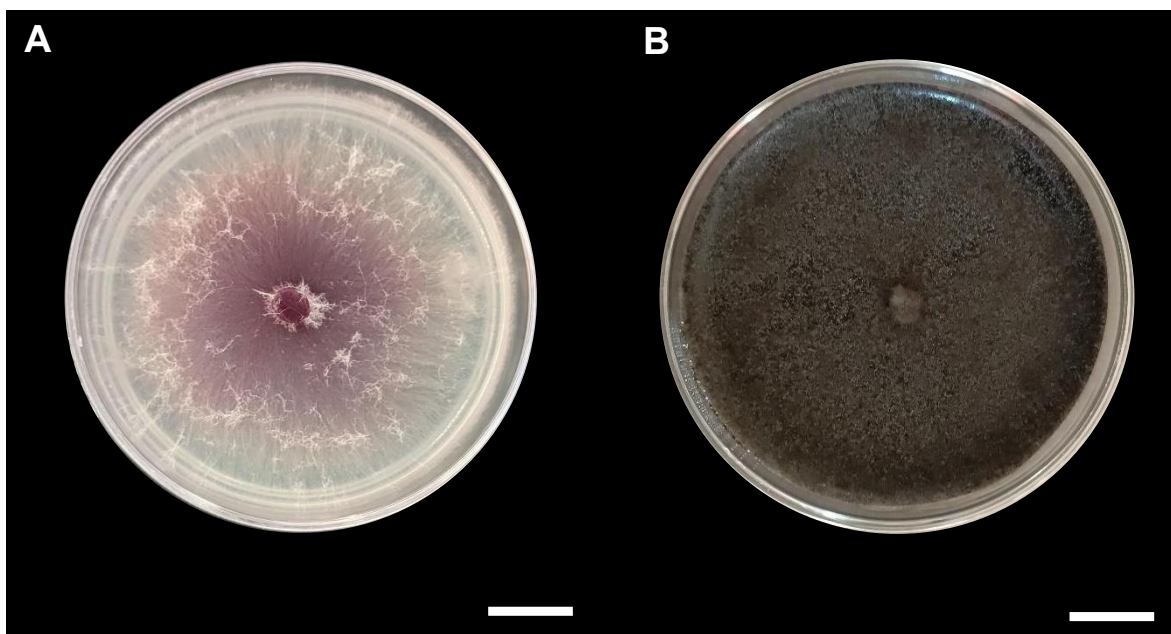


Figura 11. Colonias aisladas a partir de plantas de vainilla con síntomas de marchitez vascular.

A) Aislado con características morfológicas reportadas para especies de *Fusarium* spp; **B)** aislado fúngico con pigmentación oscura o melanizado. (Barra de escala=1 cm).

De acuerdo con las características morfológicas pertenecientes a diferentes especies del género *Fusarium* descritas por Kee *et al.* (2020); se optó por resembrar, y estudiar únicamente la colonia fúngica blanca, a la cual se le realizó una observación microscópica a 100x.

A nivel microscópico, el aislado estudiado, tal como se muestra en la Figura 12, reveló la presencia de macroconidios y microconidios septados en forma semicurvada (media luna), elipsoidal y fusiforme (Fig. 12-A). Así mismo, fueron observados conidios germinados, clamidosporas y fiálides dentro de sus estructuras (Fig. 12-B-D). Tras obtener la secuencia genómica del hongo (Apéndice B), este fue identificado como *Fusarium oxysporum* (Número de acceso GenBank: PQ482411) con un porcentaje de identidad del 99.81% (E value= 0.0; Query Cover= 98%). Esto, mediante un análisis en la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI). De acuerdo con los reportes mencionados en los antecedentes y descritos por Hernández *et al.* (2020); el aislado caracterizado dentro de la

presente investigación, e identificado como *F. oxysporum*, es el primero en ser reportado y estudiado en el municipio de Axtla de Terrazas y el cuarto reportado para la Zona Huasteca, S.L.P.

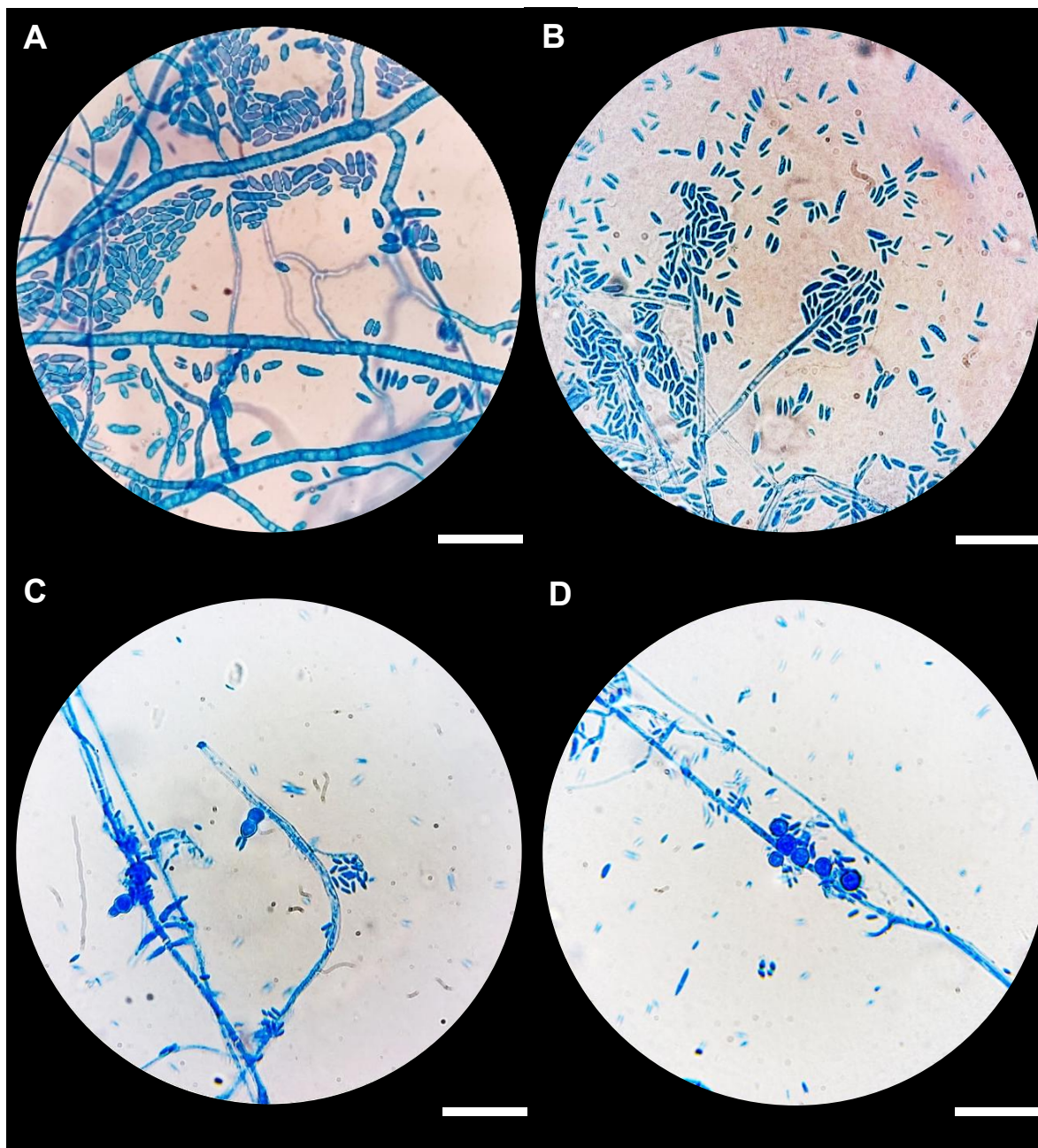


Figura 12. Estructuras reproductivas de *Fusarium oxysporum* observadas al microscopio.

A) Micelio, macro y microconidios; **B)** Microconidios y fálides con conidios agrupados; **C)** Monofialides y clamidosporas; **D)** Clamidosporas. Las figuras representan micrografías observadas a 100x mediante microscopía óptica (Barra de escala= 30 μ m).

7.2. Inhibición del crecimiento micelial por fungicidas

La protección mejorada de las plantas es uno de los principales enfoques para aumentar la producción de alimentos y el suministro agrícola (Villa *et al.*, 2017). En las prácticas de horticultura, la combinación de fungicidas sintéticos, injertos y técnicas de manejo cultural; controla de manera diversa a *F. oxysporum*, pero también puede provocar la aparición de cepas virulentas resistentes a los fungicidas tradicionales (Akaram *et al.* 2018). En la presente investigación, el hongo caracterizado como *F. oxysporum* fue sometido a concentraciones de fungicidas reportadas como efectivas dentro de la literatura contra *Fusarium* spp.; de los cuales no se observó efecto de inhibición hacia tres de ellos.

Los resultados indicaron que, a 24 horas, el tratamiento control, con un crecimiento promedio de 0.96 ± 0.05 cm, mostró la mayor longitud de la colonia en comparación con los tratamientos adicionados con fungicidas. Para este caso, se observó un crecimiento de 0.76 ± 0.05 cm para los tratamientos de Manzate® (300 ppm) y PROUD 3® (100 ppm); mientras que para el medio adicionado con 500 ppm de Captan, se presentó un crecimiento de 0.43 ± 0.05 cm. Para los tratamientos suplementados con PROCURE® (0.3 ppm), Derosal (100 ppm), Tiabendazol (5 ppm), Switch® (100 ppm) y Cabrio® C (5 ppm) no mostraron indicios de propagación colonial en el medio (Fig. 13-A). Después de 48 horas, el crecimiento de *F. oxysporum* en PROUD 3® fue de 2.56 ± 0.05 cm, desarrollo que no mostró ser tan diferente al control (2.43 ± 0.05 cm). En contraste, el crecimiento observado en Manzate® y Captan fue de 1.86 ± 0.05 cm y 1.3 ± 0.47 cm de forma respectiva. Durante este periodo, también se observó un crecimiento de 0.33 ± 0.32 , 0.06 ± 0.05 y 0.23 ± 0.05 cm en los fungicidas Cabrio® C, Tiabendazole y Switch®, respectivamente (Fig. 13-B). Transcurridas 72 horas, el control mostró un crecimiento de 3.41 ± 0.14 cm, mientras que en PROUD 3® fue de 3.30 ± 0.70 cm. Estos resultados, junto con el crecimiento fúngico en Manzate® (2.90 ± 0.10 cm), no mostraron ser diferentes entre sí. Del resto de tratamientos, el medio adicionado con Captan fue el que permitió un mayor desarrollo de la colonia de *F. oxysporum*, con un crecimiento de 2.90 ± 0.10 cm; esto en comparación con los tratamientos

suplementados con Cabrio® C (1.17 ± 0.38 cm), Tiabendazol (0.06 ± 0.05 cm) y Switch® (0.51 ± 0.02 cm). A 96 horas, en los tratamientos adicionados con Manzate® y PROUD 3®, el hongo se desarrolló a una longitud de 4.03 ± 0.60 y 4.00 ± 0.60 cm en el orden dado; crecimiento que presentó similitud con el control (4.66 ± 0.05 cm). Ninguno de estos tratamientos, en vinculación con el crecimiento de *F. oxysporum* en el medio adicionado con Captan (3.40 ± 0.10 cm); mostraron tener una inhibición significativa sobre dicho hongo. Para los fungicidas Cabrio® C, Tiabendazole y Switch®, el crecimiento de *F. oxysporum* no supero los 1.2 cm de crecimiento ya que para estos se registró una longitud de 1.18 ± 0.36 , 0.06 ± 0.05 y 0.75 ± 0.13 cm correlativamente (Fig. 13-D).

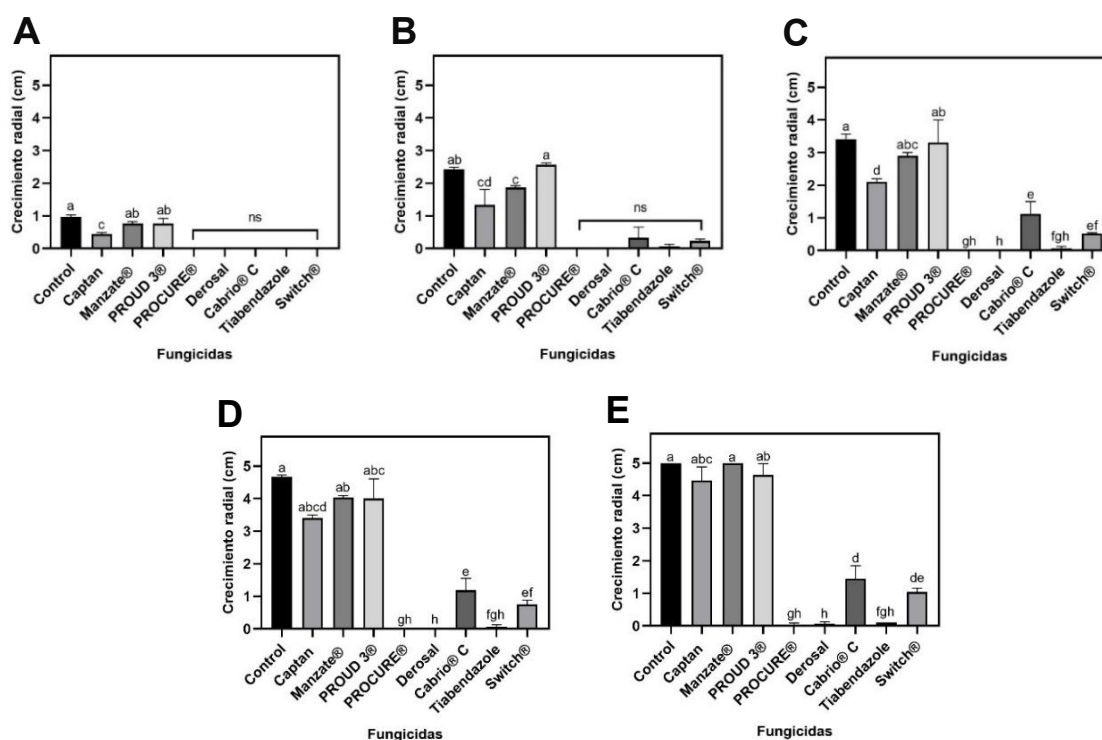


Figura 13. Prueba de resistencia a fungicidas por *Fusarium oxysporum*.

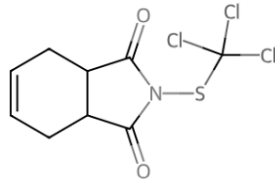
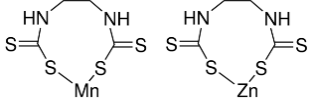
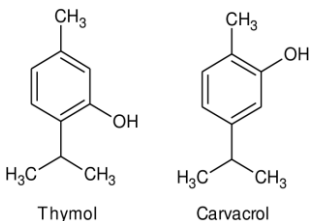
A) Crecimiento a 24 horas; **B)** Crecimiento a 48 horas; **C)** Crecimiento a 72 horas; **D)** Crecimiento a 96 horas; **E)** Crecimiento a 120 horas; los datos representan las medias $\pm$ SD (n=3); letras distintas indican una diferencia significativa (P<0.0001).

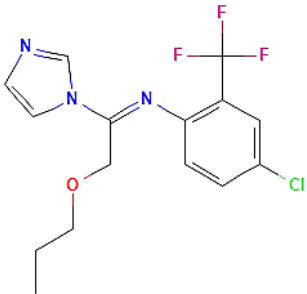
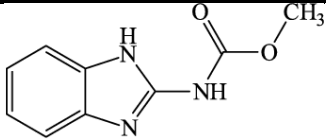
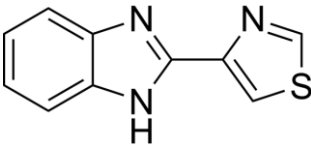
Como se puede observar en la Figura 13, después de 5 días (120 h), se determinó que el fungicida Manzate® a 300 ppm no mostró ningún tipo de inhibición sobre el

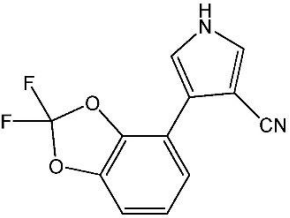
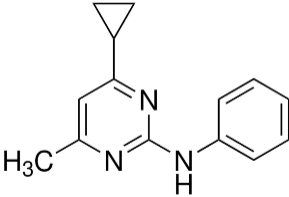
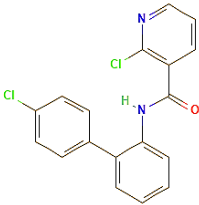
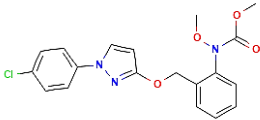
aislado. En cuanto a los tratamientos suplementados con PROUD 3® (100 ppm) y Captan (500 ppm), se observó un crecimiento de 4.63 ± 0.35 cm y 4.46 ± 0.41 cm, respectivamente; produciendo una inhibición del $7.33 \pm 7.02\%$ y $10.67 \pm 8.32\%$ tal cual ese orden. Lo que sugiere que estos tres fungicidas, podrían considerarse ineficaces para tratar una infección de *F. oxysporum* en *V. planifolia* a dichas concentraciones. Siguiendo con los resultados, *F. oxysporum* mostró un crecimiento de 1.45 ± 0.39 cm en un medio con 5 ppm de Cabrio® C, lo que correspondió a una inhibición colonial del $71 \pm 7.93\%$. En el caso del fungicida Switch® a 100 ppm, el hongo presentó un crecimiento de 1.03 ± 0.12 cm, lo que resultó en una inhibición del aislado de $79.33 \pm 2.51\%$. De todos los tratamientos evaluados, los fungicidas más efectivos fueron: PROCURE® (0.3 ppm), que redujo el crecimiento de *F. oxysporum* a 0.03 ± 0.05 cm, con una inhibición del hongo de $99.33 \pm 1.15\%$; Derosal (100 ppm), que generó un crecimiento colonial de 0.06 ± 0.05 cm, inhibiendo al hongo en $98.67 \pm 1.15\%$; y Tiabendazole (5 ppm), que produjo un crecimiento de 0.10 ± 0.00 cm, con una inhibición del hongo de 98 ± 0.00 respecto al control. De acuerdo con estos resultados, el gradiente de efectividad sobre la inhibición de *F. oxysporum* es el siguiente: PROCURE® > Derosal > Tiabendazol > Switch® > Cabrio® C > Captan > PROUD 3® > Manzate®.

De acuerdo con lo anterior, el aislado de *F. oxysporum* mostró mayor susceptibilidad a los fungicidas sistémicos, que tienen la capacidad de penetrar más profundamente en las plantas objetivo mediante absorción y translocación (Ayesha *et al.*, 2021); con un rango de inhibición del $98.67 \pm 1.15\%$ al $71 \pm 7.93\%$. En comparación con los fungicidas no sistémicos, que permanecen en la superficie de la planta sin penetrar sus tejidos (Tsalidis, 2022); los cuales exhibieron una tasa de inhibición de entre $0 \pm 0.00\%$ y 10.67 ± 8.32 en este estudio. De acuerdo con la Tabla 7, el aislado de *F. oxysporum* mostró una mayor susceptibilidad a la inhibición de las α/β tubulinas, lo cual evita la división de la célula fúngica. Aunque también pareció ser propenso a disminuir su crecimiento por interferencia en la síntesis del ergosterol; compuesto que juega un rol importante en la integridad de la membrana y la regulación y control del ciclo celular (Jamzivar *et al.* 2019; Nowak *et al.* 2022). Efectos que son generados por los fungicidas PROCURE®, Derosal y Tiabendazole.

Tabla 7. Tabla general de fungicidas y sus mecanismos de acción.

Fungicida	Compuesto activo	Tipo de fungicida	Estructura química	Mecanismo de acción	Referencia
Captan	N-tricloro-4-ciclohexeno-1,2-dicarboximida)	No sistémico		El mecanismo de acción de este fungicida radica en la inhibición de la succinato deshidrogenasa (SDHI); estos compuestos pueden unirse al sitio de unión de la ubiquinona en el Complejo II de la cadena de transporte electrónico mitocondrial a través de interacciones hidrofóbicas entre el anillo aromático del fungicida y un residuo de prolina y dos residuos de triptófano del Complejo II. Por otra parte, se produce un enlace de hidrógeno entre el grupo carbonilo del fungicida y un residuo de tirosina del Complejo II. Estas interacciones interrumpen el transporte electrónico del cluster [3Fe–4S] a la ubiquinona en el Complejo II, afectando la respiración celular	Leroux <i>et al.</i> (2010) Zhao <i>et al.</i> (2022a)
Manzate	Mancozeb	No Sistémico		Tiene un modo de acción multisitio, por lo tanto, es de amplio espectro y protector, actúa formando compuestos que se unen con los grupos sulfhidrilo de los aminoácidos y provoca la desnaturalización de proteínas y enzimas, y, en consecuencia, suprime el crecimiento de patógenos	FRAC (2018)
PROUD 3®	Aceite de tomillo	No sistémico	 Thymol Carvacrol	El aceite de tomillo y su principal compuesto químico, el timol, exhiben un amplio espectro de actividad antifúngica al penetrar la membrana externa de la célula fúngica y alternar la permeabilidad de la membrana citoplasmática; aunque también es probable que el mecanismo antifúngico del timol se base en el efecto sobre el metabolismo de los ácidos grasos, incluido el ergosterol en la célula fúngica.	Marchese <i>et al.</i> , (2016) Kowalczyk <i>et al.</i> , (2020)

PROCURE®	Triflumizole	Sistémico		El triflumizole es un fungicida que bloquea la enzima C-14 alfa-desmetilasa dependiente del citocromo P450, que es necesaria para convertir el lanosterol en ergosterol; el principal esteroide de membrana de los hongos	Xi <i>et al.</i> (2019) Oldfield (2020)
Derosal	Carbendazim	Sistémico		El carbendazim inhibe $\alpha 1$-/$\beta 2$-tubulinas y $\alpha 2$-/$\beta 2$-tubulinas; por medio de este mecanismo la célula fúngica evita su división lo que detiene su crecimiento y proliferación	Vela <i>et al.</i> (2018)
Tiabendazole	Tiabendazol	Sistémico		Inhibe la polimerización de $\alpha 1$-/$\beta 2$-tubulinas y $\alpha 2$-/$\beta 2$-tubulinas; lo que interrumpe el crecimiento del hongo	Zhou <i>et al.</i> (2016)

Switch ®	Fludioxonil	No Sistémico		Estudios han reportado que este fungicida interfiere con la triosa fosfato isomerasa (TPI) causando la liberación de metilglioxal (MG); el MG activa la histidina quinasa híbrida (HHK) del grupo III y, por tanto, la vía del glicerol de alta osmolaridad (HOG) que hace que las hifas se hinchen y estallen	Corran <i>et al.</i> (2008) Brandhorst <i>et al.</i> (2019)
	Ciprodinil	Sistémico		Implica la inhibición de la síntesis de esteroides fúngicos a través de la inhibición de la conversión de lanosterol en ergosterol por la 14a-desmetilasa dependiente del citocromo P-450. La inhibición de la síntesis de ergosterol a su vez altera la función de la membrana celular fúngica	Cao <i>et al.</i> (2022)
Cabrio ® C	Boscalid	Sistémico		Se encuentra dentro del grupo de inhibidores de succinato deshidrogenasa (SDHI); estos atacan e inhiben las proteínas succinato deshidrogenasa (complejo II) responsables de la respiración celular y la producción de energía en los hongos.	Masiello <i>et al.</i> (2019)
	Piraclostrobina	Sistémico		Pertenece al grupo de inhibidores externos de quinona, inhibe la respiración mitocondrial al bloquear el transporte de electrones entre el citocromo <i>b</i> y el citocromo <i>c1</i>	Uppala & Zhou (2018)

Si bien el Ciprodinil, compuesto activo presente en el fungicida Switch[®], también inhibe la síntesis de ergosterol, el efecto no fue el mismo comparado con PROCURE[®]. En relación con lo anterior y según diversas investigaciones presentes en la literatura, la inhibición de *F. oxysporum* por la aplicación de fungicidas, independientemente de su mecanismo de acción, puede verse afectada por factores como la resistencia a estos compuestos. Al respecto, Lee *et al.* (2023) señalan que los hongos patógenos desarrollan mecanismos que les permiten bloquear los sitios de acción de los fungicidas, aumentar la expresión de bombas de eflujo o experimentar cambios genéticos. Por lo que es probable que dicho factor influyera en la susceptibilidad hacia algunos fungicidas empleados dentro de este trabajo. Wang *et al.* (2022a), por ejemplo, encontró que en cepas mutantes de *F. oxysporum* f. sp. *Melonis*, los cambios en la secuencia y expresión del gen FoOs1 sugerían firmemente la resistencia observada al fludioxonil; segundo compuesto activo encontrado en el fungicida Switch[®]. En ese sentido, cabe la posibilidad de que el aislado fuera resistente al mismo, generando que la inhibición sobre el desarrollo observado fuera causada únicamente por efecto del Ciprodinil en el fungicida Switch[®].

Asimismo, además del factor genético, la efectividad del fungicida también puede estar relacionada por la concentración en la que se emplea o la especie vegetal de la que se es aislado *Fusarium* sp. Así, por ejemplo, Golakiya *et al.* (2018) demostró que un patógeno de *F. oxysporum* f. sp. *ciceri* obtenido a partir de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) fue inhibido bajo condiciones *in vitro* por una concentración de 2000, 2500 y 3000 ppm de Mancozeb (75%WP) en un 56.25, 62.50 y 65.63% respectivamente. En otra investigación, se obtuvo que concentraciones de 500, 1000, 1500 y 2000 ppm de Mancozeb inhibieron completamente el desarrollo de *F. oxysporum*, agente causal de la podredumbre basal de la cebolla, tras una semana de evaluación (Saravanakumari *et al.* 2019). Mientras que, Emara *et al.* (2021), cuyo estudio se utilizó como referencia metodológica en esta investigación, reportó una inhibición del 53% de *F. oxysporum* utilizando una concentración de 300 ppm de Mancozeb, y una inhibición completa del micelio a 1000 ppm tras 7 días de pureba. El mismo trabajo reveló que el Mancozeb puede degradarse bajo ciertas

condiciones de almacenamiento, ya que al someter el fungicida a una temperatura de 54 ± 2 °C durante 14 días, su capacidad para inhibir el hongo se redujo al 22% empleando una concentración de 300 ppm del fungicida, mientras que a 1000 ppm la inhibición del patógeno fue del 58%. Lo anterior sugiere que las condiciones de almacenamiento de los fungicidas también pueden desempeñar un papel crucial en su eficacia contra patógenos fúngicos. Si bien, en todos estos trabajos se logró obtener cierto porcentaje de inhibición sobre *F. oxysporum*., en la presente investigación el fungicida Manzate® a una concentración de 500 ppm no exhibió efecto alguno sobre el crecimiento del aislado.

En cuanto al aceite de tomillo, compuesto esencial presente en el fungicida PROUD 3®, previos estudios han obtenido una potente actividad antifúngica contra *F. oxysporum* f.sp. *conglutinans*; obteniéndose que 500 ppm de dicho compuesto en estado puro, produjeron una inhibición del 94.93% sobre el hongo, mientras que concentraciones a 125 y 62.5 ppm disminuyeron su crecimiento en 64.22 y 39.78% de forma respectiva (Helmer & Panek, 2024). En contraste, los resultados obtenidos con el fungicida comercial PROUD 3® (100 ppm) fueron menores en el presente trabajo al obtenerse una baja inhibición sobre el crecimiento del micelio ($7.33 \pm 7.02\%$). Esta diferencia puede atribuirse a la formulación del producto, el cual contiene alrededor de un 5.5% del componente, así como a puntos clave ya mencionados con anterioridad como la propia especie de *Fusarium*. Esto se sustenta nuevamente con base a la investigación de Krzyśko-Łupicka *et al* (2020) quienes mostraron que el aceite de tomillo fue muy poco efectivo contra *F. oxysporum*; no obstante *F. culmorum* y *F. graminearum* manifestaron sensibilidad hacia el compuesto. Asimismo, estudios previos como el realizado por Jamil & Ashraf (2020) han demostrado la eficacia del Captan contra *F. oxysporum* f. sp. *ciceri*; obteniéndose que 500 ppm del fungicida inhibieron completamente el desarrollo del hongo. Sin embargo, en la investigación actual, no se logró una inhibición significativa ($P < 0.0001$) en comparación con el control, ya que solo se registró una reducción del $10.67 \pm 8.32\%$ después de 5 días de prueba. Macías Sánchez *et al.*, (2023) por otro lado, obtuvo una tasa de inhibición igual a $80.37 \pm$

0.73% sobre el crecimiento de *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* empleando una concentración de 2500 mg/L de Captan tras una semana de ensayo.

En esta evaluación, los fungicidas PROCURE® (Triflumizole; 0.3 ppm), Derosal (Carbendazim; 100 ppm) y Tiabendazol (Tiabendazol; 5 ppm) produjeron una inhibición casi total del desarrollo del micelio de *Fusarium oxysporum* durante las 120 horas de experimentación. En particular, para el primer fungicida mencionado, se ha reportado que concentraciones de 100 y 1000 ppm previnieron el desarrollo *in vitro* de un aislado de *F. oxysporum* obtenido de paprica. Se observó incluso que concentraciones de 10 ppm demostraron eficacia en la inhibición del micelio; esto último con un registro de crecimiento de solo 0.8 cm (Cha *et al.*, 2007). De manera similar, Acosta-González *et al.* (2022) reportó que un aislado de *F. oxysporum* obtenido a partir de zarzamora presentó sensibilidad hacia el Triflumizole (86% de eficacia) y el Tiabendazol (93% de eficacia) bajo condiciones de invernadero; obteniendo los mismos resultados en la determinación del valor de la EC₅₀. No obstante, estos resultados se obtuvieron empleando 1.6 g·L⁻¹ para el caso del Tiabendazol y 1.6 g·L⁻¹ de Triflumizole; lo cual supera a las concentraciones adicionadas en el medio empleado en esta investigación. Para este último fungicida se ha encontrado también que ha producido total inhibición sobre el micelio de *Fusarium* sp. a concentraciones de 5 y 10 mg·L⁻¹ y del 33.3% a 1 mg·L⁻¹ (Ortiz *et al.*, 2022). En relación con el uso de Carbendazim, se ha encontrado que aislados patógenos y no patógenos de *F. oxysporum* obtenidos a partir de *V. planifolia*, al igual que en este estudio, mostraron susceptibilidad hacia este compuesto (González-Oviedo *et al.* 2022); investigaciones han comprobado que a una concentración de 1 g·L⁻¹, el compuesto ha provocado una inhibición total en el desarrollo del micelio de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Nayac *et al.*, 2019). Por su parte, Bashir *et al.* (2018) reportaron resultados favorables al emplear 700 ppm de Carbendazim para inhibir *Fusarium oxysporum* f. sp. *capsici*. Mientras que otros estudios han demostrado la efectividad del fungicida a concentraciones menores, logrando inhibiciones del 93.07%, 94.72% y 96.36% en *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* a dosis de 50, 100 y 200 ppm, respectivamente (Sinha *et al.*, 2019). El fungicida Switch® (Fludioxonil+Ciprodinil) por otra parte, ha exhibido

una total eficacia en la prevención de crecimiento de *Fusarium oxysporum* f.sp. *radicis-lycopersici* a una concentración de 250/375 µg/mL (Malandrakis *et al.*, 2018). Aunque también se han obtenido buenos efectos de inhibición empleando Ciprodinil de forma unitaria contra *F. oxysporum* y otras especies pertenecientes a este mismo género (Zhang *et al.*, 2024). Para los compuestos activos Boscalid + Pyraclostrobin; por otro lado, se ha determinado que, la Piraclostrobina, ha sido muy efectivo contra *F. acuminatum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. semitectum*, y *F. sporotrichioides* a concentraciones de 10 y 1 ppm (Orina *et al.*, 2020). En cuanto al Pyraclostrobin, empleando concentraciones de 500, 1000 y 1500 ppm, se ha registrado un porcentaje de inhibición promedio de 44.93% sobre el crecimiento de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Mientras que el Boscalid ha mostrado un máximo de 40% de formación de colonia en *F. oxysporum* f.sp. *cubense* Tropical Race 4 (FocTR4) (Cannon *et al.*, 2022).

7.3. Quimiotropia e interacción planta-patógeno

Los hongos filamentosos tienen la capacidad de percibir recursos beneficiosos y amenazas en su entorno, ajustando el crecimiento de sus hifas de acuerdo con estas señales (Vangalis *et al.*, 2023). El quimiotropismo asegura el acceso a nutrientes, el contacto con otros individuos y la interacción con los huéspedes en el caso de los organismos patógenos (Moreno-Ruiz *et al.*, 2020; Vangalis *et al.*, 2021).

En esta etapa de interacción se observó que *F. oxysporum* mostró un efecto quimiotrópico en presencia de *V. planifolia* Jacks. Como se exhibe en la Figura 14, el experimento reveló que el crecimiento del hongo patógeno fue superior desde la primera medición; la cual fue realizada a las 24 horas de iniciar el ensayo. Tiempo en el que se registró un crecimiento de 0.23 ± 0.05 cm sobre el micelio del tratamiento control, mientras que en presencia de brotes de vainilla se obtuvo un crecimiento de 0.4 ± 0.10 cm. Este mismo efecto se siguió observando tras 48 y 120 horas, donde se obtuvo un crecimiento de 0.93 ± 0.05 cm y 2.20 ± 0.17 cm respectivamente; en el micelio de *F. oxysporum* en presencia de vainilla. Mientras que en el tratamiento control se estimó un crecimiento de 0.70 ± 0.00 y 1.73 ± 0.15 cm tal cual al orden ya descrito. Adicionalmente, el experimento continuó durante

15 días más de prueba y tras realizar esto, se observó la muerte del $100 \pm 0.00\%$ de los brotes de *V. planifolia* (Fig.14-E).

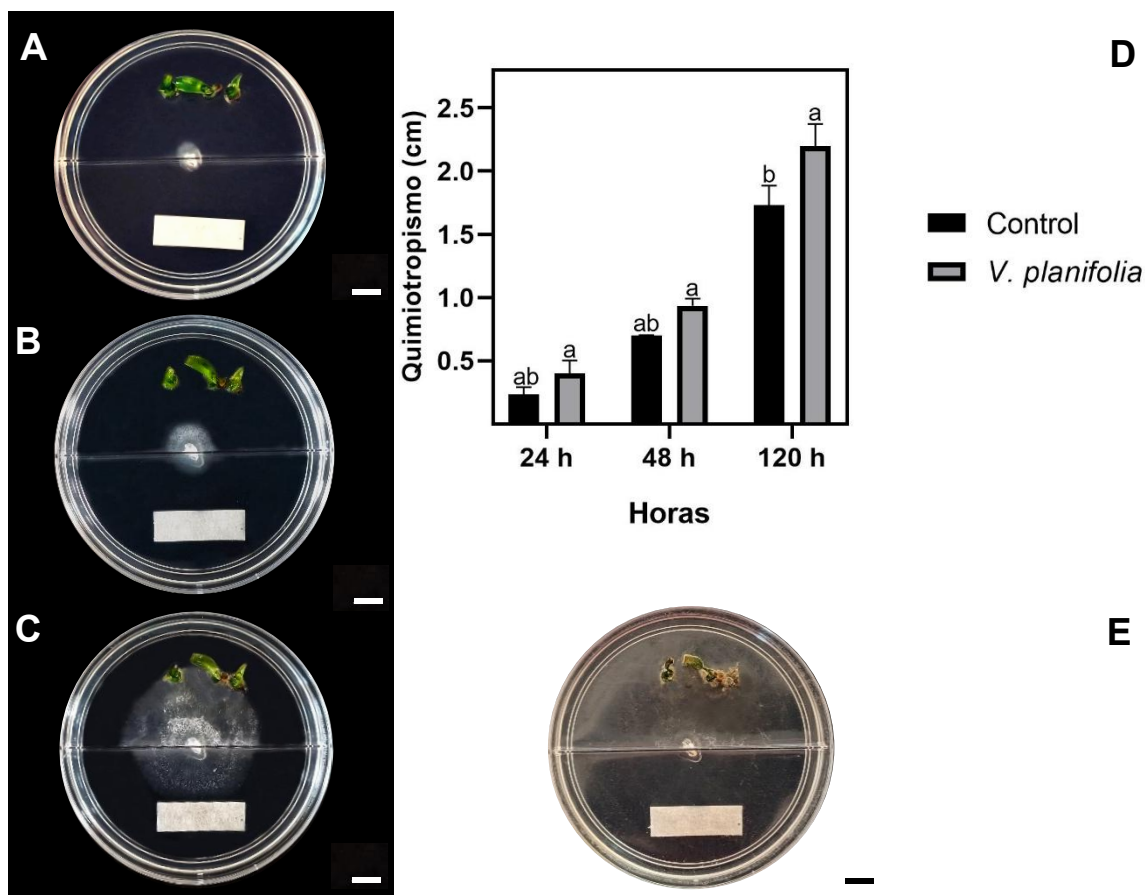


Figura 14. Prueba de resistencia a fungicidas por *Fusarium oxysporum*.

A) Quimiotropia (24h); **B)** Quimiotropia (48 h); **C)** Quimiotropia (120h); **D)** Medición del micelio de *F. oxysporum* en presencia y ausencia de *V. planifolia*; **E)** Invasión de *F. oxysporum* en el medio y muerte de *V. planifolia*. Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=3); letras distintas indican una diferencia significativa ($P < 0.001$). (Barra de escala= 1cm).

Conforme a los resultados obtenidos de este ensayo no solo se puede mencionar el efecto quimioatrayente que presentó *F. oxysporum* hacia las plantas de vainilla, sino también que este hongo solo requiere de humedad para su crecimiento justo como se observó en el control (Fig. 18 D); además de lo ya expuesto, este patógeno fúngico no necesita de un medio rico en nutrientes para dejar de ser dañino en la

colonización de plantas de vainilla; lo cual puede ser un indicio de la resistencia o adaptación de *F. oxysporum* ante el ambiente, haciendo que su erradicación del medio sea particularmente difícil. De esta última observación, se ha mencionado que *F. oxysporum* puede mantenerse vivo en ausencia de un hospedero (Nelson, 1981) y que especies dentro de este diverso complejo fúngico pueden persistir durante meses dentro del agua (Ullah *et al.*, 2021) o incluso años en los suelos (Rafiq *et al.*, 2020; Paugh & Gordon, 2021) ya sea como clamidosporas o creciendo de forma saprófita en compuestos orgánicos hasta que comienza un nuevo ciclo de infección (Agrios, 2005).

En cuanto al efecto quimiotrópico, dentro de la literatura se ha evaluado este atributo en *Fusarium* spp. sobre diversos cultivos de interés agronómico. En un estudio realizado por Turrà *et al.* (2015), por ejemplo, se obtuvo que el crecimiento dirigido del patógeno *F. oxysporum* hacia el tomate (*Solanum lycopersicum*) puede deberse a la secreción de peroxidasas en la zona radicular de la planta. En adición, en este experimento se probaron también otros agentes que pudieran representar un estímulo químico en el crecimiento del hongo, observándose una quimioatracción hacia la glucosa, la celulosa y la pectina. Dicho efecto también fue observado en otros compuestos como la metionina, el glutamato y en menor medida en sales de sulfato de amonio en un estudio realizado por Sridhar *et al.* (2020) empleando *F. graminearum*. En adición a lo mencionado, se han encontrado diversos receptores involucrados en el efecto quimiotrópico; para este caso, los gradientes químicos son detectados por receptores celulares y activan cascadas de señalización, lo que provoca que el crecimiento de las hifas se reoriente hacia el estímulo quimioatrayente. En cuanto a esto último, cada receptor presenta funciones que pueden llegar a ser conjuntas, ya sea en la detección de feromonas o señales provenientes de plantas (Fig. 15) (Turrà *et al.*, 2016; Ramaswe *et al.*, 2024). Tras ser detectadas estas señales, la colonización de la planta es inminente; lo que permite al hongo propagarse y hacer contacto con el hospedero vegetal. De lo anterior, estudios han identificado complejos proteicos como Ste2 (Sridhar *et al.*, 2024; Sharma *et al.*, 2024; Turrà *et al.*, 2015), Ste3 (Sharma, 2023), Rho2 (Liu *et al.*, 2023a), el complejo STRIPAK (Chen *et al.*, 2023), la fosfatasa Ptc6 (Nunez *et*

al., 2020), MAPK Fmk1, Mpk1, Hog1 (Segorbe *et al.*, 2017) así como NoxA y NoxB (Wang *et al.*, 2014; Nordzieke *et al.*, 2019) y se ha demostrado tanto su papel en la detección de compuestos quimioatrayentes como su importancia en la virulencia de *Fusarium spp.*

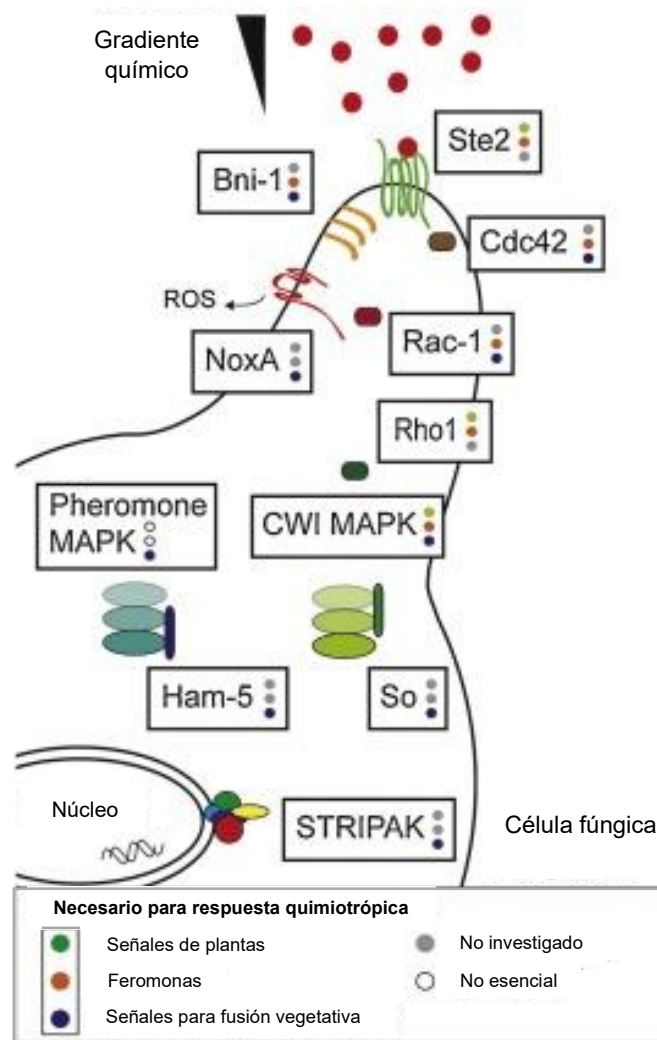


Figura 15. Componentes que modulan el quimiotropismo en hongos (Turrà *et al.*, 2016).

Diagrama que ilustra los componentes celulares esenciales involucrados en la detección quimiotrópica de nutrientes, feromonas peptídicas o compuestos vegetales. Los complejos proteicos están en mayúsculas, y los puntos de colores representan el papel de cada componente en la detección quimiotrópica de compuestos vegetales, feromonas sexuales o señales para la fusión de hifas vegetativas.

No obstante, a pesar de lo señalado, es posible que este estímulo se vea alterado cuando una planta experimenta estrés; tal como se evidencia en el estudio realizado por Lombardi *et al.* (2018), cuyos resultados estimaron un menor quimiotropismo en *F. oxysporum* para infectar plantas de *S. lycopersicum* cuando estas fueron estresadas abióticamente de forma previa al ensayo. Lo que podría indicar cierta preferencia de infección a plantas sanas en lugar de plantas ya enfermas o estresadas. Dicha observación, pudo ser a consecuencia de las propias defensas naturales de la planta de vainilla; inhibiendo, de esta manera, parcialmente el quimiotropismo e infección del patógeno, ya que trabajos como el de Lamichhane *et al.* (2024) indican que las plantas, en general, pueden modificar sus exudados radiculares para hacer frente a factores de estrés. Como muestra de lo anterior, Hernández-Aparicio *et al.* (2021) y Zhu *et al.* (2022a), por ejemplificar, encontraron principalmente un aumento en la concentración de ácido salicílico (SA) en plantas, tras la infección de *F. oxysporum*.

De lo anterior, se ha determinado que el SA inhibe la virulencia y promueve la disminución del crecimiento de *F. oxysporum* tanto en la formación de micelio como de esporas; por la inhibición de la vía de señalización del complejo 1 de la diana de rapamicina (FoTORC1) activando FoSNF1 (FoAMPK α) y luego fosforilando FoRAPTOR; lo que controla la virulencia y el crecimiento del patógeno (Li *et al.*, 2022a). Para comprender mejor lo explicado, la diana de la rapamicina (TOR) es una proteína quinasa Ser/Thr altamente conservada en eucariotas. Esta vía de señalización de TOR desempeña un papel fundamental en la regulación del crecimiento, el metabolismo y la proliferación celular, adaptándose a condiciones de nutrientes, energía y estrés (González & Hall, 2017; Yuan *et al.*, 2013). En ese sentido, el hecho de obstaculizar la actividad de la proteína TOR provoca la detención irreversible de la fase G1 del ciclo celular (Biswas *et al.*, 2023) lo que incita, en consecuencia, el efecto ya descrito en el hongo.

Esto es una muestra de que las defensas naturales de las plantas constituyen un mecanismo efectivo para enfrentar la enfermedad en sus fases iniciales; sin embargo, esta resistencia no resulta eficaz cuando un hongo como *F. oxysporum*

infecta especies vegetales como *V. planifolia* ya que, de acuerdo con de Oliveira *et al.* (2024), esta presenta una baja variabilidad genética. Respecto a ello, este factor limita la capacidad de plantas para adaptarse a los cambios ambientales y otros desafíos debido a la escasez de alelos adaptativos (Jordan *et al.*, 2019) impidiendo el flujo genético entre poblaciones provocando que, poblaciones pequeñas y aisladas, acumulen alelos deletéreos a través de la endogamia, lo que resulta por consecuencia en una reducción de la aptitud individual y media de la población (Bertorelle *et al.*, 2022). Este aumento de la carga genética reduce la aptitud de la población, manifestándose en problemas como menores tasas de crecimiento debido a la disminución de la resistencia a las infecciones fúngicas, la mala adaptación a entornos dañinos y la reducción de la viabilidad de las semillas (Hedrick & García-Dorado, 2016; Ma *et al.*, 2022). Problemas que son característicos de *V. planifolia* debido a la extensa propagación vegetativa del germoplasma (Lubinsky *et al.*, 2008).

De esta forma, se puede deducir que, de acuerdo con los problemas ya mencionados, la susceptibilidad y la fácil infección de hongos como *F. oxysporum* en *V. planifolia* Jacks es completamente probable. Dicha interacción planta-patógeno es posible observar con más detalle en la Figura 16, en la cual se muestran cortes longitudinales de raíces de vitroplantas de vainilla observadas a 2, 3 y 6 días postinoculación (dpi) mediante microscopía confocal. Tras 2 y 3 días la invasión de la raíz mostró ser visualmente similar entre sí, no obstante, la colonización e invasión del hongo aumentó notablemente de manera intracelular en el tejido vegetal tras 6 dpi (Fig. 16). A estos lapsos, además, se demostró que *F. oxysporum* no requiere de heridas para internalizar dentro del tejido radicular ya que previo al ensayo de infección no se realizaron incisiones sobre los explantes; lo cual exhibe su capacidad de penetración sobre tejidos sanos. Dentro de estos tres tiempos de experimentación, se logró observar asimismo estructuras fúngicas como conidios, clamidosporas y conidios germinados; al igual que la penetración celular de hifas invasivas en zonas como la región de rápido crecimiento celular; la propagación de hifas a células adyacentes dentro de la raíz y la invasión y esporulación intracelular de *F. oxysporum* en *V. planifolia* (Fig. 17)

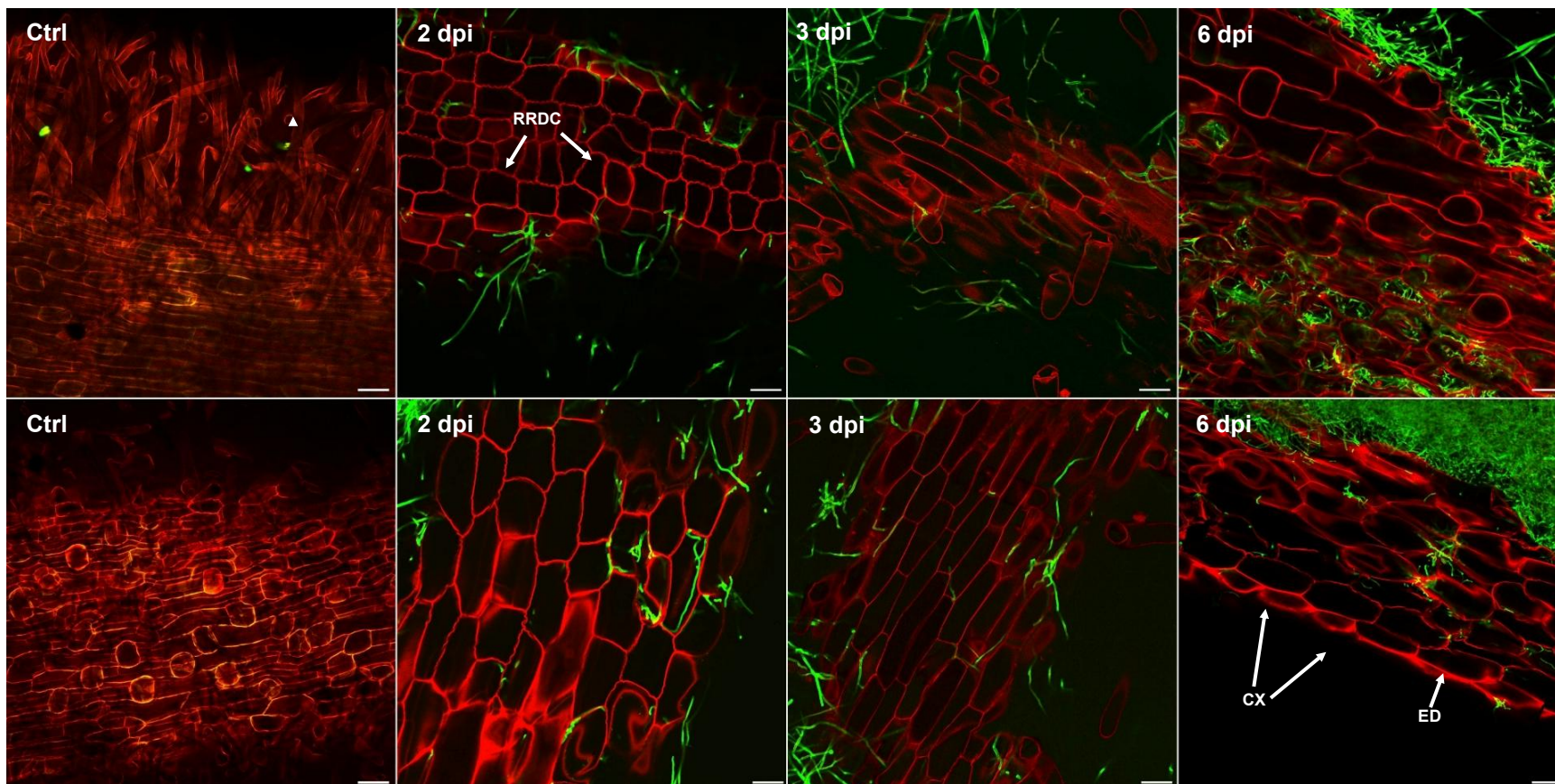


Figura 16. Infección y colonización de *Fusarium oxysporum* en raíces de *Vanilla planifolia*.

Cortes longitudinales de raíces de *V. planifolia* infectadas a 2, 3 y 6 días postinoculación (dpi) con *F. oxysporum*. El tejido vegetal de la raíz es mostrado en color rojo por acción del yoduro de propidio; la invasión por el patógeno *F. oxysporum* se encuentra indicada en color verde por la tinción del WGA-Alexa Fluor 488. (Barra de escala= 100 μ m). **CX**= CórTEX, **ED**= Epidermis, **RRDC**= Región de rápido desarrollo celular.

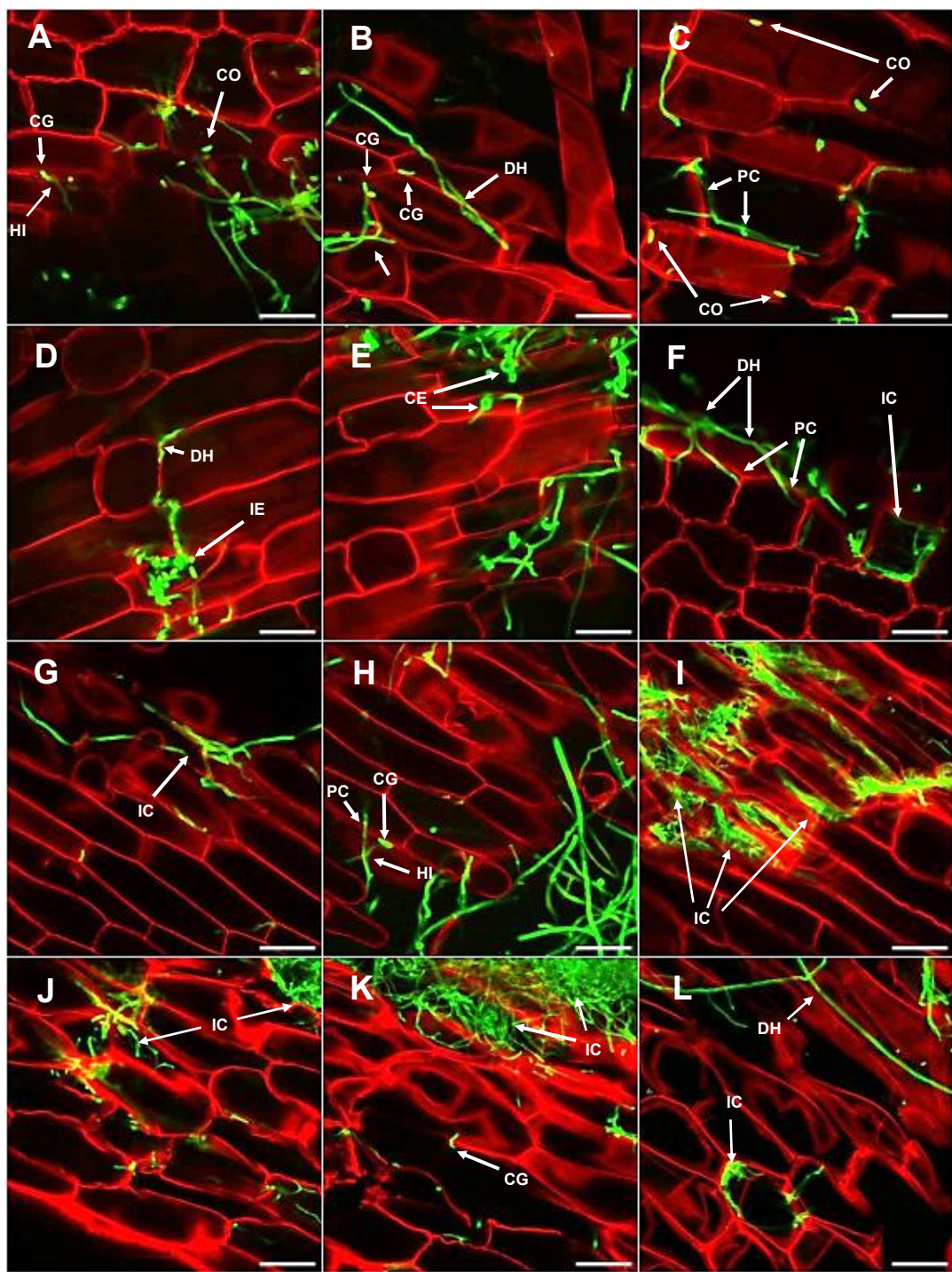


Figura 17. Propagación celular de *F. oxysporum* en raíces de *V. planifolia*.

Cortes longitudinales de raíces de *V. planifolia* infectadas a 2, 3 y 6 días postinoculación (dpi) con *F. oxysporum*; **A-F)** 2 dpi; **G-H)** 3 dpi; **I-L)** 5 dpi. (Barra de escala= 50 μ m).

CO=Conidio, **CG**=Conidio germinado, **CE**= Clamidosporas, **DH**= Desarrollo de hifa, **HI**= Hifa invasiva, **PC**= Penetración celular, **IC**= Invasión celular, **IE**= Infección y esporulación.

7.4. Prueba de patogenicidad *in vivo*

Fusarium oxysporum (FO) es un patógeno de raíces hemibiotrófico que causa pudrición, marchitez y necrosis de las raíces y tallos en más de 100 cultivos importantes (Sierra *et al.*, 2022) entre los que se encuentra la vainilla.

De acuerdo con los datos registrados en esta prueba, se observó que esquejes adultos de *V. planifolia* (± 7 cm), comenzaron a mostrar daño sobre la base del tallo al tercer día de haberse inoculado una muestra de cultivo líquido de *F. oxysporum* (2.5625×10^6 esporas/mL), esto independiente a que desde el día 2 post inoculación, *F. oxysporum* ya sea capaz de colonizar parte del tejido vegetal (Fig. 16-17); tras esto se obtuvo una infección del tallo equivalente a 0.63 ± 0.24 cm (Tabla 8) y el daño presentado se visualizó como un oscurecimiento de la zona base de la planta (Fig. 18-C).

Tabla 8. Registro de infección porcentual en tallo y hoja en plantas completas de *Vanilla planifolia* inoculadas con *Fusarium oxysporum*.

Tratamiento	Día	Infección de tallo (cm)	Infección estructural (%)	Infección de hoja (cm)	Infección estructural (%)
Control	3	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		0.63 ± 0.24 a	9.11 ± 3.46 a	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Control	6	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		1.87 ± 0.52 a	27.33 ± 7.47 a	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Control	9	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		2.91 ± 0.58 a	42.48 ± 8.24 a	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 a
Control	12	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 a	0.00 ± 0.00 b
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		5.89 ± 0.52 a	89.63 ± 7.06 a	2.35 ± 1.30 a	19.58 ± 10.91 a
Control	15	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		6.83 ± 0.08 a	100 ± 0.00 a	3.35 ± 1.23 a	27.78 ± 10.11 a
Control	21	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.00 ± 0.00 b	0.0 ± 0.0 b
Tratamiento <i>F. oxysporum</i>		6.83 ± 0.08 a	100 ± 0.00 a	11.98 ± 0.02 a	100 ± 0.00 a

Los datos representan las medias $\pm$ SE (n=12); letras distintas indican una diferencia significativa según la prueba t de Student. ($P < 0.05$) respecto al día medido.

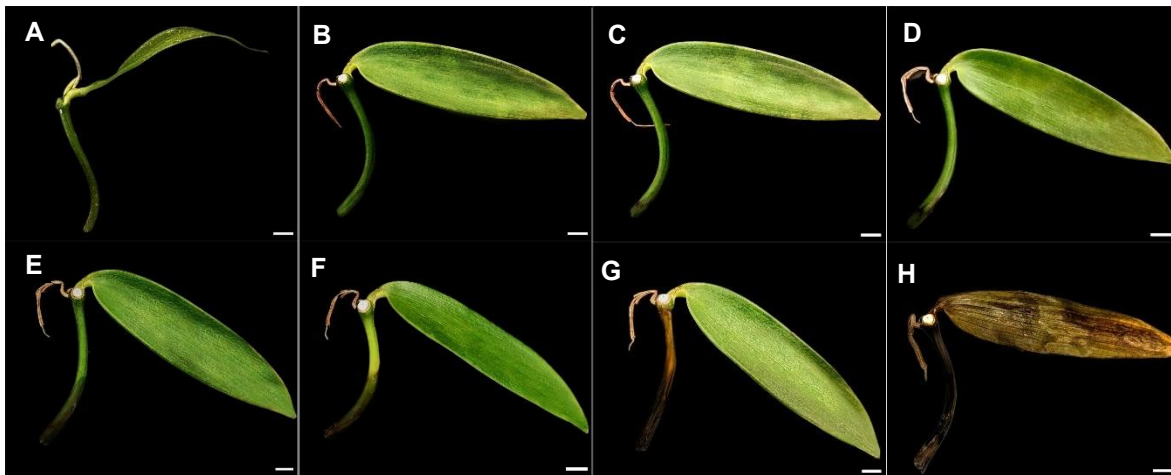


Figura 18. Grado de infección en *Vanilla planifolia* frente a *Fusarium oxysporum*.

A) Control día 21; **B)** infección día 0; **C)** infección día 3; **D)** infección día 6; **E)** infección día 9; **F)** infección día 12; **G)** infección día 15; **H)** infección día 21. (Barra de escala= 1cm).

Respecto a lo anterior, el daño visualizado al tercer día no generó alteraciones estructurales sobre el tallo (Fig. 19-A1) obteniendo una infección del 41.66% del total de las plantas (n=12) a este lapso y un 100% al sexto día (Fig. 20), tiempo en el cual se observó un avance significativo de la enfermedad sobre el tejido (Fig. 17-D y 18-B) a un $27.33 \pm 7.47\%$ de la longitud total del tallo (Tabla 7). Con base en los resultados previamente expuestos y conforme a lo esperado, se observó un progreso del daño que culminó en una marcada oxidación del tallo para el día 12 (Fig. 17-F). Esta condición reflejó un avance de la enfermedad del $89.63 \pm 7.06\%$ en esta zona específica según se detalla en la Tabla 7, siendo este el punto inicial de deterioro estructural evidenciado en la figura 18 D-1. De igual forma, al día 12 se observaron los primeros indicios de la infección por *F. oxysporum* en la zona foliar de *V. planifolia*, la cual fue cuantificada en una longitud de 2.35 ± 1.30 cm, medición equivalente al $19.58 \pm 10.91\%$ de la longitud promedio total de las hojas.

Después de 15 días de prueba el tallo mostró el $100 \pm 0.00\%$ de infección estructural, a este punto se obtuvo asimismo la pudrición del tallo, una pérdida considerable de la turgencia del tallo y una mayor deformidad sobre el tejido de esta

estructura (Fig. 19 E-1). En cuanto al área foliar, a este día la infección aumentó a un $27.78 \pm 10.11\%$ (Tabla 8). La muerte de la planta completa fue registrada el día 21 de haberse inoculado el patógeno (Fig. 18-H y 19-F), esto tras observarse la completa infección de las hojas con una longitud de 11.98 ± 0.02 cm; las cuales presentaron un estado de pudrición en un lapso de 6 días después de haberse mostrado el $100 \pm 0.00\%$ de infección del tallo al día 15 (Tabla 8). Asimismo, se observó una considerable deformación del tallo (Fig. 19-F1) determinando que, a este día, no se presentaron signos de tejido vivo en ambas estructuras.

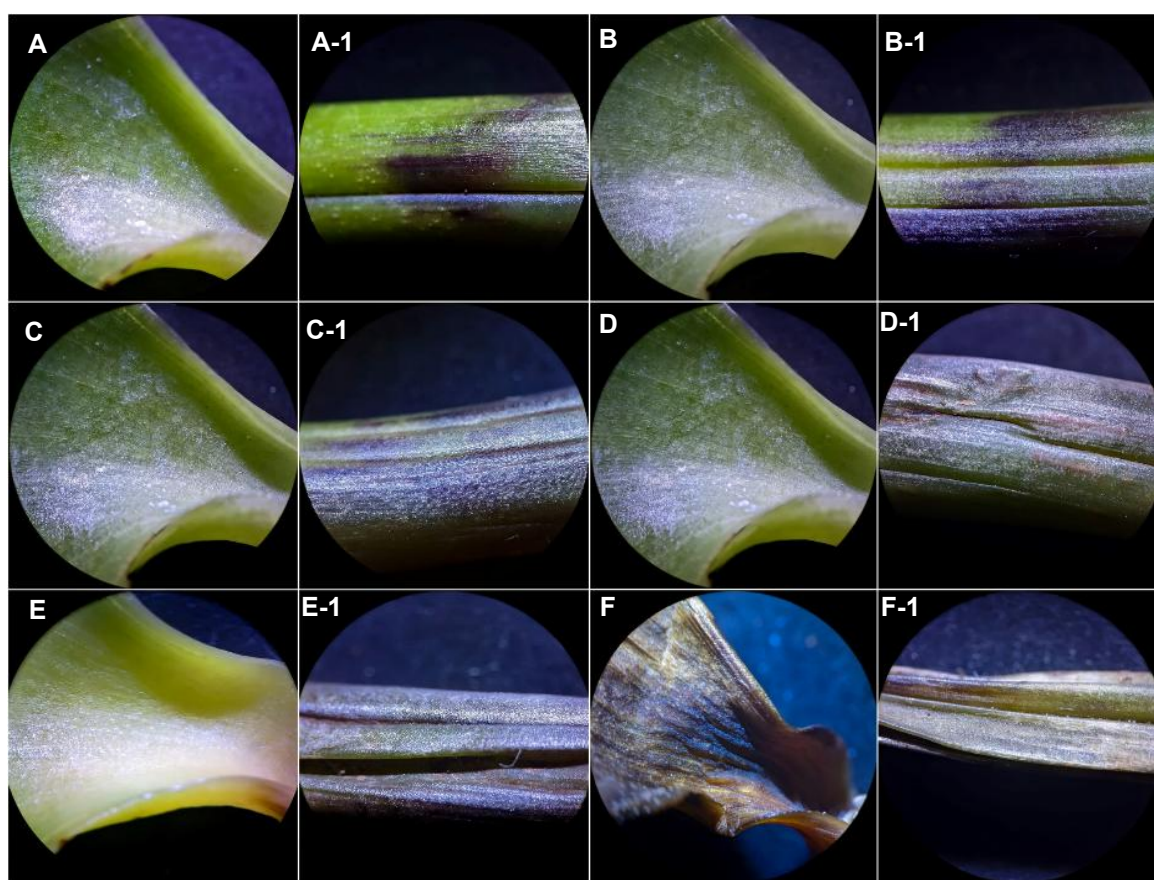


Figura 19. Observación de tallo y hoja de *Vanilla planifolia* infectada con *Fusarium oxysporum*.

A) infección día 3 en hoja; **A-1)** infección día 3 en tallo; **B)** infección día 6 en hoja; **B-1)** infección día 6 en tallo; **C)** infección día 9 en hoja; **C-1)** infección día 9 en tallo; **D)** infección día 12 en hoja; **D-1)** infección día 12 en tallo; **E)** infección día 15 en hoja; **E-1)** infección día 15 en tallo; **F)** infección día 21 en hoja; **F-1)** infección día 21 en tallo.

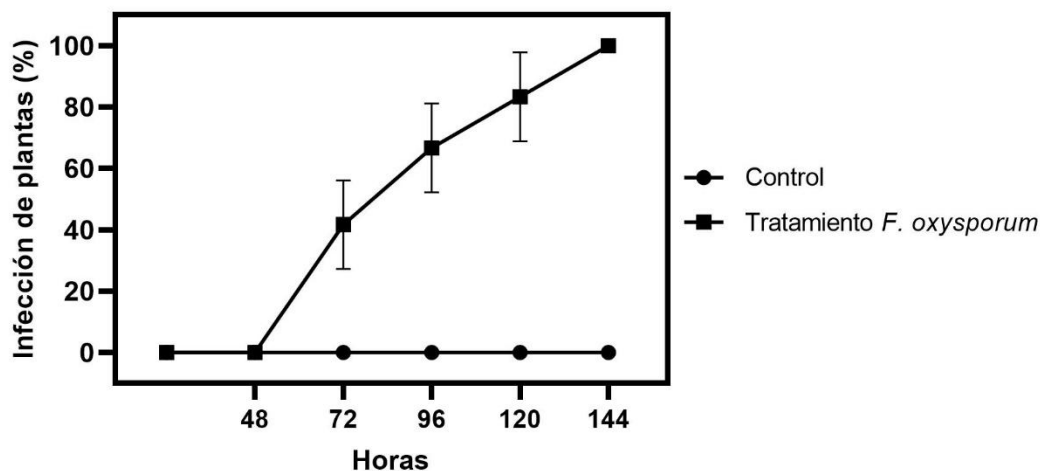


Figura 20. Porcentaje de infección de plantas de *Vanilla planifolia* inoculadas con *Fusarium oxysporum*.

De acuerdo con Adame *et al.* (2015), cuya investigación fue la primera realizada en México sobre la severidad de la enfermedad causada por 11 aislados distintos de *Fusarium* en Papantla, Veracruz; existe una variación en la patogenicidad entre especies identificadas molecularmente dentro de este género. En particular, se encontró que 9 aislados identificados como *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* presentaron diferentes tipos de daño al ser inoculados en hojas y tallos de vainilla. Para este caso, se observó la muerte de las hojas al día 12, mientras que en tallos de ± 30 cm se observó al día 60. Por otro lado, en un estudio similar realizado por Casillas *et al.* (2017) en Nayarit, México, se determinaron ligeros efectos fitotóxicos provocados por aislados de *Fusarium* sp. sobre plantas de *Vainilla* sp. posterior a tres meses de inoculación.

Con base en estos estudios, el aislado de *F. oxysporum* empleado en esta investigación demostró una mayor patogenicidad en las hojas en comparación con todos los hongos estudiados en los trabajos anteriormente citados. Esto se evidenció tras observarse la muerte completa de dicha estructura vegetal tras seis días de haber comenzado su infección en plantas completas de vainilla. Respecto al tallo, se requeriría realizar esta evaluación con tallos de mayor altura con el fin de

dar una valoración más concreta. No obstante, es posible que el aislado obtenido sea considerado incluso más agresivo que los patógenos de *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* obtenidos del cultivo de vainilla del estado de Veracruz.

7.5. Pérdida de agua en esquejes de *V. planifolia* infectados con *F. oxysporum*

En las plantas, el agua desempeña funciones tanto a nivel subcelular como extracelular. Un rasgo distintivo de las células vegetales es la presencia de una gran vacuola llena de agua, que, además de participar en funciones metabólicas, contribuye a la generación de presión de turgencia celular (Caferri & Bassi, 2022). A nivel tisular, el agua interviene en la absorción de nutrientes del suelo a través del sistema radicular, que es permeable al agua, y su transporte a través del xilema hacia las hojas, donde finalmente se pierde por transpiración (Bhatla, 2023). Debido a las observaciones realizadas al día 21 en plantas adultas de vainilla infectadas *in vivo* con *F. oxysporum* (Apartado 6.5); se calculó la pérdida del agua en los tratamientos empleados. Esta pérdida fue estimada en un $91.91 \pm 2.89\%$ para las plantas infectadas con el patógeno; mientras que en el control se registró una pérdida de agua del $0.43 \pm 0.05\%$ (Fig. 21). La pérdida de agua en el tratamiento inoculado con *F. oxysporum*, resultó ser considerablemente significativa en comparación con las no inoculadas.

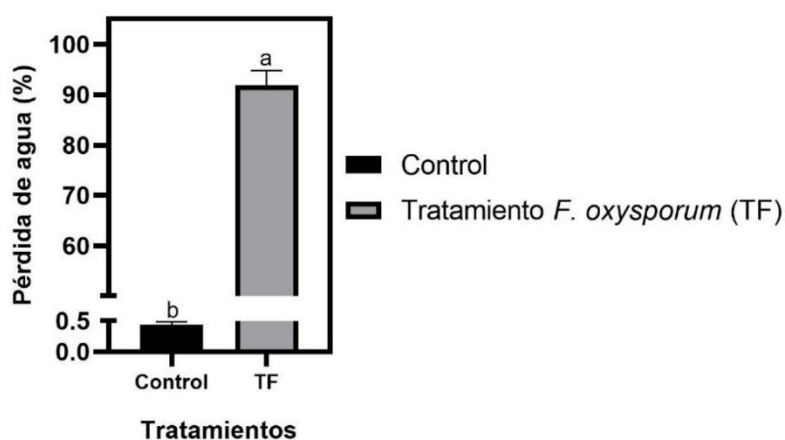


Figura 21. Pérdida de agua en plantas infectadas de *Vanilla planifolia*.

Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=12); letras distintas indican una diferencia significativa en $P < 0.0001$ según la prueba t de Student.

De acuerdo con este resultado, la falta de agua provoca en las plantas distintos tipos de cambios morfoanatómicos, fisiológicos y bioquímicos (Kapoor *et al.*, 2020; Lu *et al.*, 2023). En ese sentido, se ha reportado que el estrés relacionado con aspectos hídricos conduce a la sobreproducción de especies reactivas de oxígeno (ROS), como el peróxido de hidrógeno (H_2O_2) y el radical aniónico superóxido ($O_2^{\cdot-}$), lo que resulta en una inhibición del crecimiento (Wallace *et al.*, 2016) y un estrés oxidativo. Scharwies & Dinneny (2019) mencionan además que las plantas pueden cerrar sus estomas para reducir la pérdida de agua por transpiración, lo que disminuye el caudal y reduce los gradientes de potencial hídrico en su interior. Sin embargo, este cierre también reduce la fotosíntesis debido a la menor absorción de CO_2 . Por lo tanto, mantener un equilibrio entre la reducción de la pérdida de agua y la absorción de CO_2 es un dilema crucial para las plantas. Esto último representaría un mecanismo de supervivencia dado al estrés producido por el hongo. No obstante, la gran susceptibilidad de la planta de vainilla a *F. oxysporum* y sus múltiples mecanismos de acción fisiológicos, conllevarían a la muerte de la planta derivado de su nula resistencia (Fig. 22).

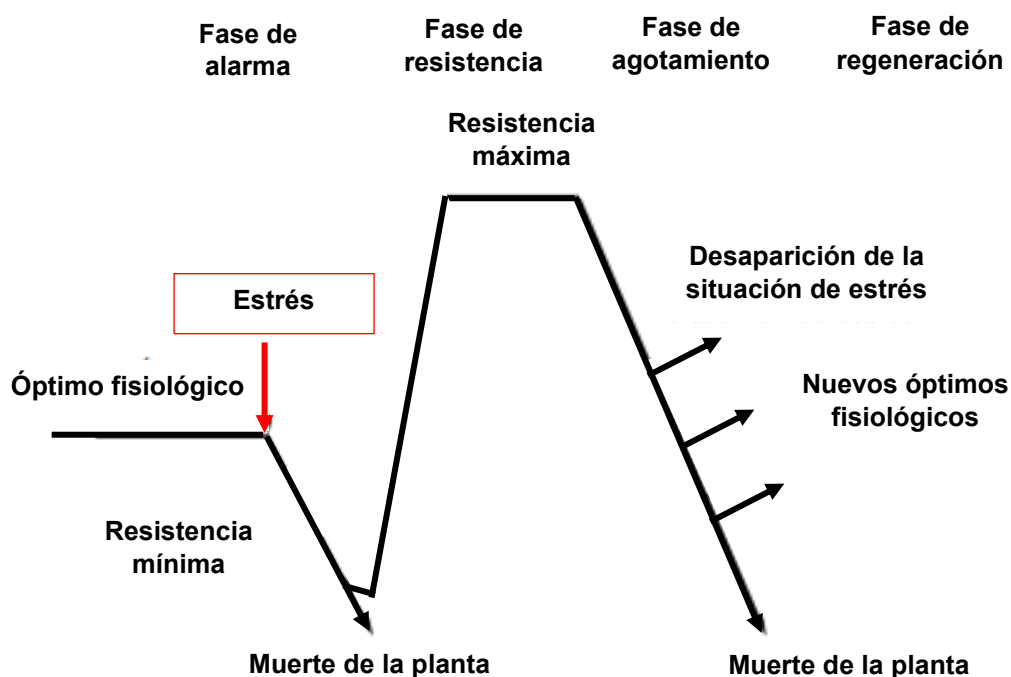


Figura 22. Respuesta de las plantas a situaciones de estrés (Tadeo-Serrano & Gómez-Cadenas, 2008).

7.6. Evaluación *in vitro* del daño fitotóxico: Comparación de los efectos generados por *F. oxysporum* y sus filtrados fúngicos (FCF) en vitroplantas de *V. planifolia*.

7.6.1. Inhibición del crecimiento

Después de 15 días de evaluación empleando biorreactores de inmersión temporal (SMIT) como método de ensayo; se obtuvo que, exceptuando el control, vitroplantas de vainilla mostraron una inhibición sobre su crecimiento en los tratamientos de prueba utilizados (Fig.23).



Figura 23. Inhibición de crecimiento en vitroplantas de *Vanilla planifolia*.

A) Control; **B)** Tratamiento infectado con *F. oxysporum* (TF); **C)** Filtrado fúngico al 15% (FCF15);
D) Filtrado fúngico al 30% (FCF30). (Barra de escala= 1cm).

Para este caso, se registró un IC de 1.26 ± 0.31 cm en el control, demostrando un crecimiento superior frente al resto de tratamientos. Por su parte, las plantas inoculadas con *F. oxysporum* (TF), no mostraron crecimiento alguno durante el periodo de prueba; al presentar un IC= 1 cm. Las vitroplantas expuestas a los filtrados fúngicos al 15 (FCF15) y 30% (FCF30), obtenidos a partir del patógeno, por otro lado, no mostraron diferencia estadística ($P < 0.05$) del tratamiento TF, ya que para estos se obtuvo un IC de 1.05 ± 0.07 y 1.02 ± 0.03 cm respectivamente (Fig. 24).

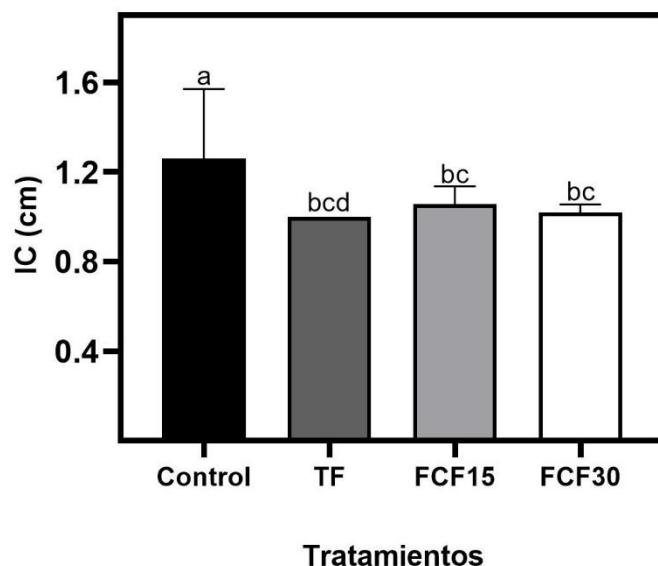


Figura 24. Índice de crecimiento (IC) en vitroplantas de *Vanilla planifolia*.

Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=10); letras distintas indican una diferencia significativa ($P < 0.05$).

Dado a lo mencionado, investigaciones han evaluado dentro de diversos parámetros, el efecto que genera el hongo patógeno *F. oxysporum* (Gupta *et al.*, 2022) así como filtrados fúngicos obtenidos a partir del mismo hongo; sobre el crecimiento en distintos tipos de plantas (Abdel-Kareem *et al.*, 2021; Abdelaziz *et al.*, 2022; Attia *et al.*, 2022a). En dichas investigaciones se ha cuantificado una considerable inhibición de este factor en plantas expuestas al patógeno y dichos filtrados en comparación con las no tratadas. Pese a contar con una amplia literatura, solo se ha realizado una investigación en plantas de *V. planifolia*. En relación con lo anterior, Ramírez *et al.* (2015) reportó que filtrados fúngicos a diluciones del 15 y 30% y conseguidos a partir de *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* mostraron disminución en el crecimiento de brotes y raíces de *V. planifolia*, así como un decremento en el número de hojas y raíces en pruebas realizadas *in vitro*; además de esto se observó una correlación entre la concentración del filtrado y el daño registrado. En un trabajo similar realizado por Manici *et al.* (2017), se llevó a cabo un bioensayo empleando semillas de *Brassica napus* en donde se evaluó el

efecto de filtrados fúngicos a dilución 1:1 obtenidos a partir de *F. oxysporum* y otros hongos pertenecientes a este mismo género. Los resultados de este estudio mostraron un decremento sobre el índice porcentual de crecimiento de las semillas respecto al control; siendo *F. oxysporum*, debido a lo anterior, clasificado en este estudio como uno de los aislados más patógenos.

En diversas investigaciones, los efectos nocivos e inhibitorios generados en plantas tratadas con filtrados fúngicos obtenidos a partir del cultivo de *Fusarium oxysporum*, se han atribuido a toxinas producidas por este hongo. De esa manera, el ácido fusárico ($C_{10}H_{13}NO_2$) ha sido considerado el principal metabolito fitotóxico en estudios llevados a cabo en cultivos como la vid (Reveglia *et al.*, 2018), el tomate (López, *et al.*, 2018) y *Musa* spp. (Liu *et al.*, 2020). Aunque también estos efectos fitotóxicos se les han adjudicado a otras toxinas como la beauvericina y la eniantina (Portal González *et al.*, 2021) así como a otros compuestos derivados del ácido fusárico como los fusaricatos (Liu *et al.*, 2016).

7.6.2. Determinación de pigmentos fotosintéticos

La clorofila es un pigmento ubicuo en el reino vegetal que desempeña un papel clave en la fotosíntesis (Roca *et al.*, 2024). Estos componentes están basados en una estructura de porfirina, que incluye cuatro anillos de pirrol (C_4H_4NH) coordinados por un ion de magnesio en la posición central con una larga cadena de alquilo hidrófoba unida a él (Leite *et al.*, 2018). La cuantificación de clorofila ha sido un parámetro clave para evaluar el daño producido por factores bióticos (Henschel, *et al.*, 2024; Khalil, & Youssef *et al.*, 2024) y abióticos (Phaenark *et al.*, 2023; Phaenark *et al.*, 2024) en distintas especies de plantas. En ese sentido, las alteraciones del metabolismo de la clorofila tienen profundas implicaciones para el crecimiento y el desarrollo de estas (Li *et al.*, 2024), por lo que la evaluación de este dato vincula muy bien que tan dañado puede estar el tejido vegetal en prueba.

Los carotenoides, por otra parte, son metabolitos secundarios de las plantas con una variedad de características fisiológicas beneficiosas (Zulfiqar *et al.*, 2021). Estos compuestos son las unidades estructurales básicas del sistema fotosintético y juegan un papel importante no solo en la recolección de luz, sino también en la

fotoprotección de las plantas (adaptación al estrés lumínico) (Maoka, 2020; Bhatt & Patel, 2020) así como en la protección contra el estrés oxidativo provocada por radicales libres (Sun *et al.*, 2022) y al igual que la clorofila, los carotenoides también han sido pigmentos medidos en diferentes trabajos para evaluar el posible daño producido en plantas sometidas a estrés (Nafisa *et al.*, 2020; Zhang *et al.*, 2020; Kahveci *et al.*, 2021).

Los resultados actuales mostraron que los contenidos de clorofila total y los carotenoides fueron inhibidos significativamente tanto en las plantas de *V. planifolia* infectadas por *F. oxysporum* como en las expuestas a los filtrados de cultivo fúngico (Fig. 25).

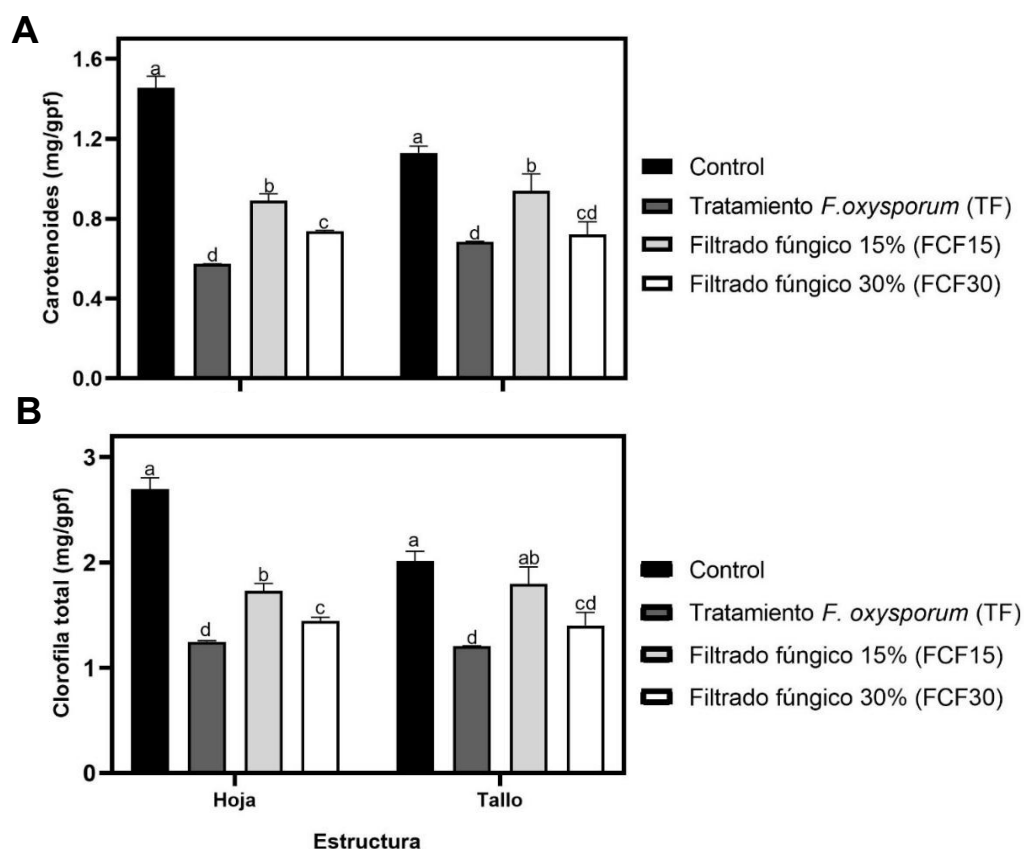


Figura 25. Concentración de clorofila y carotenoides en tallo y hoja de *Vanilla planifolia*.

Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=3); letras distintas indican una diferencia significativa (P<0.0001).

Una vez calculada la concentración de clorofila total (C_T) en tallo y hoja de plántulas de *V. planifolia*, se observó que el tratamiento inoculado con *F. oxysporum* (TF) presentó la mayor inhibición de este parámetro. La C_T en este tratamiento fue de 1.24 ± 0.00 mg/gpf en hojas y de 1.20 ± 0.00 mg/gpf en tallos, luego de 15 días de experimentación (Fig. 25-A). Aunque ambas concentraciones fueron similares en las dos estructuras, la CT en las hojas se vio más afectada que en los tallos. Esta diferencia se confirma al comparar con los controles, que mostraron concentraciones de 2.69 ± 0.10 mg/gpf en tejido foliar y 2.01 ± 0.09 mg/gpf en tallos. Así, en las plantas expuestas al tratamiento TF; la inhibición de la CT de las hojas fue calculada en $53.68 \pm 1.53\%$, mientras que en los tallos fue del $40.14 \pm 2.84\%$.

Las plántulas de vainilla expuestas a filtrados fúngicos de *F. oxysporum* (FCF) al 15% y 30% también mostraron una inhibición en el contenido total de clorofila. En el tratamiento FCF15, la concentración de C_T en las hojas fue de 1.73 ± 0.07 mg/gpf, lo que representa una disminución del $35.86 \pm 0.48\%$ en comparación con el control. En los tallos, la concentración fue de 1.79 ± 0.16 mg/gpf, con una reducción del $10.93 \pm 4.62\%$. Por otro lado, en el tratamiento FCF30, la disminución de clorofila foliar fue del $46.33 \pm 0.95\%$, mientras que en los tallos fue del $30.52 \pm 3.04\%$. Estas reducciones se calcularon a partir de las concentraciones de clorofila medidas en las hojas (1.44 ± 0.03 mg/gpf) y en los tallos (1.40 ± 0.12 mg/gpf) (Fig. 24-A). En el caso del tratamiento FCF15, no se observó una diferencia significativa en respecto al control, lo que indica que el daño en este tratamiento no fue relevante. Además, no se registraron diferencias entre los tratamientos FCF15 y FCF30, lo que sugiere que ambos provocaron un daño similar en las estructuras evaluadas.

Los resultados de la evaluación de carotenoides en plantas de *V. planifolia* por otro lado, mostraron que la exposición a *F. oxysporum* y sus filtrados de cultivo fúngico inhibieron también la producción de estos pigmentos. En las hojas, las concentraciones medidas fueron de 0.57 ± 0.00 , 0.89 ± 0.03 y 0.73 ± 0.00 mg/gpf, lo que representó una reducción del $60.59 \pm 1.48\%$, $38.78 \pm 0.15\%$ y $49.31 \pm 1.75\%$ en los tratamientos TF, FCF15 y FCF30, respectivamente; esto en comparación con el control, cuya concentración final fue de 1.45 ± 0.05 mg/gpf (Fig. 25-B). En cuanto

al tallo, se registró una concentración de 1.12 ± 0.03 mg/gpf en el grupo control. En contraste, los tratamientos mostraron una disminución en la concentración de carotenoides, con una reducción del $39.49 \pm 2.11\%$ en el tratamiento TF, y del $16.94 \pm 5.04\%$ y $36.30 \pm 3.78\%$ en los tratamientos FCF15 y FCF30, respectivamente. Las concentraciones observadas para estos tratamientos, en el mismo orden, fueron de 0.68 ± 0.00 , 0.93 ± 0.08 y 0.72 ± 0.06 mg/gpf. Además, se pudo notar una disminución similar entre los tratamientos TF y FCF30 para este parámetro, cuyas concentraciones no mostraron ser diferentes significativamente (Fig. 25-B).

Estudios previos han demostrado que, para los parámetros analizados, existe una inhibición en plantas infectadas con *F. oxysporum* (Sahu *et al.*, 2023). En ese sentido, las lesiones patológicas, especialmente las derivadas de la acción de Fusarium desencadenan un fallo en el proceso de fotosíntesis, que se considera el proceso vital más importante dentro de la planta (Attia *et al.*, 2022b).

La reducción de los pigmentos fotosintéticos en las plantas infectadas es un reflejo del estrés oxidativo resultante de la infección por este hongo. Este fenómeno ocurre debido a un desajuste en la liberación de radicales libres (ROS), como el peróxido de hidrógeno (H_2O_2) que, al acumularse en exceso, provoca daño en las estructuras celulares y distorsión en la formación de los cloroplastos (Mohapatra & Mittra, 2017). Como consecuencia, la planta pierde su capacidad para capturar la luz de manera eficiente, lo que interfiere gravemente con la realización de este proceso. Si bien, los efectos tóxicos de las ROS acumuladas también se aprovechan como defensa química dentro de los repertorios inmunológicos de la interacción contra factores bióticos y la tolerancia al estrés (Ahammed *et al.*, 2024). Su exceso genera un desbalance dentro de la homeostasis de la planta produciendo la peroxidación de lípidos, el deterioro de proteínas, ácidos nucleicos, la muerte de la planta (Kapoor *et al.*, 2019) así como la clara disminución de pigmentos fotosintéticos durante el lapso de interacción del hongo con la planta; justo como se expuso anteriormente. Factor que está relacionado a su vez con la pérdida de agua por parte del vegetal tras ser infectada con *F. oxysporum* lo cual ya ha sido constatado en investigaciones previas (Baghbani *et al.*, 2019).

7.6.3. Evaluación de muerte celular en plantas de vainilla

La muerte celular en vitroplantas de *V. planifolia* fue determinada mediante la tinción de azul de Evans. Los resultados indicaron que las plántulas expuestas directamente a *F. oxysporum* (Tratamiento TF) presentaron el mayor daño en el tejido vegetal, seguidas por las tratadas con FCF30 y FCF15 (Fig. 26). Daño que se revela morfológicamente en la planta en color azul.

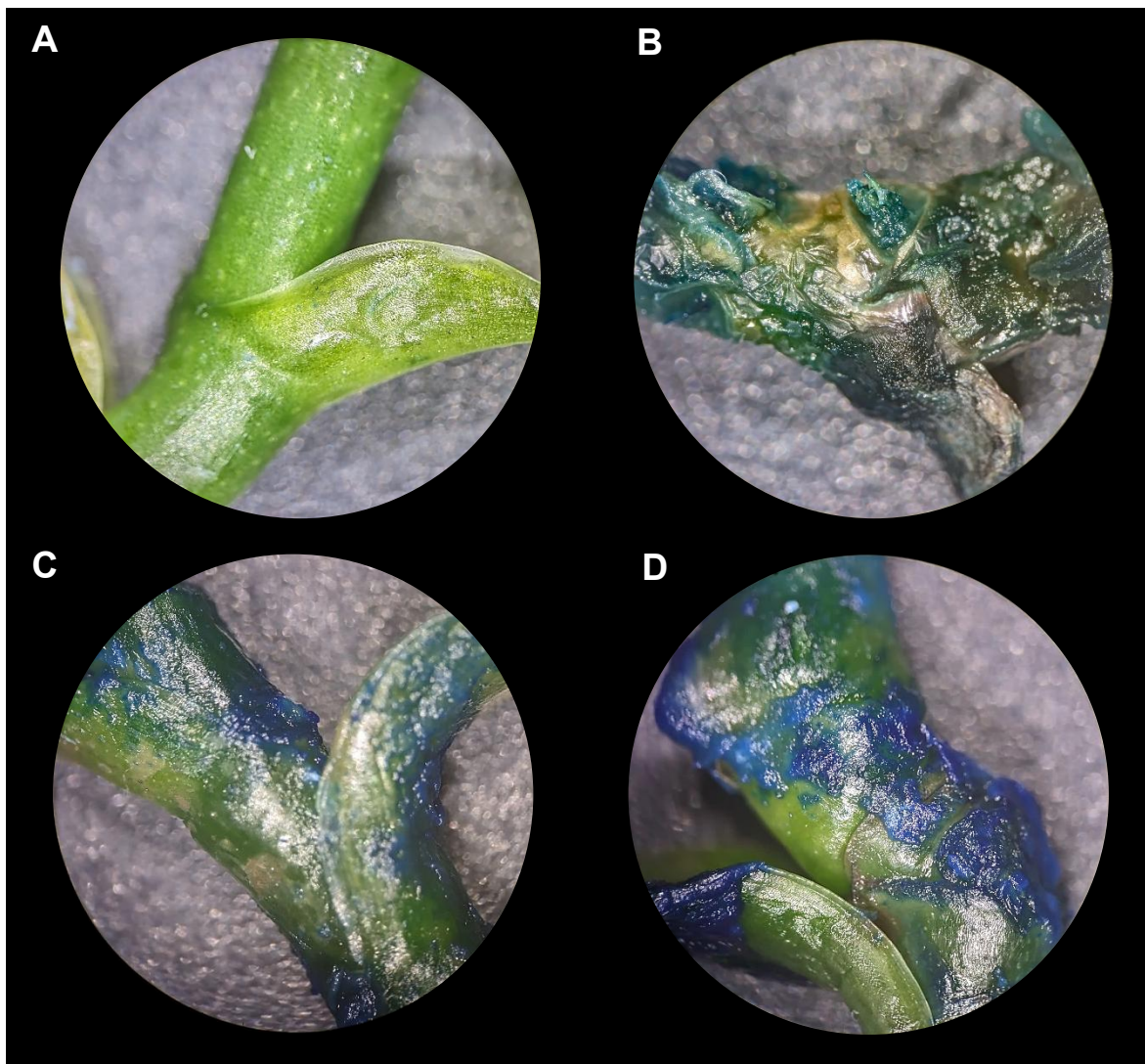


Figura 26. Viabilidad celular en *Vanilla planifolia* Jacks por tinción azul de Evans.

A) Control; **B)** Tratamiento infectado con *F. oxysporum* (TF); **C)** Filtrado fúngico al 15% (FCF15);
D) Filtrado fúngico al 30% (FCF30).

Como se observó anteriormente, la variación en la intensidad del color es directamente proporcional al grado de daño sobre la planta, ya que los tejidos completamente muertos tomaron la coloración azul intensa en comparación con los tejidos activos del control; mismo que no presentó zonas teñidas a lo largo del explante (Fig. 26-A).

La confirmación del daño en las plantas expuestas a los tratamientos fue confirmada cuantitativamente con la evaluación de la muerte celular relativa (MCR%) y la medición del azul de Evans absorbido por el tejido vegetal. Se observó que el grupo de plantas expuestas al patógeno aislado presentó una MCR promedio del $80.37 \pm 0.07\%$ y una absorción de colorante de 3.07 ± 0.00 ppm, las plantas expuestas al tratamiento FCF15 por otro lado presentaron la menor muerte celular después del control, con una MCR de $38.12 \pm 0.10\%$; tratamiento en el cual se calculó una absorción de AE de 1.43 ± 0.00 ppm. Mientras que para el tratamiento FCF30, por último, se estimó una MCR de $59.67 \pm 0.11\%$; con un valor estimado de AE absorbido de 2.24 ± 0.00 ppm (Fig.27).

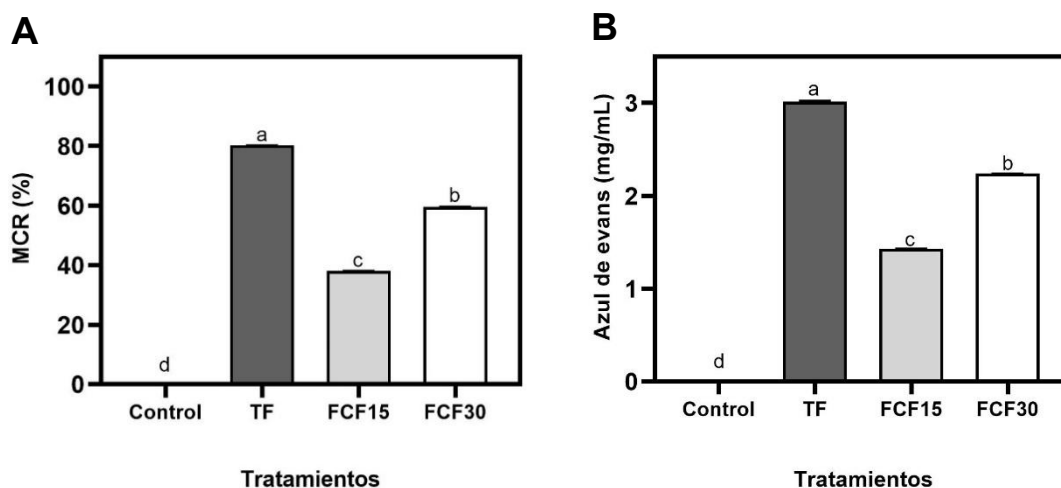


Figura 27. Evaluación de la muerte celular en plantas de *Vanilla planifolia*.

A) Muerte celular relativa porcentual (MCR%); **B)** absorción de azul de Evans en tejido vegetal de *V. planifolia*. Los datos representan las medias $\pm$ SD ($n=3$); letras distintas indican una diferencia significativa ($P<0.0001$).

De acuerdo con el hecho de que las células vivas eliminan el azul de Evans de la membrana plasmática debido a la permeabilidad, mientras que las células dañadas no pueden excluirlo, tiñéndose por tanto de color azul (Ghosh *et al.*, 2015); se puede decir que, de acuerdo con lo observado en estos resultados y como era previsible, los filtrados fúngicos de cultivo están relacionados con la muerte celular en la planta de vainilla. Esto sugiere que la infección por *F. oxysporum* no se limita únicamente al daño causado por el micelio, sino también por los metabolitos que este produce. Demostrando que la integridad de la membrana celular de esta especie vegetal se ve comprometida dado a la exposición a estos tratamientos; demostrado no solo por la tinción en sí, sino también por la cuantificación del azul de Evans absorbido por el tejido vegetal justo como se ha demostrado en otras investigaciones (Shahid, M., & Singh, 2024). Si bien esta técnica se ha empleado para evaluar la muerte celular en otras plantas como el tomate, tras ser infectadas por *F. oxysporum* (Zehra *et al.*, 2017). Los resultados mostrados anteriormente representan los primeros resultados para *V. planifolia* empleando esta técnica.

7.6.4. Actividad de la catalasa y superóxido dismutasa

Para analizar la actividad enzimática de las vitroplantas de *V. planifolia* expuestas a *F. oxysporum* y sus filtrados de cultivo; posterior a 15 días de prueba, se evaluó la concentración de catalasa (CAT) y superóxido dismutasa (SOD).

Los resultados obtenidos, mostraron que, una vez terminado el lapso de experimentación, las plántulas expusieron una disminución sobre la enzima CAT principalmente en los tratamientos TF ($0.001119 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$) y el filtrado fúngico de cultivo al 30% ($0.001156 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$); esto en comparación con el grupo control ($0.001252 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$). El tratamiento del filtrado fúngico al 15% (FCF15) por otro lado no exhibió un cambio sobre el enzima considerado significativamente diferente del control ($0.001236 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$). En relación con la enzima SOD, la estimación de su concentración en los tratamientos no presentó diferencias significativas entre tratamientos después de los 15 días de exposición; mediante el sistema modular de inmersión temporal (SMIT). En este caso, el grupo control fue el que mostró la mayor concentración de SOD ($0.01694 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$); sin

embargo, este valor no difirió estadísticamente del tratamiento TF ($0.01559 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$), a pesar de ser el tratamiento que generó la mayor inhibición sobre la enzima. Tampoco se observaron diferencias significativas con los tratamientos FCF15 ($0.01667 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$) y FCF30 ($0.01654 \pm 0.00 \mu\text{mol}\cdot\text{g}$) (Fig. 28).

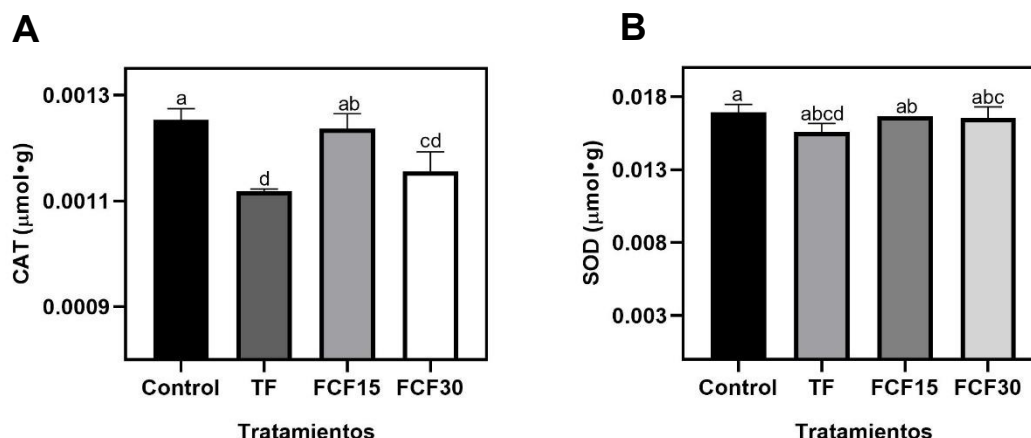


Figura 28. Inhibición de la actividad enzimática de CAT y SOD.

A) Inhibición de la catalasa en plántulas de *V. planifolia* expuestas a *F. oxysporum* y sus filtrados de cultivo; **B)** Inhibición de superóxido dismutasa en plántulas de *V. planifolia* expuestas a *F. oxysporum* y sus filtrados de cultivo. Los datos representan las medias $\pm$ SD ($n=3$); letras distintas indican una diferencia significativa ($P<0.05$).

La producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) en respuesta a patógenos como *Fusarium* spp. ha sido estudiada en diferentes investigaciones (Herrera-Téllez *et al.*, 2019; Li *et al.*, 2022c). Para este caso se ha reportado que la respuesta de plantas a la infección por *F. oxysporum* suele estar asociadas a una producción rápida y transitoria ROS como el radical anión superóxido ($\text{O}_2^{\cdot-}$), radical hidroxilo ($\cdot\text{OH}$) y peróxido de hidrógeno (H_2O_2). A su vez, las ROS deben desintoxicarse de manera eficiente, de lo contrario pueden provocar daño celular; lo cual se hace mediante varios sistemas de eliminación de ROS, incluidas las de tipo ascorbato peroxidasas, el glutatión, las superóxido dismutasas y las catalasas (Swarupa *et al.*, 2014; Xue *et al.*, 2023). Como se demostró con anterioridad, plántulas de *V. planifolia* expusieron una inhibición principalmente sobre la enzima CAT en contraste con SOD; en cuanto a lo reportado, se ha encontrado que tras la infección

de *F. oxysporum*, las plantas producen principalmente una acumulación de H₂O₂, radical en la que actúa la enzima CAT para su descomposición en agua y oxígeno, esto respecto al anión superóxido (Chen *et al.*, 2019). De igual manera y de forma parecida a lo obtenido en el presente trabajo, en investigaciones como la realizada por Nchu *et al* (2022), plantas de tomate, posterior a su infección con *F. oxysporum* f. sp. lycopersici, mostraron concentraciones similares de superóxido (42.28 ± 3.33 nM/g) respecto a los obtenidos dentro del grupo control (45.95 ± 6.66 nM/g). Pese a que existen investigaciones en donde la actividad de SOD está más implicada que la actividad de CAT (Anthony *et al.*, 2017), se debe también tomar a consideración el explante que se esté analizando o estudiando al momento; ya que la diferencia sobre la actividad de estas enzimas puede variar en las diferentes estructuras vegetales tras la infección con este patógeno (Huang *et al.*, 2024)

En cuanto a la acumulación de H₂O₂, esta se ha vinculado al daño tisular provocado por la invasión de *F. oxysporum* (de Quadros *et al.*, 2021). Este efecto desencadena diferentes tipos de daño a nivel celular como lo es la peroxidación lipídica, la cual ocurre principalmente en biomembranas ricas en ácidos grasos poliinsaturados (PUFAs), como las membranas de los cloroplastos (Hernández & Cejudo, 2021); tras abstraer un átomo de hidrógeno de un carbono metileno en su cadena (Milatovic *et al.*, 2019). La oxidación excesiva de los lípidos altera las propiedades físicas de las membranas celulares, lo que puede llevar a modificaciones covalentes en proteínas y ácidos nucleicos; o generando peróxidos lipídicos que, a su vez, fomentan la producción de ROS adicionales (Gaschler & Stockwell, 2017) y producen procesos irreversibles como la carbonilación de proteínas (Tola *et al.*, 2021). De esa manera la estructura de la membrana se desestabiliza produciendo su ruptura (Catalá & Díaz, 2016) lo que instiga a la muerte celular.

7.7. Absorción de nutrientes

La nutrición mineral de las plantas es crucial para la productividad de los cultivos, ya que su crecimiento y desarrollo dependen de minerales y nutrientes esenciales. Cada nutriente cumple un papel que influye directamente en las características

morfológicas y fisiológicas de las plantas, al estar involucrado en diversos procesos metabólicos clave (Jing *et al.*, 2024).

En el presente estudio se evaluó el crecimiento, así como la absorción de cuatro nutrientes esenciales para las plantas (Ca^{+2} , Fe^{+2} , Mn^{+2} y Cu^{+2}) por *F. oxysporum*. Para el primer caso, se midió el crecimiento radial del patógeno por un lapso de 4 días, exponiéndose a 20 ppm de cada nutriente. Los resultados mostraron que, transcurrido el periodo de evaluación, el crecimiento del hongo no se vio inhibido o incrementado por ninguno de los tratamientos. Obteniendo, al cuarto día, un crecimiento del aislado de 3.73 ± 0.05 cm en el control, 3.63 ± 0.05 cm en el tratamiento adicionado con Fe^{+2} , 3.66 ± 0.05 cm en el de Mn^{+2} y 3.60 ± 0.10 cm en los tratamientos suplementados con Ca^{+2} y Cu^{+2} (Fig.29).

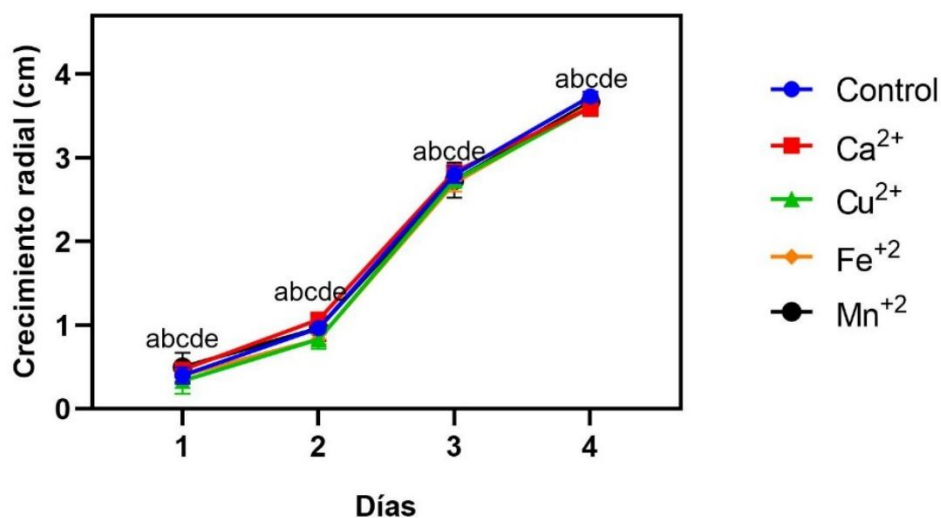


Figura 29. Crecimiento de *Fusarium oxysporum* en presencia de macro y micronutrientes.

Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=3); letras distintas indican una diferencia significativa ($P < 0.05$).

En cuanto a la absorción de los nutrientes por el micelio fúngico, el aislado patógeno de *F. oxysporum* absorbió principalmente al Mn^{+2} , con una concentración de 1540 ± 0.00 mg/Kg en el tejido fúngico, seguido del Ca^{+2} (1207 ± 17.45 mg/Kg), Fe^{+2}

(738.2 ± 12.13 mg/Kg) y, finalmente, el Cu^{2+} (229.5 ± 1.26 mg/Kg); transcurridos 15 días en una prueba *in vitro*. En contraste, de los nutrientes adsorbidos el Ca^{+2} , fue el elemento más presente en la solución (0.86 ± 0.03 mg/L), seguido del Fe^{2+} , el Cu^{2+} y el Mn^{2+} con una concentración de 0.30 ± 0.01 mg/L, 0.12 ± 0.01 mg/L y 0.03 ± 0.06 mg/L respectivamente (Fig.30).

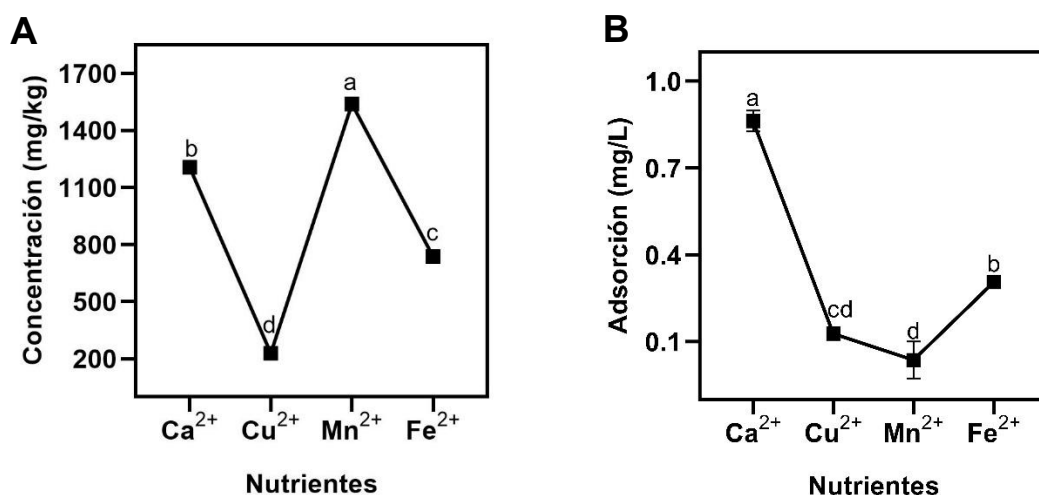


Figura 30. Sorción de macro y micronutrientes por *Fusarium oxysporum*.

A) Absorción de nutrientes; **B)** Adsorción de nutrientes. Los datos representan las medias $\pm$ SD (n=3); letras distintas indican una diferencia significativa ($P < 0.0001$).

Aunque dentro de la literatura se ha comprobado que el uso óptimo de nutrientes puede explorarse como una opción viable y sostenible para el manejo de enfermedades de los cultivos, ya que pueden reducir la gravedad y la incidencia de enfermedades en los mismos (Pandey & Ghimire, 2022). La infección por *F. oxysporum* ha sido ligada a deficiencias nutrimentales en plantas; sin mencionar el aumento sobre su virulencia al incrementar el contenido de ciertos tipos de nutrientes.

Así, por ejemplo, el nivel de Mg, Ca, K, Cu, Zn, Fe y Mn se redujo en cultivares de tomate (*Solanum lycopersicum*) susceptibles infectados con *F. oxysporum* f.sp. *radicis lycopersici* (Lobna *et al.*, 2017). No obstante, se ha reportado en otros trabajos (Cai *et al.*, 2020) que en *Glycine max*, nutrientes como el K, el Ca, el Mg,

el S y el Fe indujeron resistencia en la planta a la infección producida por *F. oxysporum* a medida que aumentaban sus concentraciones. En este mismo estudio se observó además un aumento significativo de la enfermedad tras incrementar excesivamente el contenido de Fósforo (P) y un ligero aumento en la virulencia del patógeno hacia las plantas de soja tras aumentar el contenido de Nitrógeno (N), aunque en otros estudios realizados en banano Gros Michel (*Musa AAA*) se ha demostrado que la fertilización con nitrógeno aumentó la expresión de la enfermedad (Segura *et al.*, 2022). Asimismo, de acuerdo con Orr & Nelson (2018) se ha encontrado que el Fe y el Mn aumentan la severidad de la marchitez por *Fusarium* en una variedad de cultivos. Si bien el presente estudio se basó en un experimento *in vitro*, este abre paso al seguimiento de comenzar a evaluar los efectos de la absorción de nutrientes en *V. planifolia* por parte de *F. oxysporum*.

7.8. Prueba de control biológico *in vitro* con *T. harzianum* (PROCIGO)

Los pesticidas químicos son compuestos sintéticos diseñados para combatir las plagas que afectan a las plantas. Su uso repetido provoca daños significativos en los cultivos y favorece la aparición de resistencia a las plagas. Esto resulta en contaminación ambiental, daño a organismos no objetivo, la proliferación de especies resistentes a estos productos y posibles riesgos para la salud humana (Swathy *et al.*, 2024). Para hacer frente a estos problemas, han surgido alternativas, como el uso de hongos endófitos simbióticos, entre los que se incluyen los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y algunas especies del género *Trichoderma* (Li *et al.*, 2019a; Nofal *et al.*, 2021; Xiang *et al.*, 2023). Estos métodos han demostrado ser efectivos en el control de diversos patógenos vegetales como *F. oxysporum*; favoreciendo así prácticas agrícolas más sostenibles y respetuosas con el medio ambiente (Devi *et al.*, 2022).

El efecto antagónico de *T. harzianum* (PROCIGO), se llevó a cabo por medio de la técnica de cultivo dual contra un aislado patógeno de *F. oxysporum* purificado a partir de plantas de *V. planifolia* Jacks; en donde, tras 72 horas, se observó a un nivel macroscópico, una clara reducción sobre el crecimiento del hongo tanto en el ensayo directo como en el indirecto (Fig. 31).

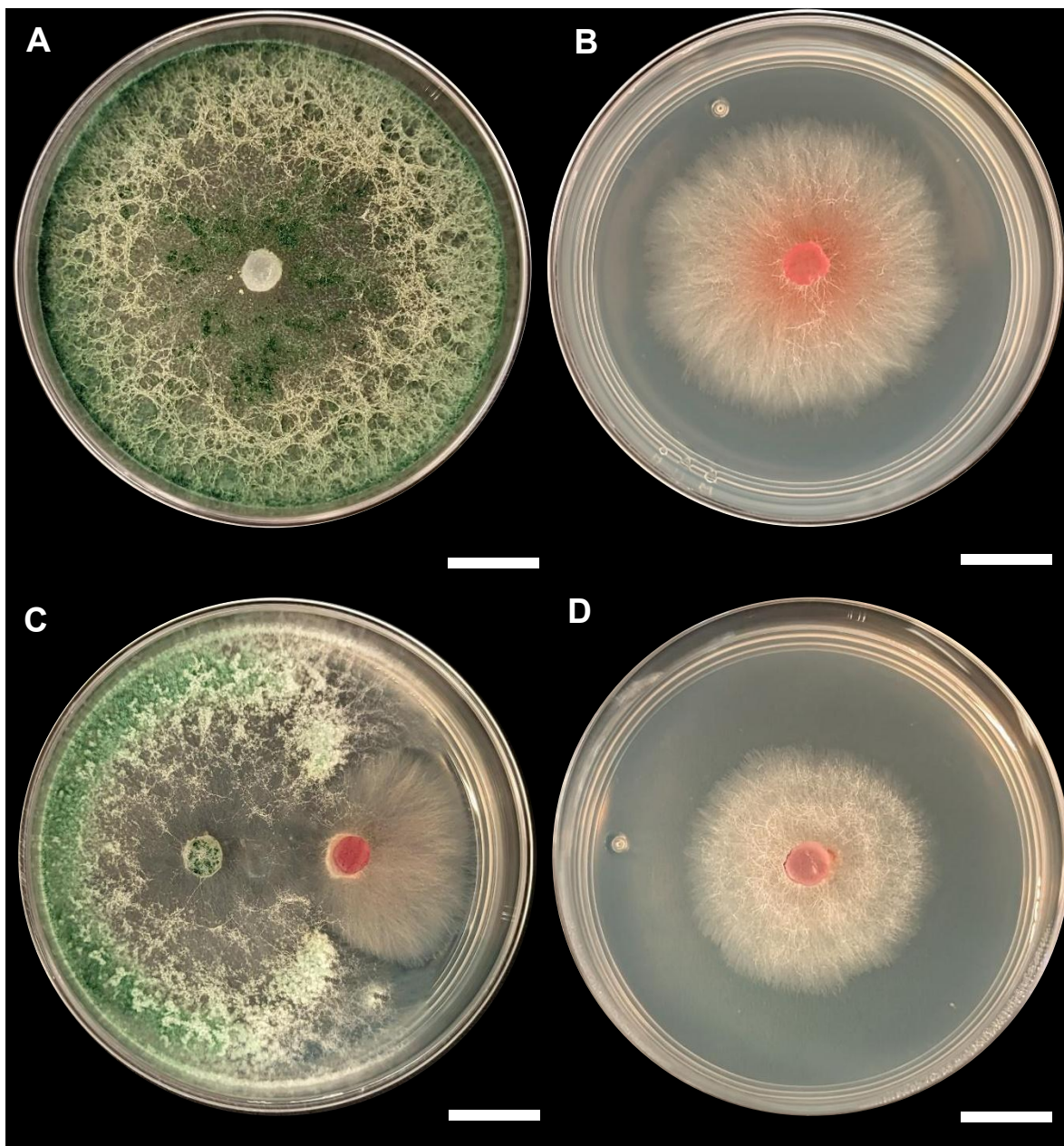


Figura 31. Prueba de antagonismo fúngico por *Trichoderma harzianum* (PROCIGO).

A) Control *T. harzianum* (PROCIGO); **B)** Control *F. oxysporum*; **C)** Prueba de confrontación directa; **D)** Prueba de confrontación indirecta. Las figuras muestran los resultados *in vitro* obtenidos tras 72 horas postinoculación (hpi). (Barra de escala= 1 cm).

Como se muestra en la Figura 32; tras 72 horas de prueba, *F. oxysporum* presentó una inhibición del $49.64 \pm 1.65\%$; estimación porcentual que se obtuvo tras evaluar el área del micelio, la cual fue calculada en $3.84 \pm 0.17 \text{ cm}^2$. Dicho crecimiento fue

menor respecto al tratamiento control de *F. oxysporum* ($7.47 \pm 0.50 \text{ cm}^2$). Por otro lado, en la confrontación indirecta, establecida para determinar la inhibición de *F. oxysporum* por compuestos volátiles derivados de *T. harzianum*; se obtuvo una tasa de inhibición del $25 \pm 5.86\%$. Esto considerando el área obtenida en la colonia del fitopatógeno ($5.66 \pm 0.52 \text{ cm}^2$) (Fig. 32). Dentro de esta etapa experimental, se obtuvo además que *T. harzianum* (PROCIGO) mostró microparasitismo directo sobre el aislado patógeno transcurridos 7 días de prueba; observando que, a este lapso, se obtuvo una colonización completa de la placa por dicho hongo. Este factor, catalogó al antagonismo de *T. harzianum* (PROCIGO) dentro de la clase 1 (Bell *et al.*, 1982) ya que el hongo patógeno fue cubierto en su totalidad; desintegrando macroscópicamente al patógeno del medio *in vitro* tras 9 días (Fig. 33).

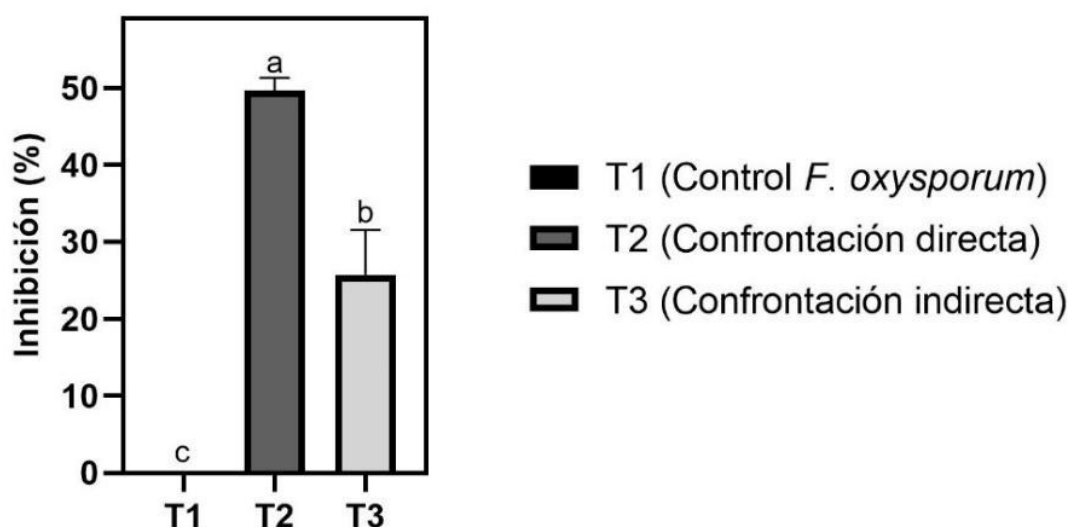


Figura 32. Inhibición *in vitro* de *Fusarium oxysporum* por *Trichoderma harzianum*.

Los resultados indican el porcentaje de inhibición de *F. oxysporum* por la acción directa e indirecta de *T. harzianum* (PROCIGO) después de 3 días postinoculación (dpi). Los datos representan las medias $\pm$ SD ($n=3$); letras distintas indican una diferencia significativa ($P<0.0001$).

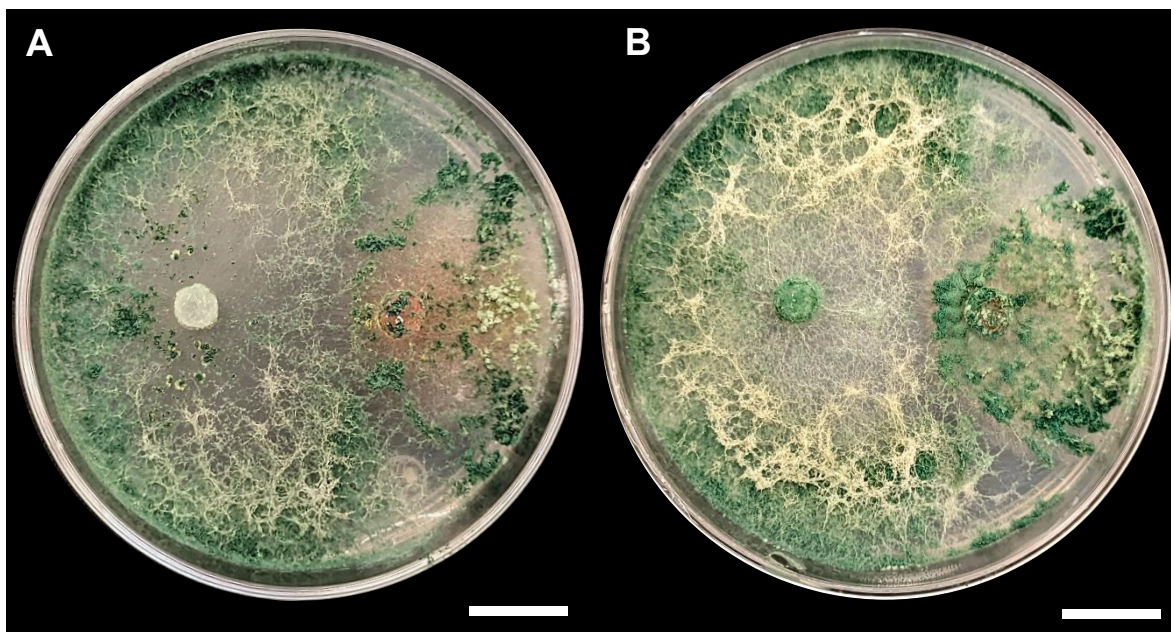


Figura 33. Efecto antagonístico de *Trichoderma harzianum* sobre *Fusarium oxysporum*.

A) Efecto antagonístico de *T. harzianum* sobre *F. oxysporum*, **B)** Desintegración macroscópica de *F. oxysporum*. El efecto antagonístico completo fue obtenido tras 7 días postinoculación (dpi) mientras que la aparente destrucción del micelio de *F. oxysporum* en el medio se observó al día 9 dpi; el efecto antagonístico fue catalogado de clase 1. Bell *et al.* (1982): Clase 1: *Trichoderma* coloniza completamente al patógeno y cubre toda la superficie del medio. Clase 2: *Trichoderma* coloniza dos terceras partes del medio de cultivo y limita el crecimiento del fitopatógeno. Clase 3: *Trichoderma* y el hongo colonizan cada uno la mitad del medio, ninguno predomina. Clase 4: El fitopatógeno coloniza dos terceras partes del medio de cultivo y limita el crecimiento de *Trichoderma*. Clase 5: El fitopatógeno coloniza completamente la superficie del medio (Barra de escala= 1 cm).

De acuerdo con Mukhopadhyay & Kumar (2020); los tres mecanismos principales de biocontrol o antagonismo de *Trichoderma* spp. son el micoparasitismo, la antibiosis y la competencia por nutrientes o espacio, los cuales pueden actuar de manera independiente o combinada para reducir la presencia de patógenos en las plantas.

El primer mecanismo constituye un proceso esencial y complejo, que involucra acciones enzimáticas y la generación de metabolitos secundarios (antibiosis) (Mukherjee *et al.*, 2022; Qualhato *et al.*, 2013). En ese contexto, el micoparasitismo

de *Trichoderma* implica la recepción de diversas señales para activar la formación de estructuras especializadas y la producción de enzimas. Al detectar oligoquitinas presentes en la pared celular del patógeno (ya sea un hongo u oomiceto), *Trichoderma* inicia un crecimiento quimiotrópico dirigido hacia él. Al entrar en contacto, las hifas de *Trichoderma* se enrollan alrededor de las hifas del patógeno y comienzan a secretar enzimas que degradan la pared celular, como quitinasas y β -1,3-glucanasas. La degradación de la pared celular del hongo genera poros, permitiendo que *Trichoderma* absorba nutrientes de su huésped (Sood *et al.*, 2020; Asad *et al.*, 2015).

La antibiosis, por otro lado, representa la producción de antibióticos volátiles o no volátiles de bajo peso molecular o compuestos difusibles que interactúan y restringen el crecimiento de hongos patógenos (Manzar *et al.*, 2022); si bien la antibiosis y la micoparasitación están estrechamente relacionadas; la antibiosis puede estar ocurriendo previo al contacto directo de *Trichoderma* con el hongo patógeno. Asimismo, por medio de su crecimiento excepcionalmente rápido, *Trichoderma* spp. compite eficazmente para adquirir nutrientes y espacio, impidiendo así el crecimiento de fitopatógenos que no pueden rivalizar debido a la robusta colonización del hongo dentro de las plantas y la rizosfera (Tyśkiewicz *et al.*, 2022; Mohiddin *et al.*, 2021; Köhl *et al.*, 2019).

Pese a que el cultivo de vainilla es de alto interés comercial, hay muy poca investigación con resultados puestos en práctica para su sostenibilidad. Además, dada la susceptibilidad de los cultivos de vainilla a especies patogénicas de *Fusarium* y las desventajas de los fungicidas químicos para su manejo, se torna urgente la necesidad de evaluar métodos de control biológico *in situ* que puedan contribuir a incrementar la productividad en estos cultivos (Galindo & Mosquera, 2023). Por tanto, aprovechando los mecanismos de acción de *Trichoderma* spp, ha dado en consecuencia que métodos tradicionales para combatir el marchitamiento causado por *Fusarium* spp. estén siendo reevaluados. Haciendo que los ACB adquieran una mayor relevancia dentro de los enfoques integrados; esto con el fin de gestionar la enfermedad causada por este patógeno (Díaz-Gutiérrez *et al.*, 2021).

En ese sentido se ha reportado que diversas especies de *Trichoderma* han sido identificadas como opciones prometedoras para el control de *Fusarium* spp. (Patil *et al.*, 2024; Liu *et al.*, 2024; Adnani *et al.*, 2024). Estos trabajos han reportado diferentes rangos de eficiencia en especies del complejo del género *Fusarium*.

Centrándose en el efecto antagónico de *T. harzianum* sobre *F. oxysporum*, investigaciones como la realizada por Kumari *et al.* (2024a), por ejemplo, obtuvieron un decremento *in vitro* sobre el crecimiento de *F. oxysporum* f.sp. *ciceri* en un $72.97 \pm 5.01\%$; aunque también se han obtenido rangos de inhibición entre 67.5-80% de acuerdo con Martínez-Martínez *et al.* (2020). En otra investigación realizada en plantas de tomate *in vivo*; se observó que *T. harzianum* detuvo la progresión de *F. oxysporum* en un 44.91% (Meddad-Hamza *et al.*, 2023). Muhorakeye *et al.* (2024), por otro lado, registró una supresión del 86.84% sobre el crecimiento de *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* por antagonismo de *T. harzianum* KF2R41. Otro estudio, llevado a cabo en *F. oxysporum* f.sp. *cubense* PalPR7, mostró que este patógeno fue inhibido en un 76.90% por *T. harzianum* LBAT-53 posterior a 10 días de prueba (Hernández *et al.*, 2024) Mientras que en *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* se obtuvo una inhibición variable entre 15-58% por acción de diez aislados de *T. harzianum* (Zandyavari *et al.*, 2024). Asimismo, *T. harzianum* tiende a exhibir antagonismo indirecto por medio compuestos orgánicos volátiles (COVs). Li *et al.* (2024b) por ejemplo, demostró que *T. harzianum* T11-W mostró una disminución del 29.27% en *F. oxysporum* f. sp. *cucumerium* Owen. Ambata *et al.* (2023), por otro lado, reportó una inhibición del $43.75 \pm 6.25\%$ en *F. oxysporum* por COVs producidos por *T. harzianum*; aunque también se obtuvo que compuestos orgánicos no volátiles (CONVs) produjeron una inhibición del $75.0 \pm 6.25\%$ dentro de este mismo estudio.

De los COVs derivados de *T. harzianum*, se han identificado componentes de pertenecientes a grupos químicos como alcoholes, alcanos, amidas, derivados benzoicos o fenólicos como la 1-metoxi-2-propanona, la 4H-pirano-4-ona, o el acetato de 2-butoxietanol (Tabla 9). No obstante, se han determinado que *Trichoderma* spp. produce más de 180 compuestos con propiedades

antimicrobianas, tanto volátiles como no volátiles, limitando eficazmente el crecimiento de microorganismos patógenos (Li, *et al.*, 2019; Bae *et al.*, 2016).

Tabla 9. Compuestos volátiles identificados en *Trichoderma harzianum* por medio de cromatografía de gases-espectrometría de masas (GC-MS).

Compuesto volátil	Fórmula química	Tiempo de retención (min)	Abundancia (%)	Referencia
1-metoxi-2-propanona	C ₄ H ₈ O ₂	2.714	3.12	Meena <i>et al.</i> (2017)
Ácido acético glacial	C ₂ H ₄ O ₂	3.131	45.32	
2,3-butanodiol	C ₄ H ₁₀ O ₂	4.148	4.12	
Alcohol fenetílico	C ₈ H ₁₀ O	4.230	14.45	
1-aminoacetil piperazina	C ₆ H ₁₃ N ₃ O	6.914	2.01	
Ácido acético	C ₂ H ₄ O ₂	7.308	2.56	
2,5-furandiona, dihidro-3-metileno	C ₅ H ₄ O ₃	11.500	2.01	
Acetato de 2-butoxietanol	C ₈ H ₁₆ O ₃	15.040	3.33	
2,2-dimetil-3-metileno-canfeno	C ₁₀ H ₁₆	15.260	4.23	
1-etil-3-metilbenceno	C ₉ H ₁₂	16.073	5.22	
4H-pirano-4-ona	C ₆ H ₈ O ₄	17.022	2.82	

De acuerdo con los resultados obtenidos en esta investigación, los rangos de inhibición observados son comparables con los reportados en otros trabajos. Si bien, se estimó una inhibición del $49.64 \pm 1.65\%$ en *F. oxysporum* mediante el ensayo directo tras 72 horas de prueba; la micoparasitación de *T. harzianum* (PROCIGO) sobre *F. oxysporum* evidenció un $100 \pm 0.00\%$ de antagonismo tras una semana postinoculación. Como se mencionó anteriormente y complementando con lo descrito por Hassan *et al.* (2022), en la micoparasitación, el antagonista suele

enrollarse alrededor de las hifas del huésped, penetrando en sus estructuras, absorbiendo nutrientes y, finalmente, desintegran las células del huésped (Fig. 34). Haciendo de *T. harzianum* (PROCIGO) un ACB eficaz contra el aislado patógeno de *F. oxysporum* obtenido a partir de *V. planifolia*; incluso siendo más eficiente que los fungicidas comerciales empleados en esta investigación.

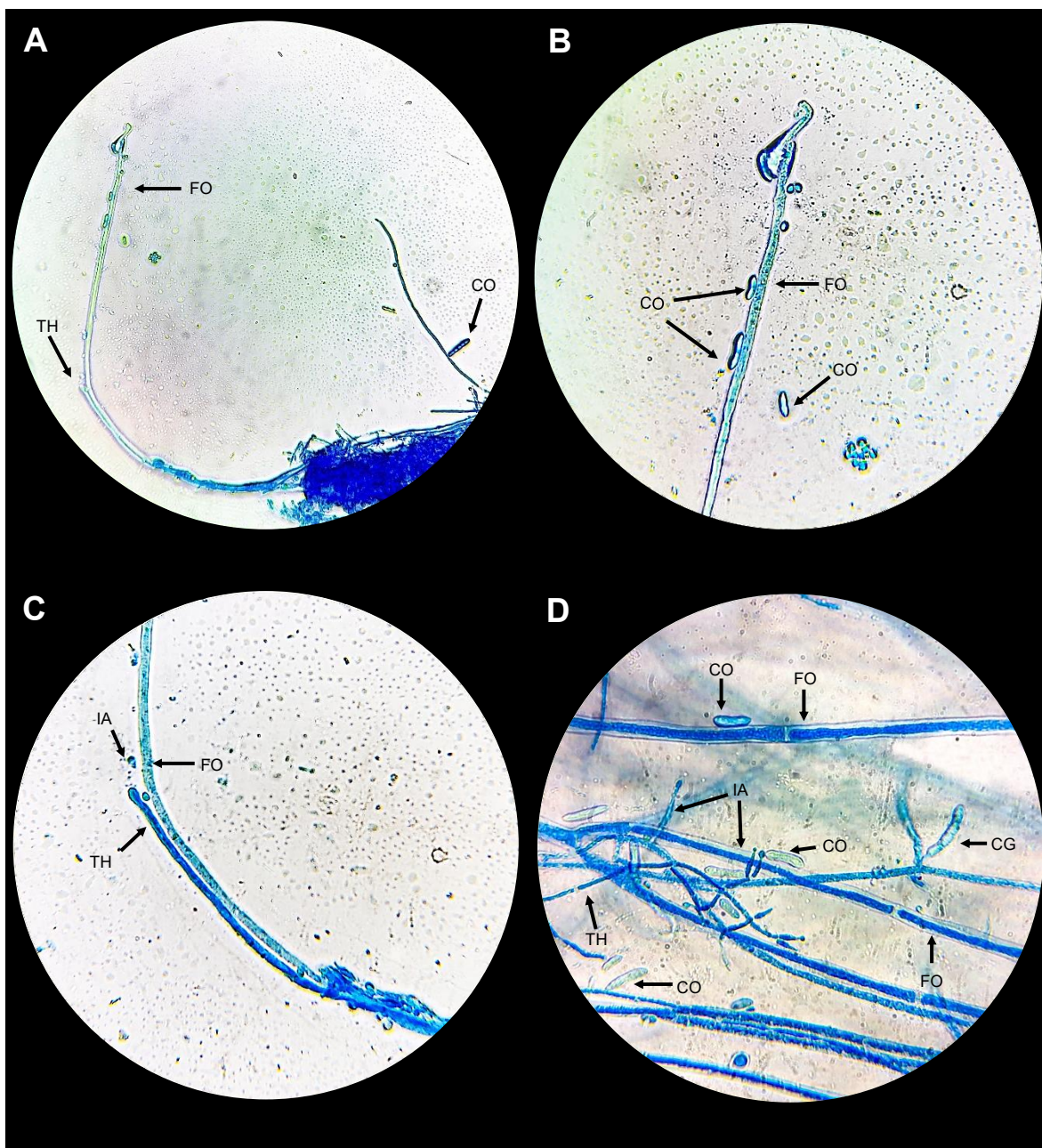


Figura 34. Micoparasitación de *Fusarium oxysporum* por *Trichoderma harzianum* (PROCIGO).

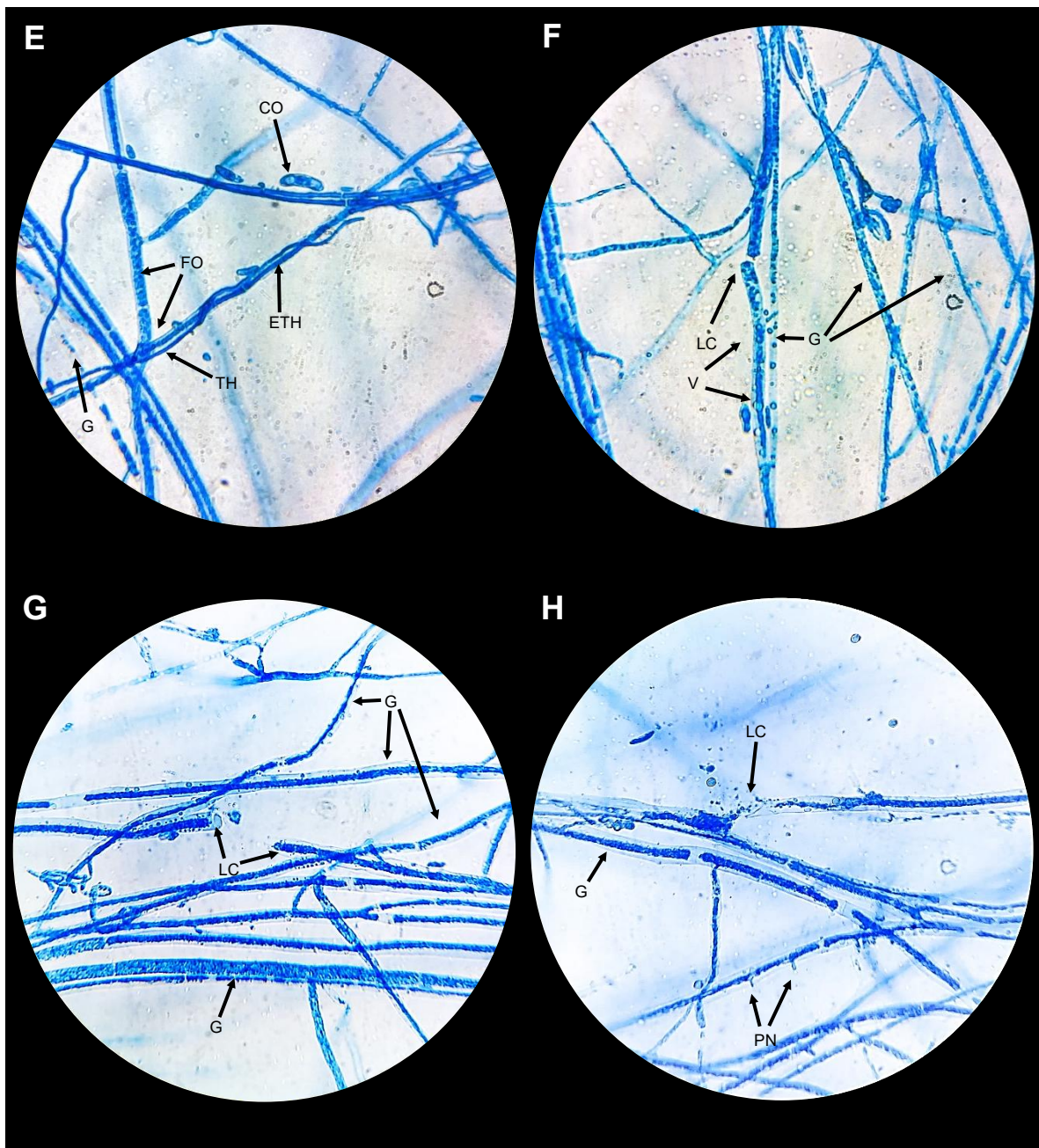


Figura 34. Micoparasitación de *Fusarium oxysporum* por *Trichoderma harzianum* (PROCIGO) (Continuación).

A) Interacción de *F. oxysporum* con *T. harzianum*; **B)** *F. oxysporum*; **C-E)** Micoparasitación de *F. oxysporum* por *T. harzianum*; **F-H)** Desintegración y muerte de las hifas de *F. oxysporum* (Barra de escala=). **CO**=Conidio, **CG**= Conidio germinado, **ETH**=Enrollamiento *T. harzianum*, **FO**= *F. oxysporum*; **G**= Granulación, **IA**=Interacción antagónica, **LC**= Lisis celular, **PN**= Protuberancias nacientes, **TH**= *T. harzianum*, **V**= Vacuolización.

7.9. Ciclo de vida y discusión del mecanismo de interacción planta-patógeno

La vainilla (*Vanilla planifolia* Jacks.) es una especie vegetal que exhibe una baja variabilidad genética, lo que la convierte en una especie vulnerable a *F. oxysporum*, (Ortega-Macareno *et al.*, 2024). Si bien esta interacción planta-patógeno y su ciclo de vida es relativamente compleja, una característica destacable de *F. oxysporum* es que los aislamientos específicos de este hongo provocan la enfermedad del marchitamiento solo en determinadas especies de plantas, generalmente relacionadas entre sí. Esta particularidad ha sido clave para su clasificación en formas especiales (*ff. spp.*) (Edel-German & Lecomte, 2019) como lo es *F. oxysporum* f. sp. *vanillae*.

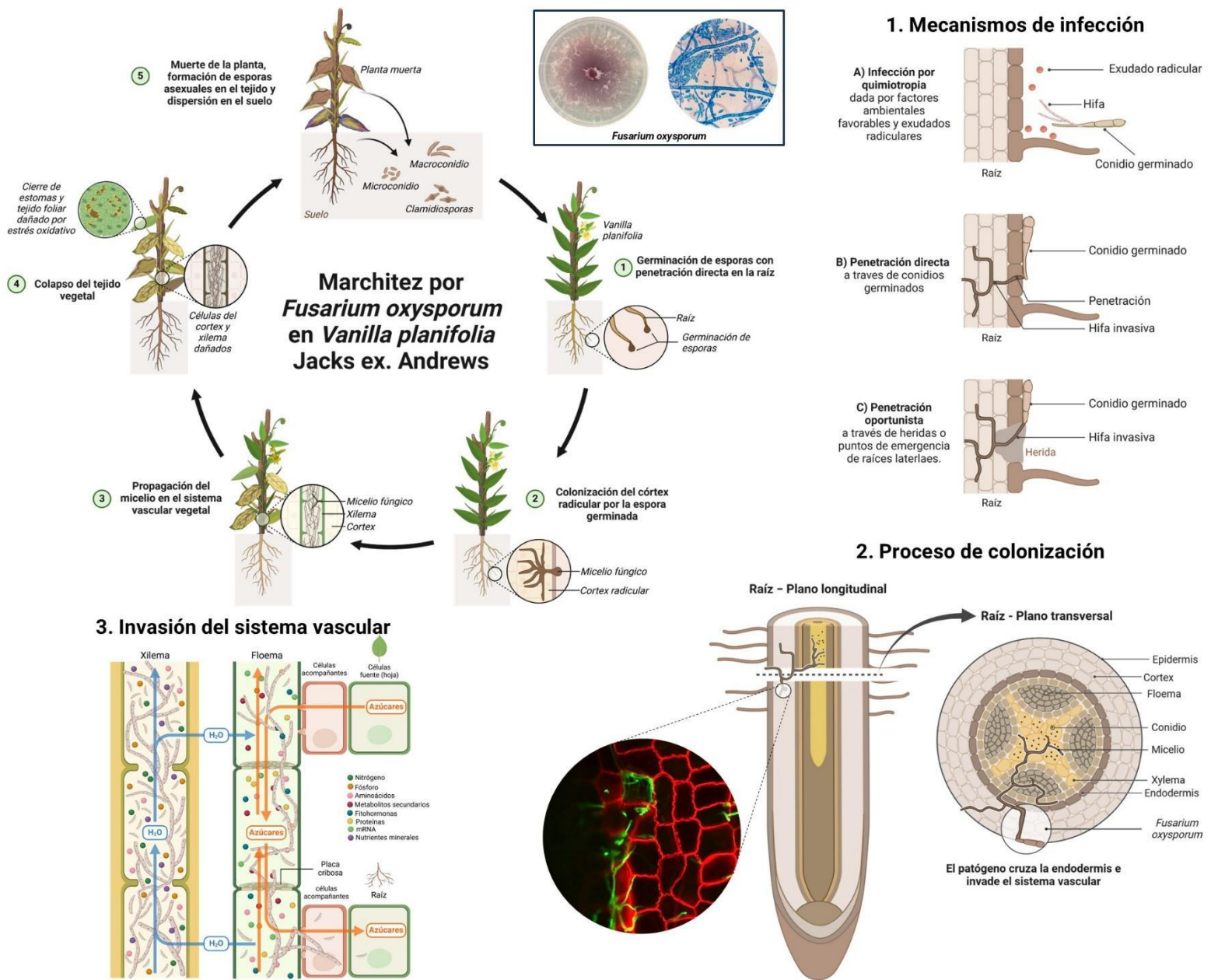
Referente a lo ya descrito, estas cepas producen interacciones de acción variable en el hospedero vegetal principal y en plantas huéspedes alternativas, en las cuales crecen bien como patógenos, como endófitos con interacciones neutras, o brindando protección contra otros patógenos; justo como lo señalan Zhu *et al.* (2022b), Asim *et al.* (2022) y Veloso & Díaz (2012). Como muestra de ello, se ha observado que *F. oxysporum* infecciosos obtenidos de cultivos como la vid, fueron incapaces de generar daño cuando se inocularon en plantas de vainilla (Koyyapurath *et al.*, 2016) y que ciertos endófitos de *F. oxysporum* (Fo) pueden ejercer efectos supresivos sobre aislados patógenos de esta misma especie (Guo *et al.*, 2021). Pese a esta efectividad, un tema de preocupación en esto es la transferencia horizontal de cromosomas; lo cual permite transformar endófitos de *F. oxysporum* en patógenos (De Lamo & Takken, 2020). Fenómeno ya sugerido previamente en aislados de Fo que han sido obtenidos de plantas de *V. planifolia* (De la Cruz *et al.*, 2021). Esto es un claro indicio de la diversidad genética de este complejo fúngico; dato reforzado también por Flores de la Rosa, *et al.* (2018), quienes observaron en un análisis de correspondencia filogenética que el grupo de patógenos de *F. oxysporum* constituyó un subgrupo de los no patógenos; visualizando además una mayor diversidad genética en las cepas patógenas mexicanas respecto a otras provenientes de Indonesia, Madagascar y la Isla Reunión; que son sitios de gran producción de vainilla.

7.9.1. Ciclo de vida

El ciclo de vida de patógenos de *F. oxysporum* comienza tras la producción de esporas, a saber, microconidios, macroconidios y clamidosporas (propágulos latentes) que se producen asexualmente tras la división mitótica de las hifas (Gordon, 2017). De estos, las clamidosporas representan las estructuras de resistencia que le dan la capacidad de sobrevivir por largos periodos en el medio ambiente (Vásquez-Ramírez & Castaño-Zapata, 2017) lo que vuelve inefectiva la rotación del cultivo de vainilla y de cualquier otro tipo a corto e incluso a largo plazo.

Teniendo esto en cuenta, la germinación de las esporas y el crecimiento de las hifas de *F. oxysporum* da inicio con su estimulación por efecto de factores ambientales como el pH, la humedad y temperatura (Kumari *et al.*, 2024b) así como por exudados radiculares excretados por la planta (Zhao *et al.*, 2024) que están compuestos por azúcares, aminoácidos, ácidos orgánicos, factores de crecimiento, iones inorgánicos, vitaminas, enzimas y fitohormonas (Vives-Peris *et al.*, 2020). De esto último, la atracción quimiotrópica de las hifas hacia estos nutrientes y factores está dada por receptores como lo son, por ejemplo, los receptores acoplados a proteína G (GPCR) que promueven la supervivencia, propagación, y detección de ciertos elementos fundamentalmente conservados, como nutrientes y feromonas (El-Defrawy & Hesham, 2020; Yang *et al.* 2022) o los receptores Ste3 encargados de la mediación de la redirección del crecimiento de la hifa en respuesta a la peroxidasa (Sharma *et al.*, 2022); efectos quimiotrópicos que, asimismo, se han visto estar influenciados por factores del medio ambiente (Fernández *et al.*, 2023).

Las hifas, posteriormente, ingresan a través de heridas, grietas en la epidermis, células jóvenes o indiferenciadas, puntos de emergencia de raíces laterales o por penetración directa en la raíz (Turlier *et al.*, 1994). Ya germinado *F. oxysporum*, inicia la ramificación de las hifas dentro de la raíz (Li *et al.*, 2011). De esa manera, este se internaliza a través de la endodermis y posteriormente la colonización observada a través de las células corticales es generalmente intercelular, con el hongo creciendo principalmente en el apoplasto hasta invadir el tejido vascular (Redkar *et al.*, 2022). (Fig.35).



El ciclo de vida de este patógeno comienza por medio de la producción de esporas (microconidios, macroconidios y clamidosporas) las cuales posteriormente infectan el tejido de la planta de vainilla. Una vez germinado, *F. oxysporum* se propaga por la raíz infectando posteriormente el tejido vascular, principalmente los vasos del xilema. Tras ocurrir esto, la planta sufre una obstrucción del sistema vascular; lo que impide el transporte de agua y nutrientes. Este y otros factores producen un colapso del tejido vegetal causando en consecuencia la muerte completa de la planta; generando que el ciclo se repita hasta la adquisición de un nuevo hospedero (elaboración propia).

Esto último es una característica clave de fitopatógenos como *F. oxysporum* ya que los aislados no patógenos permanecen restringidos a las raíces laterales de la planta, así como a la zona de elongación de la raíz primaria; por lo que su forma de crecimiento determina su clasificación (Martínez-Soto *et al.*, 2023).

Tras alcanzar los conductos del xilema, *F. oxysporum* puede propagarse de manera sistémica, generando así la progresión de la enfermedad hasta llevar al marchitamiento completo de la planta (Namisy *et al.*, 2024). Las fases avanzadas de la infección se asocian con el taponamiento de los vasos de este conducto, lo que lleva a un estrés hídrico, a la marchitez, necrosis y, finalmente, a la muerte; tras esto último, las esporas asexuales se forman en el tejido del huésped macerado y se liberan al suelo, donde esperan un nuevo ciclo de infección (Srinivas *et al.*, 2019; Carmona *et al.*, 2020) (Fig.35).

7.9.2. Mecanismo de acción

A nivel bioquímico-molecular, *F. oxysporum* presenta diversos mecanismos de acción que causan daño en diferentes niveles tisulares de la planta de vainilla. Estos mecanismos resultan en el oscurecimiento, marchitez y oxidación del tejido vegetal, lo que finalmente conduce a la muerte de la planta; tal como se evidenció en resultados previos (Fig. 18). Aunque, los mecanismos de acción de este hongo han sido ampliamente investigados en plantas como *Arabidopsis*, tomate y plátano; en función a estos trabajos, es posible complementar esta información con algunos de los resultados obtenidos dentro de esta investigación.

Como se ha descrito, *F. oxysporum* ingresa a la planta a través de la raíz, teniendo sitios preferenciales de infección inicial como lo es la zona de pelos radiculares (Ramírez-Suero *et al.*, 2010) y colonizando después el córtex, especialmente a través de los espacios intercelulares del apoplasto (Lou *et al.*, 2024; Menna *et al.*, 2021; Gámez-Arjona *et al.*, 2021). El desarrollo de la enfermedad a nivel molecular se inicia cuando Fo activa dos vías de señalización clave: MAPK (proteínas quinasa activadas por mitógenos) y HOG (respuesta de glicerol a alta osmolaridad), mediadas por los genes Fmk1, Mpk1 y Hog1 respectivamente. Cada una de estas vías desempeña funciones específicas durante la infección de *F. oxysporum*. El gen

Fmk1, por ejemplo, está involucrado en la virulencia y en la fusión de hifas, mientras que Mpk1 regula aspectos cruciales de la pared celular, como su integridad y remodelación, así como el crecimiento y fusión de hifas vegetativas. Por su parte, Hog1 se relaciona con la respuesta al estrés y la osmorregulación (Segorbe *et al.*, 2017; Ma *et al.*, 2021), y se ha demostrado que tanto este gen como su activador ascendente (*Psb2*) son esenciales para el desarrollo invasivo del hongo y la producción de conidios morfológicamente normales (Pareek & Rajam, 2017). En complemento, se han identificado también otros genes involucrados en el desarrollo de la enfermedad; como lo son Fgb1, Fga1, Fga2, Fpd1 y FOW2. Los dos primeros codifican las subunidades β y α de la proteína G respectivamente, logrando controlar el crecimiento, desarrollo y virulencia de las hifas, así como su morfogénesis y conidiación. Mientras que Fga2 y Fpd1, por otra parte, juegan un papel crucial en la patogenicidad (García-Enciso *et al.*, 2017).

Aunque existen numerosos genes involucrados en esta interacción (Jackson *et al.* 2024) (Apéndice C), como lo es también Foc4-PP1 que regula el crecimiento fúngico (Liu *et al.*, 2023b); su presencia no es característica de todos los aislados de *F. oxysporum* ya que, dichos genes en ocasiones pueden o no estar presentes en el hongo; de hecho, aislados no patógenos pueden expresar algunos de ellos. Esto ha sido confirmado por estudios; como el realizado por Haapalainen *et al.* (2023), donde se reportó la ausencia de genes asociados a la patogenicidad en cepas de *F. oxysporum* aisladas a partir de bulbos de cebolla (*Allium cepa*) enfermos. Adicionalmente, Luna-Rodríguez *et al.* (2023) encontraron que, de nueve cepas patógenas de *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* evaluadas y aisladas a partir de *V. planifolia*, solo tres tuvieron una copia del gen Xyl3; gen que es normalmente estudiado y utilizado como marcador de virulencia en *Fusarium* spp. En ese sentido *F. oxysporum* muestra una notable diversidad en los mecanismos que emplea para afectar a las plantas ya que su infección y daño no solo está dada por genes que modulan la redirección, la penetración y crecimiento hifal sino también con la codificación de proteínas que suprimen los mecanismos de defensa del huésped (Upsani *et al.*, 2016). Un ejemplo de esto es el gen Xyl3 que fue anteriormente mencionado; gen codificante para la enzima xilanasa, que es clasificada dentro de

las Enzimas Degradadoras de Pared Celular (CWDEs). Otras CWDEs incluyen también a las poligalacturonasas, las pectinasas y proteasas; que también son importantes en la degradación de componentes de esta estructura (De Sain & Rep, 2015). En línea con lo descrito, además de producir enzimas, este hongo también cuenta con genes involucrados en la producción de toxinas que permiten eludir las barreras físicas e inmunes de la planta (Tintor *et al.*, 2020). Estos metabolitos pueden liberarse no solo dentro del hospedero vegetal, sino también en la rizosfera, considerándoseles por tanto como un componente subestimado de la enfermedad causada por *Fusarium* spp.; ya que se ha sugerido que los metabolitos secundarios liberados en la rizosfera por esta especie fúngica, pueden afectar significativamente el crecimiento de las plantas incluso sin una colonización directa de las raíces por parte del patógeno (Manici *et al.*, 2017).

Algunos ejemplos de estas fitotoxinas son el ácido fusárico, la beauvericina y la enniatina A (Portal-González *et al.*, 2021) aunque también se han reportado metabolitos como las fumonisinas, tricotecenos A y B, fusaproliferinas y moniliforminas (Li *et al.*, 2013). De todos los metabolitos derivados, probablemente el más estudiado dentro de la literatura es el ácido fusárico (AF) (Apéndice D) ya que funciona como un factor de virulencia positivo al exhibir actividad fitotóxica e inducir síntomas de marchitez en las plantas (Iqbal *et al.* 2023; Hamida *et al.*, 2024). El AF provoca estrés oxidativo mediada por ROS (Iqbal *et al.* 2024); se ha descrito también que este compuesto actúa en la etapa temprana del desarrollo de la enfermedad antes de la aparición de las hifas fúngicas en los tejidos infectados, instigando la infección de este patógeno (Liu *et al.*, 2020). Además de lo mencionado, el AF está implicado también en la formación de quelatos con iones como el Fe^{3+} , Fe^{2+} , Mn^{2+} , Zn^{2+} , Cu^{2+} (Ruiz *et al.*, 2015) o el Mn^{2+} ; lo que impide que estos nutrientes sean aprovechados en procesos biológicos, alterando así la nutrición de la planta. Esta actividad se deriva del grupo hidroxilo (OH^-) presente en su estructura que actúa como donante de protones y es responsable de sus propiedades ácidas. También se ha demostrado que su cadena lateral de butilo aumenta su lipofilicidad, facilitando su penetración en las membranas celulares y ampliando su efecto como factor de virulencia (Arumugam *et al.*, 2021). La quelación

de estos nutrientes evita así que los iones funcionen en procesos biológicos. Haciéndolo por tanto un factor a considerar no solo por acciones ya mencionadas; sino también por inhibir directamente a bacterias beneficiosas para las plantas (López-Díaz *et al.* 2018).

Retomando la descripción del mecanismo, una vez que *F. oxysporum* establece su red micelial en la zona radicular (fase biotrófica) y comienza la producción de metabolitos fitotóxicos, se disemina en la planta hasta la colonizar el xilema (Warman & Aitken, 2018; da Conceição *et al.*, 2021). La esporulación en estos vasos permite un rápido ascenso a través de la corriente de transpiración. Una vez que los microconidios alcanzan el extremo de un conducto, pueden germinar y crecer en el siguiente, favoreciendo una mayor profusión dentro de la planta (Michielse & Rep, 2009). Cabe mencionar que en este sistema se expresan además genes SIX; los cuales se encargan de secretar pequeñas proteínas efectoras denominadas Secretadas en Xilema (Six), que contribuyen a la virulencia de este hongo (Jangir *et al.*, 2019). Si bien, se ha demostrado que el floema también es propenso a la invasión de *F. oxysporum*, diversos estudios han identificado al nicho del xilema como principal conducto afectado (Srivastava *et al.*, 2024; Li *et al.*, 2019d). Esta observación resulta paradójica, ya que, aunque el floema es más rico en azúcares y otros asimilados nutrimentales como hormonas, péptidos y proteínas (McCubbin & Braun, 2021), la mayoría de los patógenos vasculares tienden a colonizar los vasos xilemáticos, que suelen presentar bajas concentraciones de nutrientes (debido a la alta velocidad de transporte y recambio en el sitio de administración). Dicha discrepancia podría explicarse por las diferencias en la accesibilidad de ambos tipos de elementos dado a que el floema está formado por células vivas con alta presión osmótica, lo que dificulta la penetración del patógeno, mientras que el xilema se compone de elementos traqueales muertos con una presión osmótica relativamente baja, lo que facilita su propagación (Yadeta & Thomma 2013; Malinowski *et al.*, 2024).

Ya ocurrida la invasión en el sistema vascular, las hifas de *F. oxysporum* pueden obstruir estos conductos en una fase necrotrófica, interfiriendo con la absorción de

nutrientes minerales y el transporte de agua (Li *et al.*, 2017; Hou *et al.*, 2020). En ese contexto, los nutrientes minerales desempeñan un papel crucial como componentes estructurales y funcionales (Tewari *et al.*, 2021). Por ejemplo, el Magnesio (Mg) es un elemento indispensable de la molécula de clorofila, asimismo tiene un rol importante en la síntesis de proteínas tras mantener la integridad estructural y funcional de los ribosomas y diversas enzimas (Livigni *et al.*, 2019). El Azufre (S), otro nutriente importante, se encuentra dentro de las membranas fotosintéticas como sulfolípidos y también es un componente clave de los aminoácidos como la cisteína (27 % S), metionina (21 % S), cistina y proteínas (Sharma *et al.*, 2024). Macronutrientes minerales como el Calcio (Ca) son igualmente indispensables, ya que forman parte de la lámina media de la pared celular y, al ser un constituyente de la calmodulina, participa en la transducción de señales y regula varias funciones metabólicas (Sharma *et al.*, 2018). Por otro lado, elementos como Mn desempeñan funciones de cofactor en el complejo generador de oxígeno (OEC) de las plantas, que forma parte del fotosistema 2 (PSII) en la membrana tilacoide. La mayoría del Mn en los cloroplastos está asociado al PSII, desempeñando un papel crucial en el OEC, que es responsable de la división del agua impulsada por la luz durante la fotosíntesis; por lo que este elemento al sufrir las consecutivas reacciones redox permite al OEC extraer electrones y protones del agua y liberar oxígeno molecular en la planta (Lilay *et al.*, 2024). En cuanto a la función del agua en las plantas, está bien reportada su papel en las propiedades mecánicas de estos organismos, así como en todos los procesos metabólicos entre los que se incluyen la fotosíntesis y el ciclo de Krebs (Ilevish, 2023).

En retrospectiva, la ausencia de estos dos factores, sumada a su absorción y el efecto de los metabolitos secretados por el patógeno, provoca un desbalance sobre la homeostasis vegetal. De esto se deriva una disminución de enzimas como CAT y SOD; ocurre una notable disminución sobre los pigmentos fotosintéticos y el crecimiento, así como daños evidentes sobre la membrana celular de *V. planifolia*. Dicho desbalance y efectos consecuentes, son generados gran parte también por las ROS (p. ej. O₂, H₂O₂, OH); los cuales tienden a acumularse en exceso a raíz del decremento sobre la actividad antioxidante mediada por enzimas (p.ej., superóxido

dismutasa, ascorbato peroxidasa y glutatión peroxidasa), nutrientes como el Fe^{2+} que catalizan ROS (H_2O_2) a través de la reacción de Fenton (Halliwell & Gutteridge, 2015) así como por el estallido oxidativo producido como primera línea de defensa en las plantas tras la infección de patógenos (Sahu *et al.*, 2022) como *F. oxysporum*. Esto conlleva a que, las ROS en lugar de desempeñarse factores de señalización y regularización de procesos como el desarrollo de la planta, el metabolismo y la respuesta a condiciones estresantes (Khan *et al.*, 2023); actúen negativamente sobre biomoléculas (es decir, ADN, lípidos y proteínas), afectando las vías fisiológicas celulares, las cascadas de señalización y las propiedades de la membrana. Como resultado, las ROS pueden oxidar al grupo tiol presente en moléculas como péptidos o proteínas (Montrose & Galluzzi, 2019); crear peroxidación lipídica tras atacar ácidos grasos insaturados, el glicerol y enlaces éster encontrados entre los ácidos grasos de los fosfolípidos (Choudhary *et al.*, 2020). O producir daño al ADN a causa de la oxidación de la desoxirribosa, rotura de hebras y una variedad de modificaciones en las bases orgánicas de los nucleótidos y enlaces cruzados ADN-proteína (Sachdev *et al.*, 2021). Dando en consecuencia también la activación de procesos de apoptosis en el tejido (Redza & Averill, 2016).

Aunque a nivel biológico las plantas presentan respuestas de defensa al ataque de patógenos como *F. oxysporum* entre los que se encuentran cambios morfológicos, fisiológicos y bioquímicos que suprimen el crecimiento y la supervivencia del patógeno (Caballo *et al.*, 2019). Tal como es la red de señalización mediadas por interacciones sinérgicas o antagónicas entre el ácido salicílico (SA), el ácido jasmónico (JA), el etileno (ET), el ácido abscísico (ABA) (García-Enciso *et al.*, 2018). O el fortalecimiento de la pared celular debido a la deposición de lignina como mecanismo de resistencia común contra la enfermedad del marchitamiento *por Fusarium* (Sampaio *et al.*, 2020). La rápida expansión de la enfermedad sobre el tejido de *V. planifolia* y otras plantas que pueda infectar; genera que los mecanismos de defensa sean insuficientes para resistir la patogénesis produciendo la muerte. Sirviendo finalmente como reservorio de esporas que se extenderán en el suelo para comenzar de nueva cuenta el ciclo de vida (Fig.36).

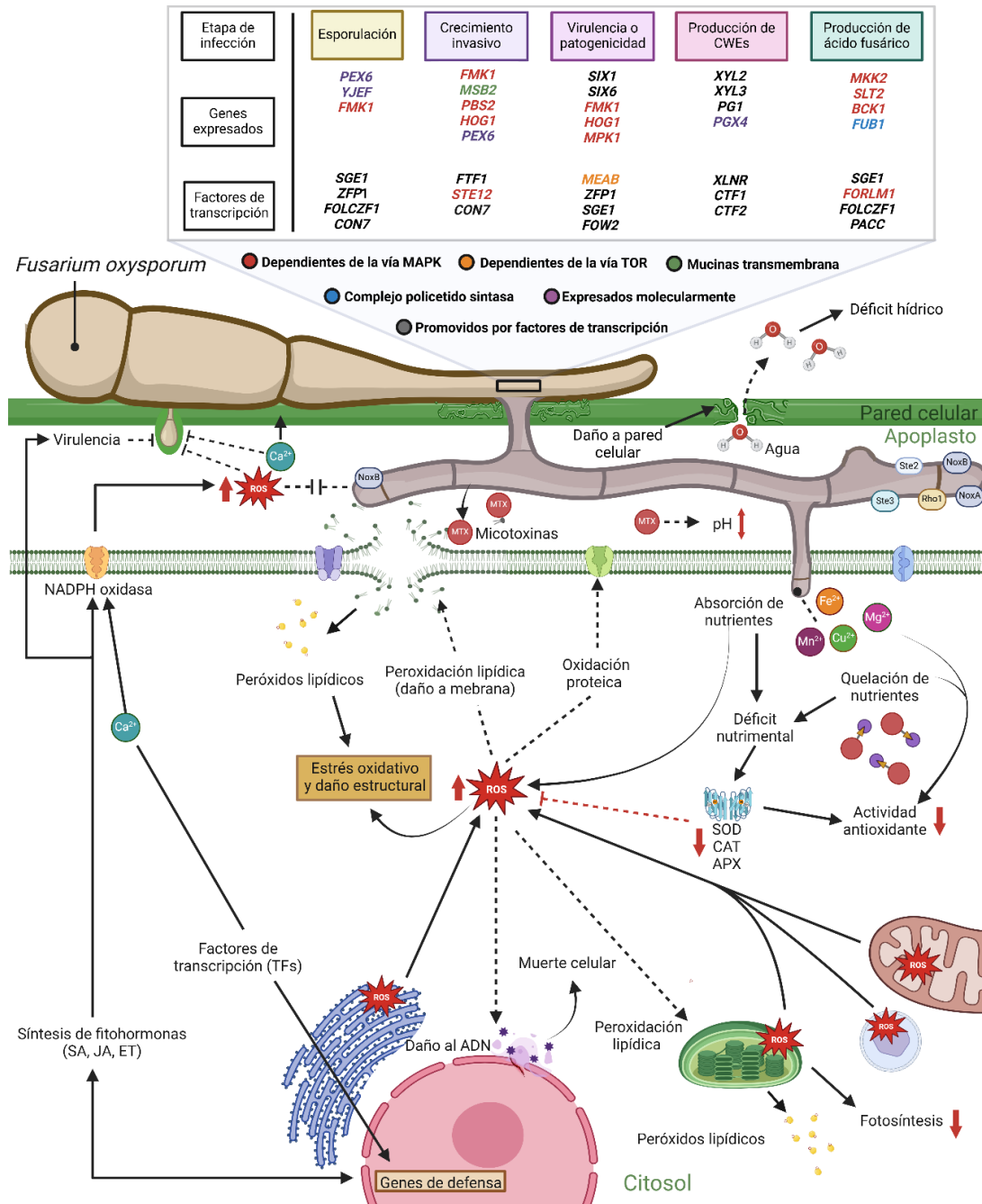


Figura 36. Modelo propuesto del mecanismo de acción general de *Fusarium oxysporum* en plantas

Fusarium oxysporum ingresa a la planta y por medio de mecanismos moleculares y bioquímicos genera que el hospedero vegetal incremente sus niveles de estrés dado a la ruptura de estructuras celulares y la inhibición de la defensa antioxidante; la suma de estos efectos hace imposible la asimilación de ROS, lo que conduce a una muerte celular (elaboración propia).

8. CONCLUSIONES

- Se lograron aislar dos hongos a partir de plantas enfermas de *Vanilla planifolia* Jacks; con síntomas de pudrición de tallo y raíz. De los aislados, se purificó uno con las características morfológicas del género *Fusarium*. El cual fue caracterizado molecularmente como *Fusarium oxysporum*.
- El aislado identificado como *F. oxysporum* representa el primero en ser reportado en el municipio de Axtla de Terrazas dentro de un trabajo de investigación; y el cuarto reportado en la Zona Huasteca, San Luis Potosí.
- De acuerdo con los resultados, se obtuvo que el aislado de *F. oxysporum* mostró un 100% de resistencia al fungicida Manzate® a una concentración de 300 ppm; tras observarse una nula inhibición sobre el micelio. En cuanto a los tratamientos suplementados con PROUD 3® (100 ppm) y Captan (500 ppm), se observó un crecimiento de 4.63 ± 0.35 cm y 4.46 ± 0.41 cm, respectivamente. Se concluyó que estos tratamientos resultaron ser ineficaces para el control del hongo.
- Tras 120 horas de prueba, se obtuvo en un ensayo quimiotópico que *F. oxysporum* exhibió un crecimiento de 2.20 ± 0.17 cm respectivamente en presencia de vainilla. Mientras que en el tratamiento control se estimó un crecimiento 1.73 ± 0.15 cm; lo cual indica un efecto quimioatractivo hacia la especie. Dentro de este experimento, además, se demostró que el aislado solo requiere de humedad para su crecimiento y que no necesita de un medio rico en nutrientes para dejar de ser dañino en la colonización de plantas de vainilla; lo cual puede ser un indicio adaptativo de *F. oxysporum* ante el ambiente.
- *F. oxysporum* no requiere que la planta de *V. planifolia* presenta daños o incisiones sobre su estructura radicular para infectar el tejido.
- En condiciones *ex vitro*, esquejes obtenidos a partir de una planta adulta de *V. planifolia* (± 7 cm) mostraron ligeros signos de daño y oscurecimiento del tejido vegetal a partir del tercer día de haberse inoculado con *F. oxysporum*; con una infección estructural del $9.11 \pm 3.46\%$. Tras 15 días de prueba el

tallo mostró el $100 \pm 0.00\%$ de infección estructural, a este punto se obtuvo la pudrición del mismo; con una pérdida considerable de la turgencia y una mayor deformidad sobre dicho tejido. La muerte de la planta completa fue registrada al día 21 de haberse inoculado el patógeno, esto tras observarse la completa infección de las hojas con una longitud de 11.98 ± 0.02 cm; las cuales presentaron un estado de pudrición en un lapso de 6 días después de haberse mostrado el $100 \pm 0.00\%$ de infección del tallo al día 15.

- El aislado de *F. oxysporum* demostró una mayor patogenicidad en las hojas en comparación con todos los hongos estudiados en trabajos dentro investigaciones realizadas dentro de México. Respecto al tallo, se requeriría realizar esta evaluación con tallos de mayor altura con el fin de dar una valoración más acertada. No obstante, cabe la posibilidad de que el aislado obtenido sea considerado incluso más agresivo que los patógenos de *F. oxysporum* f. sp. *vanillae* reportados a nivel nacional.
- Se conoció que *F. oxysporum*, generó una pérdida de agua del $91.91 \pm 2.89\%$ tras 21 días postinoculación sobre esquejes adultos de *V. planifolia*.
- En condiciones *in vitro* obtenidas por medio de un sistema modular de inmersión temporal (SMIT); vitroplantas de *V. planifolia* inoculadas con *F. oxysporum* (TF), no mostraron crecimiento alguno tras un periodo experimental de 15 días; al presentar un IC= 1 cm respecto al control (IC= 1.26 ± 0.31 cm). Esto mismo sucedió con las plántulas expuestas a filtrados fúngicos al 30 (FCF30) y 15% (FCF15) para los que se obtuvo un IC de 1.05 ± 0.07 y 1.02 ± 0.03 cm respectivamente.
- Vitroplantas de *V. planifolia* exhibieron un daño a nivel bioquímico tras la infección con el patógeno y la exposición a sus filtrados fúngicos, observándose un decremento sobre la clorofila total y los carotenoides del tallo y la hoja. Se observó además una disminución sobre las enzimas CAT y SOD, no obstante, esta última no pareció verse del todo afectada respecto al grupo control a comparación de CAT.

- Los datos obtenidos por medio de la tinción azul de Evans, demostraron que la infección de *F. oxysporum* y sus filtrados de cultivo generan daño sobre la membrana celular vegetal de la planta de vainilla
- Los nutrientes (Ca^{+2} , Fe^{+2} , Mn^{+2} y Cu^{+2}) no mostraron efectos sobre el crecimiento de *F. oxysporum* dado que no se observó un incremento o decremento de su crecimiento respecto a la concentración empleada (20 ppm). Sin embargo, sí se observó por parte del micelio, una absorción principalmente sobre el contenido de Mn^{2+} (1540 ± 0.00 mg/Kg) y una adsorción mayoritariamente de Ca^{2+} (0.86 ± 0.03 mg/L) frente al resto de los nutrientes.
- A través de una prueba *in vitro* de antagonismo, se obtuvo que, tras 72 horas, *F. oxysporum* presentó una inhibición del $49.64 \pm 1.65\%$ por acción de *T. harzianum* (PROCIGO); y un $100 \pm 0.00\%$ de antagonismo tras 7 días de prueba. Además, se observó la destrucción *in vitro* de *F. oxysporum* por el hongo antagonista al día 9; lo que convierte a *Trichoderma harzianum* (PROCIGO) en un agente de control biológico eficaz contra la pudrición de tallo y raíz en cultivos de vainilla.

PERSPECTIVAS

- Evaluar la sinergia patogénica de *F. oxysporum* con otros hongos aislados de plantas enfermas de *V. planifolia*.
- Establecer un protocolo para la obtención de plantas resistentes de *V. planifolia* a *F. oxysporum* en la Huasteca Potosina.
- Evaluar la patogenicidad del aislado en plantas de *V. planifolia* relativamente más grandes a las empleadas en este estudio con el fin de comprobar su mayor patogenicidad respecto a otros aislados obtenidos a nivel nacional.
- Hacer un muestreo de aislados de *Fusarium* spp. dentro de la Zona Huasteca para determinar y hacer un registro de incidencia de la enfermedad sobre los cultivos de vainilla.
- Hacer un estudio de la patogenicidad de los aislados de *Fusarium* spp. en plantas de vainilla.
- Explorar la presencia de posibles cepas de *Fusarium* spp. endófitas de plantas de vainilla y determinar la transferencia horizontal de genes patógenos.
- Realizar un análisis de los metabolitos que produce el aislado y ver su papel en la patogenicidad sobre plantas de vainilla.
- Evaluar y comprobar la participación de la quelación de macro y micronutrientes por ácido fusárico sobre la disponibilidad de los mismos en plantas.
- Evaluar de manera más específica la quimiotropia de *F. oxysporum* en plantas de *V. planifolia*.
- Comprobar de forma *in vivo* la efectividad de la cepa de *Trichoderma harzianum* (PROCIGO) en plantas de *V. planifolia*.

APÉNDICE A

Solución madre para preparar medio de Vogel (Vogel, 1956).

Constituyentes	Fórmula	Cantidad
1. Sales de Vogel 50x		750 mL de agua destilada
1.1. Citrato de Sodio	$\text{Na}_3\text{C}_6\text{H}_5\text{O}_7 \cdot 2 \text{H}_2\text{O}$	150 g
1.2. Fosfato de Potasio	$\text{KH}_2\text{PO}_4 \cdot \text{anhidro}$	250 g
1.3. Nitrato de Amonio	$\text{NH}_4\text{NO}_3 \cdot \text{anhidro}$	100 g
1.4. Sulfato de Magnesio	$\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$	10 g
1.5. Cloruro de Calcio	$\text{CaCl}_2 \cdot 2 \text{H}_2\text{O}$	5 g
Añadir con agitación:		
1.6. Solución de elementos traza		5 mL
1.7. Solución de biotina ¹		2.5 mL

1. La solución de biotina se prepara a una concentración de 5 mg diluidos en 50 mL de agua destilada

Constituyentes	Fórmula	Cantidad
2. Solución de elementos traza		95 mL de agua destilada
2.1. Ácido cítrico	$\text{C}_6\text{H}_8\text{O}_7 \cdot 1 \text{H}_2\text{O}$	5 g
2.2. Sulfato de Zinc	$\text{ZnSO}_4 \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$	5 g
2.3. Sulfato de Amonio Ferroso	$\text{Fe}(\text{NH}_4)_2(\text{SO}_4)_2 \cdot 6 \text{H}_2\text{O}$	1 g
2.4. Sulfato de Cobre	$\text{CuSO}_4 \cdot 5 \text{H}_2\text{O}$	0.25 g
2.5. Sulfato de Manganeso	$\text{MnSO}_4 \cdot 1 \text{H}_2\text{O}$	0.05 g
2.6. Ácido Bórico	$\text{H}_3\text{BO}_3 \cdot \text{anhidro}$	0.05 g
2.7. Molibdato de Sodio	$\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2 \text{H}_2\text{O}$	0.05 g

APÉNDICE B

Secuencia genómica de *Fusarium oxysporum* obtenida por ITS4

```
NNACTGGGGAAATCTACCTGATCCGAGGTCAACATTTCAGAAAGTTGGGGTTTAACGGCGTGG
CCGCGACGATTACCAAGTAACGAGGGTTTTACTACTACGCTATGGAAGCTCGACGTGACCGC
CAATCAATTTGAGGAACGCGAATTAACGCGAGTCCCAACACCAAGCTGTGCTTGAGGGTTG
AAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGA
TTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTGCTGCGTTCTTCATCGA
TGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTTATTTATGGTTTTACTCAGAAGTTA
CATATAGAAACAGAGTTTAGGGGTCCTCTGGCGGGCCGTCCCGTTTTACCGGGAGCGGGCT
GATCCGCCGAGGCAACAAGTGGTATGTTACAGGGGTTTGGGAGTTGTAAACTCGGTAATG
ATCCCTCCGCTGGTTCACCAACGGAGACCTTGTTACGACTTTTACTTCCAA
```

APÉNDICE C

Lista de genes de *Fusarium oxysporum* estudiados mediante análisis de mutantes. Los ID de genes se proporcionan en el genoma de referencia de Fol 4287. Los ID de genes homólogos en otras cepas se obtuvieron utilizando NCBI BLAST. **Fo**= *Fusarium oxysporum*; **Fol**= *Fo* f. sp. *licopersici*; **Fom**= *Fo* f. sp. *Melónis*; **Focuc**= *Fo* f. sp. *cucumerinum*; **Foc**= *Fo* f. sp. *cubense*; **Forl**= *Fo* f. sp. *radicis-lycopersici*; **Focon**=, *Fo* f. sp. *conglutinanos*; **Forc**= *Fo* f. sp. *radicis-cucumerinum*; **Fon**= *Fo* f. sp. *niveum*; **Fov**= *Fo* f. sp. *vasinfectum*; **Fop**= *Fof*. sp. *phaseoli*; **Foe**= *Fo* f. sp. *erythroxyli* (Jackson *et al.* 2024).

ID del gen (Fol 4287)	Nombre	Descripción	Tipo de mutante	Crecimiento de hifa vegetativa	Tolerancia al estrés	Macroconidio	Microconidio/ tasa de esporulación	Hidrofobicidad superficial	Crecimiento invasivo	Virulencia	Producción de ácido fusarico	Cadena	Organismo probado	Referencias
FOXG_08140+A3:N6	FMK1	MAPK	Eliminación de HR; RNAi	Reducido	Sin cambio	Reducido	Sin cambio	Perdidio	Perdidio	Reducido	No evaluado	Fol 10270; Fol 4287	Tomate	Di Pietro, <i>et al</i> (2001); Prados Rosales & Di Pietro (2008); Pareek & Rajam, (2017); Segorbe <i>et al.</i> (2017)
FOXG_06318	HOG1	MAPK	Eliminación de HR; RNAi	Sin cambio	Incrementa la tolerancia al estrés oxidative y decrementa la tolerancia al estrés osmótico	Sin cambio	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270; Fol 4287	Tomate	Pareek & Rajam, M. V. (2017); Segorbe <i>et al.</i> (2017)
FOXG_03107	PBS2	MAPK	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270	Tomate	Pareek & Rajam, M. V. (2017)
FOXG_05092	MPK1/SLT2	MAPK	Eliminación de HR	Reducido	Reduce la tolerancia a la pared celular y al estrés oxidativo.	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	Fol 4287; Foc TR4 XJZ2	Tomate; plátano	Segorbe <i>et al.</i> (2017); Turrà <i>et al.</i> (2015); Ding <i>et al.</i> (2015)
FOXG_09254	MSB2	Mucin-type transmembrane protein	Eliminación de HR	Disminuido on MM with NO3	Sensibilidad incrementada a CWDE	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Pérez-Nadales & Di Pietro (2011)
FOXG_06120	SHO1	Tetraspan transmembrane protein	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Pérez-Nadales & Di Pietro (2015)
FOXG_08078	RHO1	Rho-type GTPase	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Turrà <i>et al.</i> (2015); Martínez-Rocha <i>et al.</i> (2008); Reyes-Medina & Macías-Sánchez (2015)
FOXG_02117	MKK2	MAPKK	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida a la pared celular y al estrés oxidativo.	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	Fol 4287; Foc TR4 XJZ2	NA	Turrà <i>et al.</i> (2015); Ding <i>et al.</i> (2015)
FOXG_13835	BCK1	MAPKKK	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida a la pared celular y al estrés oxidativo.	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	Fol 4287	NA	Turrà <i>et al.</i> (2015); Ding <i>et al.</i> (2015)
FOXG_10633	STE2	G protein-coupled receptor	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Turrà <i>et al.</i> (2015);
FOXG_05521	STE7	MAPKK	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Fol 4287	NA	Turrà <i>et al.</i> (2015);
FOXG_09411	STE11	MAPKKK	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Fol 4287	NA	Turrà <i>et al.</i> (2015);
FOXG_01684	FHK1	Histidine kinase	Eliminación de HR	Sin cambio	Tolerancia reducida a al estrés oxidativo y osmótico	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Rispail & Di Pietro (2010)
FOXG_00578	CZF1	C2H2 zinc finger transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Hiperelongación, sin diferencia de velocidad	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Fol 4287	Tomate	Ding <i>et al.</i> (2015); Yun <i>et al.</i> (2019)
FOXG_08082	IME2	Protein kinase	Eliminación de HR	Reducido	Sin cambio	Sin cambio	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fon race 1	Sandía	Xiao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_07912	PTC6	Phosphatase	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Incrementado a pH 5	Reducido	No evaluado	Fol	Tomate	Nunez-Rodriguez <i>et al.</i> (2020)
FOXG_01836	MSG5	Protein phosphatase	Eliminación de HR	Reducido	Sin cambio	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Fernandes <i>et al.</i> (2021)
FOXG_18412	TOR1	Serine/threonine protein kinase	RNAi	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol BNCC114534	Papa	Li <i>et al.</i> (2022a); López-Berges <i>et al.</i> (2010)
FOXG_15946	TOR2	Serine/threonine protein kinase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo de Papa	N/A	Li <i>et al.</i> (2021)
FOXG_05528	SNF1	Adenosine monophosphate-activated protein kinase	Eliminación de HR	Sin cambio en glucosa, Reducido en otros medios	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fo O-685	Arabidopsis y Repollo	Li <i>et al.</i> (2022a); Ospina-Giraldo <i>et al.</i> (2003)
FOXG_09708	SAH1	Salicylate hydroxylase	RNAi	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol BNCC114534	Papa	Li <i>et al.</i> (2022a)
FOXG_03165	FNR1/AREA	GATA transcription factor	Eliminación de HR	Reducción sobre el nitrato como única fuente de nitrógeno	Tolerancia incrementada al clorato.	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio (Incrementado bajo alto contenido de amonio)	Reducido	No evaluado	Fol race 2; Fol 4287	Tomate	López-Berges <i>et al.</i> (2010); 219]
FOXG_02277	MEAB	bZIP transcription factor	Eliminación de HR	Reducción en fuentes secundarias de nitrógeno.	Reducción de la tolerancia al clorato	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Penetración incrementada bajo alto contenido de amonio	Reducido (Incrementado bajo alto contenido de amonio)	No evaluado	Fol 4287	Tomate	López-Berges <i>et al.</i> (2010)
FOXG_00980	TIP4	Transcription factor	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fo de Papa	Papa	Li <i>et al.</i> (2021)
FOXG_08379	FKBP12	FK506 binding protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo de Papa	N/A	Li <i>et al.</i> (2021)
FOXG_07552	GRT1	Small GTPase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo 17	NA	Qiu <i>et al.</i> (2022)

FOXG_09460	<i>GRT2</i>	Small GTPase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo 18	NA	Qiu <i>et al.</i> (2022)
FOXG_00582	<i>SCH9</i>	AGC family kinase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo 19	NA	Qiu <i>et al.</i> (2022)
FOXG_08258	<i>TAP42</i>	Phosphotase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo 20	NA	Qiu <i>et al.</i> (2022)
FOXG_09359	<i>FGA1</i>	G protein α subunit	Eliminación de HR	Diferencias en el diámetro del cambin y la forma de las hifas	Tolerancia incrementada al estrés térmico	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc F9	Pepino	Jain <i>et al.</i> (2002)
FOXG_06321	<i>FGA2</i>	G protein α subunit	Eliminación de HR	Sin cambio	Tolerancia al calor incrementada	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc F9	Pepino	Jain <i>et al.</i> (2005)
FOXG_11532	<i>FGB1</i>	G protein β subunit	Eliminación de HR	Incrementado	Resistencia incrementada al calor.	No evaluado	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Focuc F9; Fol 4287	Pepino; Tomate	Jain <i>et al.</i> (2002); Delgado-Jarana <i>et al.</i> (2005)
FOXG_03067	<i>CPKA</i>	Cyclic AMP-dependent protein kinase A	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Reducido	Perdido	No evaluado	Fo O-685	Arabidopsis thaliana	Kim <i>et al.</i> (2011)
FOXG_03261	<i>RSR1</i>	Ras-related small GTPase	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	Defectos	Disminuido	No evaluado	No evaluado	Disminuido	Disminuido	Fo f. sp. ginseng 0083	Cultivar ginseng Damaya	Yang <i>et al.</i> (2023a)
FOXG_00470	<i>VPS9</i>	Guanine nucleotide exchange factor (GEF)	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Li <i>et al.</i> (2019b)
FOXG_09392	<i>VPS21</i>	Small Ras-related GTPase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Li <i>et al.</i> (2019b)
FOXG_01632	<i>TSC2</i>	GTPase-activating protein (GAP)	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a la pared celular y al estrés térmico	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Navarro-Velasco <i>et al.</i> (2023)
FOXG_05961	<i>FBP1</i>	F-box protein	Eliminación de HR	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Miguel-Rojas & Hera (2016).
FOXG_00058	<i>FRP1</i>	F-box protein	Eliminación de HR	Reducido sobre ciertas fuentes de carbono	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol Fol 007	Tomate	Duyvesteijn <i>et al.</i> (2005); Jonkers <i>et al.</i> (2009)
FOXG_05529	<i>ICL1</i>	Isocitrate lyase	Eliminación de HR	Reducido sobre ciertas fuentes de carbono	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol Fol 007	Tomate	Jonkers <i>et al.</i> (2009)
FOXG_15663	<i>DOA1</i>	Ubiquitin-binding cofactor	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a la pared celular y al estrés oxidativo	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Noman <i>et al.</i> (2009)
FOXG_01907	<i>DOA4</i>	Deubiquitinase	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida a fungicidas, pared celular y estrés oxidativo	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Noman <i>et al.</i> (2009)
FOXG_00013	<i>CCH1</i>	Voltage-gated Ca2+ channel $\alpha 1$ subunit	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo O-685	NA	Kim <i>et al.</i> (2015)
FOXG_11454	<i>YVC1</i>	Ca2+ channel	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo O-685	NA	Kim <i>et al.</i> (2015)
FOXG_01473	<i>MID1</i>	Stretch-activated Ca2+ channel	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo O-685	NA	Kim <i>et al.</i> (2015)
FOXG_07814	<i>CNA1</i>	Calcineurin catalytic subunit	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Tabiques distribuidos de forma anormal; conidación reducida	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Hou <i>et al.</i> (2020)
FOXG_01489	<i>CNB1</i>	Calcineurin regulatory subunit	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Tabiques distribuidos de forma anormal; conidación reducida	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Hou <i>et al.</i> (2020)
FOXG_05428	<i>CK1</i>	Casein kinase	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Mariscal <i>et al.</i> (2022)
FOXG_09534	<i>FVS1</i>	Sterile alpha motif (SAM) domain protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fom Mel02010	Melón	lida <i>et al.</i> (2014)
FOXG_11292	<i>FOW1</i>	Mitochondrial protein of unknown function	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Disminución de la colonización	Reducido	No evaluado	Fol	Tomate	Inoue <i>et al.</i> (2002)
FOXG_07685	<i>FPD1</i>	Unknown function	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol race 2 880621a-1	Tomate	Kawabe <i>et al.</i> (2004)
FOXG_11503	<i>CON7-1</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	Incrementa la tolerancia al estrés oxidativo, reducción de la tolerancia al estrés de membrana	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Ruiz-Roldán <i>et al.</i> (2015)
FOXG_12510/FOXG_14029	<i>CON7-2</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Ruiz-Roldán <i>et al.</i> (2015)
FOXG_01993	<i>SNT2</i>	BAH/PHD transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fom (race 1,2)	Melón	Denisov <i>et al.</i> (2011)
FOXG_05408	<i>EBR1</i>	Zn2Cys6 transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Multiple Fol s	Tomate	Jonkers <i>et al.</i> (2014)
FOXG_01740	<i>PRO1</i>	GATA transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Palos-Fernández <i>et al.</i> (2022)
FOXG_01690	<i>FSO1</i>	Unknown function	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Reducido	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Prados Rosales & Di Pietro (2008)
FOXG_08063	<i>ACE2</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Sin cambio	Foc TR4 II5	Plátano	Ding <i>et al.</i> (2024)
FOXG_01955	<i>ZFP1</i>	Zinc-finger transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo PkF01	<i>Polygonatum kingianum</i>	Su <i>et al.</i> (2024)
FOXG_08584	<i>NOT2</i>	CCR4-Not complex subunit	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Dai <i>et al.</i> (2015)
FOXG_01180	<i>GCN5</i>	Histone acetyltransferase	Eliminación de HR	Reducido	Incrementado	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4 B2	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2022)

FOXG_11273	VEA	Velvet protein	Eliminación de HR	Reducido	Incremento de la tolerancia a la pared celular y al estrés osmótico, disminución de la tolerancia a los fungicidas.	Reducido	Incrementado en Fol; Reducido en Foc & Focub	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287; Focuc FocGD; Foc TR4 58	Tomate; Pepino; Plátano	López-Berges <i>et al.</i> (2013); Li <i>et al.</i> (2015); Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_00016	VELB	Velvet protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Incrementado en Fol; Reducido en Foc	Reducido	No evaluado	Reducido	Incrementado	Fol 4287; Foc TR4 58	Tomate; Plátano	López-Berges <i>et al.</i> (2013); Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_02050	VELC	Velvet protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	López-Berges <i>et al.</i> (2013)
FOXG_00975	LAEA	Methyltransferase	Eliminación de HR	Incrementado	No evaluado	Incrementado en Foc	Reducido en Fol; Incrementado microconidios en Foc	Reducido	Sin cambio in roots, Reducido in stems	Reducido	Reducido	Fol 4287; Foc TR4 58	Tomate; Plátano	López-Berges <i>et al.</i> (2013); Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_17052	MEDA(a)	Transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Sin cambio en las microconidias, sin cambio en las clamidosporas	Sin cambio	No evaluado	Incrementado	Incrementado	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_10430	REN1/MEDA(b)	Transcription factor	Eliminación de HR; RNAi	Sin cambio	No evaluado	Reducido en Fom; Sin cambio en Foc	Reducido en Fol y Fom; Sin cambio en Foc	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Fol 4287; Fom Mel02010; Foc TR4 58	Tomate; Sandía; Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023); Ohara <i>et al.</i> (2004); Qian <i>et al.</i> (2024)
FOXG_00850	ABA1/ABAA-L	TEA/ATTS transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Microconidias reducidas, clamidosporas incrementadas	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Fol 4287; Foc TR4 58	Tomate; Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023), Qian <i>et al.</i> (2024)
FOXG_05239	WETA-L	Transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Microconidias reducidas, clamidosporas incrementadas	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_05278	STUA	bHLH trnscription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Microconidias reducidas, clamidosporas incrementadas	Reducido	Sin cambio	Reducido	Reducido	Fom Mel02010; Foc TR4 58	Melón; plátano	Lu <i>et al.</i> (2023), Ohara & Tsuge (2004)
FOXG_08482	FLBA	Regulator of G protein signaling domain protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Microconidias y clamidosporas reducidas	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Sin cambio	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_00073	FLBB	bZIP transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio en las microconidias, se incrementaron las clamidosporas	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Incrementado	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_01756	FLBC	Zinc finger transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Incrementado	Microconidias reducidas, clamidosporas incrementadas	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_04220	FLBD	Myb-like transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Microconidias y clamidosporas reducidas	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_05362	FLUG	Glutamine synthetase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Sin cambio	Foc TR4 58	Plátano	Lu <i>et al.</i> (2023)
FOXG_01859	PUF1	Pumilio family protein	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	Reducido, menos septos	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_02224	PUF2	Pumilio family protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Menos septos	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_07983	PUF3	Pumilio family protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido, menos septos	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_00799	PUF4	Pumilio family protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Menos septos	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_01770	PUF5	Pumilio family protein	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Menos septos	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_00261	PUF6	Pumilio family protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Menos septos	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_12791	ARP3	ARP2/3 complex subunit	RNAi	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)]
FOXG_11105	ARC18	ARP2/3 complex subunit	Eliminación de HR	No evaluado	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Miller & Olivas (2011)
FOXG_02214	QIP	AGO-interacting exonuclease	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Focon A8 (race 1)	Repollo	Cheng <i>et al.</i> (2015)
FOXG_09093	DCL1	Dicer-like endonuclease	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Tomate; Plátano	Li <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_13826	DCL2	Dicer-like endonuclease	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Tomate; Plátano	Li <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_03010	QDE2	Argonaute (AGO) protein	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	Reducido	No evaluado	Perdidio	Reducido	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Tomate; Plátano	Li <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_11759	FOIG_15013	Glycosyl hydrolase	Eliminación de HR	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Tomate	Li <i>et al.</i> (2022b)

-	<i>milR87</i>	microRNA-like small RNA	Eliminación de HR	No evaluado	Reducción de la tolerancia al estrés osmótico y de membrana	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Perdido	Reducido	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Tomate	Li <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_16833	<i>milR106</i>	microRNA-like small RNA	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Plátano	Xie <i>et al.</i> (2024)
FOXG_03668	<i>PMT1</i>	Protein O-mannosyltransferase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Demorado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc CGMCC3.2830	Pepino	Xu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_11176	<i>PMT2</i>	Protein O-mannosyltransferase	Conditional mutant	Reducido	No evaluado	Reducido	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc CGMCC3.2830	Pepino	Xu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_00440	<i>PMT4</i>	Protein O-mannosyltransferase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Más ramificaciones	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc CGMCC3.2830	Pepino	Xu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_11304	<i>PAT1</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sensibilidad incrementada al estrés oxidativo	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_06235	<i>PAT2</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sensibilidad incrementada al estrés oxidativo	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_07613	<i>PAT3</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sensibilidad incrementada al estrés oxidativo	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_02420	<i>PAT4</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sensibilidad incrementada al estrés oxidativo	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido in Forl but not Fol	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_03335	<i>PAT5</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sin cambio	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_03646	<i>PAT6</i>	Palmitoyl transferase	Eliminación de HR	Reducido	Sin cambio	Shorter and with menos septos	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_00780	<i>AP-2α</i>	AP-2 complex subunit	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a CWDEs	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_08330	<i>AP-2β</i>	AP-2 complex subunit	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a CWDEs	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_04448	<i>AP-2μ</i>	AP-2 complex subunit	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a CWDEs	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_08592	<i>AP-2σ</i>	AP-2 complex subunit	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a CWDEs	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Xiong <i>et al.</i> (2023)
FOXG_00140	<i>PDI1</i>	Protein disulfide isomerase	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida al estrés del RE.	Sin cambio	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_08535	<i>PDI2</i>	Protein disulfide isomerase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_01620	<i>PDI3</i>	Protein disulfide isomerase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_08898	<i>PDI5</i>	Protein disulfide isomerase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_18919	<i>PDI6</i>	Protein disulfide isomerase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_05711	<i>ERO1</i>	ER oxidoreductase	RNAi	Sin cambio	Tolerancia reducida al estrés del RE.	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_00281	<i>NST1</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_01835	<i>NST2</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Crecimiento reducido en medio mínimo	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular y del RE	Reducido	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_10511	<i>NST3</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés de la pared celular	Sin cambio	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_07703	<i>NST4</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés de la pared celular	Sin cambio	Morfológicamente diferente	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_00005	<i>NST5</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés de la pared celular	Sin cambio	Morfológicamente diferente	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_18886	<i>NST6</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés de la pared celular	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_10351	<i>NST7</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Sin cambio	Tolerancia incrementada al estrés de la pared celular	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_06419	<i>NST8</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_10353	<i>NST9</i>	Nucleotide sugar transporter	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	Reducido	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Gao <i>et al.</i> (2022)
FOXG_07574	<i>PARP1</i>	Poly(ADP-ribose) polymerase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducción del crecimiento invasivo, sin cambios en la capacidad de penetración	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Wang <i>et al.</i> (2024)

FOXG_05947	<i>PARG1</i>	Poly(ADP-ribose) glycohydrolase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Wang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_01025	<i>KIN4</i>	Protein kinase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducción del crecimiento invasivo, sin cambios en la capacidad de penetración	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Wang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_02319	<i>VAM7</i>	SNARE protein	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Li <i>et al.</i> (2019c)
FOXG_00919	<i>SSO1</i>	SNARE protein	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés de la membrana	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Fang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_05496	<i>SSO2</i>	SNARE protein	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Fang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_03343	<i>SNC1</i>	SNARE protein	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia incrementada al estrés osmótico	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Fang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_03624	<i>ATG3</i>	Ub-like-conjugating enzyme	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Perdido	No evaluado	Fo (from Papa)	Papa	Khalid <i>et al.</i> (2019)
FOXG_12665	<i>ATG8</i>	Ubiquitin-like protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol	Tomate	Corral-Ramos <i>et al.</i> (2015)
FOXG_06954	<i>ATG12</i>	Ubiquitin-like protein	Eliminación de HR	Reducido	Sin cambio	No evaluado	Número reducido de microconidios recuperados	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo (from Papa)	Papa y Tomate	Khalid <i>et al.</i> (2021)
FOXG_00164	<i>ATG22</i>	Integral membrane protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol	Papa	Khalid <i>et al.</i> (2019)
FOXG_12762	<i>DBP40</i>	CCCH-type zinc finger protein	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo JLCC31768	Pez cebra	Zhao <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_10529	<i>TUP1</i>	β-transducin repeat protein	Eliminación de HR	Reducido	Incrementa la tolerancia al estrés de la pared celular y CaCl ₂ , reduce la tolerancia al sorbitol y NaCl	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Huang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_10419	<i>MDH1</i>	Malate dehydrogenase 1	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Huang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_10533	<i>MDH2</i>	Malate dehydrogenase 2	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	Sandía	Huang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_01957	<i>ARG1</i>	Argininosuccinate lyase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fom Mel02010	Melón	Namiki <i>et al.</i> (2001)
FOXG_12790	<i>ADH1</i>	Alcohol dehydrogenase	Eliminación de HR	No evaluado	Tolerancia incrementada al alcohol.	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corrales-Escobosa <i>et al.</i> (2011)
FOXG_04251	<i>GNN1</i>	Glycogenin	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corral-Ramos & Roncero (2015)
FOXG_02003	<i>GLS1</i>	Glycogen synthase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corral-Ramos & Roncero (2015)
FOXG_13927	<i>GBE1</i>	Glycogen branching enzyme	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corral-Ramos & Roncero (2015)
FOXG_19222	<i>GPH1</i>	Glycogen phosphorylase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corral-Ramos & Roncero (2015)
FOXG_08364	<i>GDB1</i>	Glycogen de-branching enzyme	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Corral-Ramos & Roncero (2015)
FOXG_10428	<i>STI35</i>	Stress-induced gene	Eliminación de HR	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Ruiz-Roldán <i>et al.</i> (2008a)
FOXG_06124	<i>YJEF</i>	Metabolism damage repair enzyme	Eliminación de HR	Incrementado	Reduce la tolerancia a fungicidas	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Fo f. sp. momordicae SD-1	Calabaza amarga	Wei <i>et al.</i> (2023)
FOXG_04181	<i>NIT1</i>	Nitrate reductase	Eliminación de HR	Reducido en nitrato	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gomez-Gil <i>et al.</i> (2018)
FOXG_03770	<i>NIT2</i>	Nitrate reductase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gomez-Gil <i>et al.</i> (2018)
FOXG_02795	<i>NIT3</i>	Nitrate reductase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gomez-Gil <i>et al.</i> (2018)
FOXG_00635	<i>NTR1</i>	Nitrate/nitrite transporter	Eliminación de HR	Reducido en nitrato	No evaluado	Reducido, menos septos por macroconidios	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gomez-Gil <i>et al.</i> (2018)
FOXG_18811	<i>GAS1</i>	β-1,3-glucanosyltransferase	Eliminación de HR	Reducida en medios sólidos pero no líquidos	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Caracuel <i>et al.</i> (2005)
FOXG_12436	<i>GNT2</i>	N-glycosyl transferase	Eliminación de HR	Hifas agregadas anormalmente	Reducido	Tabiques torcidos aberrantes	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Lopez-Fernandez <i>et al.</i> (2013)
FOXG_05078	<i>CHS1</i>	Chitin synthase	Eliminación de HR	Algunos compartimentos hifales contienen hasta cuatro núcleos	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Incrementado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Martín-Udíroz <i>et al.</i> (2004)
FOXG_10443	<i>CHS2</i>	Chitin synthase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Incrementado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Martín-Udíroz <i>et al.</i> (2004)
FOXG_10314	<i>CHS7</i>	Chitin synthase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	Incrementado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Martín-Udíroz <i>et al.</i> (2004)
FOXG_04162	<i>CHSV</i>	Chitin synthase	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	No evaluado	Producción reducida	No evaluado	Perdido (incapaz de crecer invasivamente)	Perdido (incapaz de crecer invasivamente)	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Madrid <i>et al.</i> (2003)
FOXG_04163	<i>CHSVB</i>	Chitin synthase	Eliminación de HR	Reducido; hifas de forma anormal	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	No evaluado	Microconidios con forma de limón	No evaluado	Perdido (incapaz de crecer invasivamente)	Perdido (incapaz de crecer invasivamente)	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Martín-Udíroz <i>et al.</i> (2008)

FOXG_06111	<i>OCH1</i>	α -1,6-mannosyltransferase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4 XJZ2	Plátano	Li <i>et al.</i> (2014)
FOXG_10530	<i>ERG3</i>	C-5 sterol desaturase	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo (from Soja)	Soja	Han <i>et al.</i> (2023)
FOXG_13733	<i>CPM11</i>	Phosphomannose isomerase	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés de la pared celular	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Usman <i>et al.</i> (2023)
FOXG_03721	<i>GLS2</i>	β -1,3-glucan synthase subunit	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo f. sp. lini	Lino	Wei-na & Zhan-ming <i>et al.</i> (2024)
FOXG_08852	<i>GFSB</i>	Galf-transferase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc	Pepino	Zhou <i>et al.</i> (2021)
FOXG_13703	<i>UGMA</i>	UDP-galactopyranose mutase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Focuc CGMCC3.2830	Pepino	Zhou <i>et al.</i> (2021)
FOXG_07702	<i>UGMB</i>	UDP-galactopyranose mutase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Focuc	Pepino	Zhou <i>et al.</i> (2021)
FOXG_15645	<i>SRPK1</i>	Serine/arginine protein kinase	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Zhang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_17180	<i>FOXG_17180</i>	Catalase-peroxidase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Zhang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_15294	<i>FOXG_15294</i>	Catalase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Zhang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_13788	<i>FOXG_13788</i>	Peroxidase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Zhang <i>et al.</i> (2023)
FOXG_06022	<i>LCC1</i>	Laccase	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Cañero & Roncero (2008a)
FOXG_07915	<i>LCC3</i>	Laccase	Eliminación de HR	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Cañero & Roncero (2008a)
FOXG_05006	<i>LCC5</i>	Laccase	Eliminación de HR	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Cañero & Roncero (2008a)
FOXG_18438	<i>Fo18438</i>	Beta-lactamase	Eliminación de HR	Reducida con <i>B. ambifaria</i>	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Soja	Chang <i>et al.</i> (2021)
FOXG_06370	<i>CLC1</i>	Voltage-gated chloride channel	Eliminación de HR	No evaluado	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Cañero & Roncero (2008b)
FOXG_15850	<i>RAD21NC</i>	Mitotic cohesin complex subunit	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Germinación reducida bajo perturbación del ciclo celular	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Pareek <i>et al.</i> (2019)
FOXG_03390	<i>REC8</i>	Mitotic cohesin complex subunit	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Germinación reducida bajo perturbación del ciclo celular	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Pareek <i>et al.</i> (2019)
FOXG_00882	<i>TFIIS</i>	Transcription elongation factor IIS	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Qian <i>et al.</i> (2024)
FOXG_00063	<i>SMT3</i>	SUMO protein	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida al daño del ADN y a algunos cationes metálicos	Septos reducidos, más cortos y disminuidos	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	NA	Azizullah <i>et al.</i> (2023)
FOXG_09330	<i>AOS1</i>	E1 SUMO-activating enzyme	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida al daño del ADN y a algunos cationes metálicos	Septos reducidos, más cortos y disminuidos	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	NA	Azizullah <i>et al.</i> (2023)
FOXG_05489	<i>UBC9</i>	E2 SUMO-conjugating enzyme	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia a algunos cationes metálicos	Septos reducidos, más cortos y disminuidos	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	NA	Azizullah <i>et al.</i> (2023)
FOXG_03253	<i>MMS21</i>	E3 SUMO ligase	Eliminación de HR	Reducido	Tolerancia reducida al daño del ADN y a algunos cationes metálicos	Septos reducidos, más cortos y disminuidos	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fon race 1 ZJ1	NA	Azizullah <i>et al.</i> (2023)
FOXG_03192	<i>NIIA</i>	Nitrite reductase	Eliminación de HR	Reducido cuando el nitrato es la única fuente de nitrógeno	No evaluado	Reducido	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fom Mel02010	Melón	Iida <i>et al.</i> (2008)
FOXG_11545	<i>CYP51A</i>	Sterol 14 α -demethylase	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia a los estresores químicos	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol LY01	Tomate	Zheng <i>et al.</i> (2019)
FOXG_00394	<i>CYP51B</i>	Sterol 14 α -demethylase	Eliminación de HR	Disminuido	Reducción de la tolerancia a los estresores químicos	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol LY01	Tomate	Zheng <i>et al.</i> (2019)
FOXG_13138	<i>CYP51C</i>	Sterol 14 α -demethylase	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol LY01	Tomate	Zheng <i>et al.</i> (2019)
FOXG_05932	<i>SIR5</i>	Lysine deacetylase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Incrementado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Zhang <i>et al.</i> (2021a)
FOXG_04476	<i>FLP1</i>	Fasciclin-like protein	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270	Tomate	Chauhan & Rajam <i>et al.</i> (2022)
FOXG_03339	<i>FLP3</i>	Fasciclin-like protein	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270	Tomate	Chauhan & Rajam <i>et al.</i> (2022)
FOXG_02361	<i>FLP4</i>	Fasciclin-like protein	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270	Tomate	Chauhan & Rajam <i>et al.</i> (2022)
FOXG_05637	<i>FLP5</i>	Fasciclin-like protein	RNAi	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 10270	Tomate	Chauhan & Rajam <i>et al.</i> (2022)
FOXG_02103	<i>STE12</i>	Homeodomain transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Incrementado en Fol; sin cambio en Fop	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287; Fop SP1, SP2, SP4, SP8; Fo AB82	Tomate; Frijol	Rispail & Di Pietro (2009); García-Sánchez <i>et al.</i> (2010)

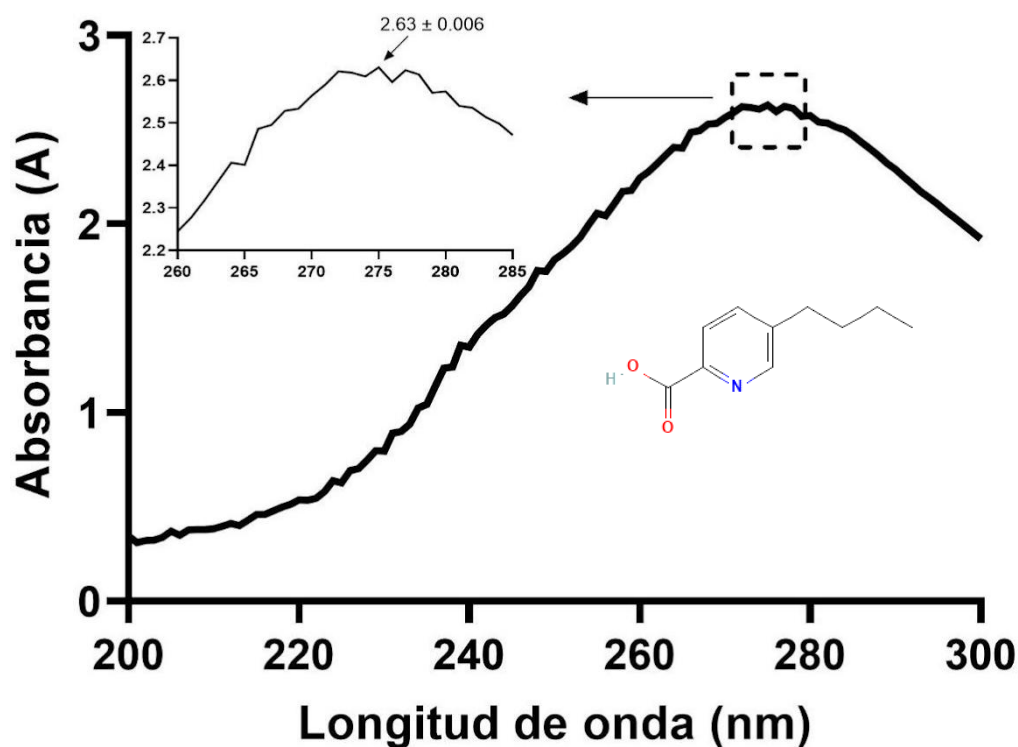
FOXG_04452	SSP1	Small secreted protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Incrementado	Incrementado	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Wang <i>et al.</i> (2022b)
FOXG_01070	NOXA	NADPH oxidase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Nordzieke <i>et al.</i> (2019)
FOXG_12738	NOXB	NADPH oxidase complex subunit	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Nordzieke <i>et al.</i> (2019)
FOXG_11514	NOXR	NADPH oxidase complex subunit	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Nordzieke <i>et al.</i> (2019)
FOXG_15248	FUB1	Polyketide synthase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Fol 4287; Foc TR4 II5	Tomate; Plátano	López-Díaz <i>et al.</i> (2018); Brown <i>et al.</i> (2015); Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_15247	FUB2	Unknown function	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Foc TR4 II5	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_03258	FUB3	Protein kinase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Foc TR4 II5	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_15244	FUB4	Hydrolase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Foc TR4 II5	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_15243	FUB5	Acetyltransferase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Foc TR4 II5	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_21864	FUB10	C6 transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	Foc TR4 II5	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2020)
FOXG_15236	FUBT	Fusaric acid transporter	Eliminación de HR	Reducido en medios inductores de FA	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Fov	NA	Crutcher <i>et al.</i> (2015)
FOXG_21844	Gene_2699	NAD(+)-dependent formate dehydrogenase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4 II5	Plátano	Zhang <i>et al.</i> (2024)
-	Gene_9725	Nitrite reductase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4 II5	Plátano	Zhang <i>et al.</i> (2024)
FOXG_14695	PG1	Endopolygalacturonase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2016)
FOXG_08862	PGX4	Exopolygalacturonase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Garcia-Maceira <i>et al.</i> (2000)
FOXG_13051	PG5	Endopolygalacturonase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Garcia-Maceira <i>et al.</i> (2001)
FOXG_15415	PGX6	Exopolygalacturonase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2016)
FOXG_13191	PGC4	Exopolygalacturonase	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Dong <i>et al.</i> (2020)
FOXG_12263	PRT1	Subtilase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Di Pietro <i>et al.</i> (2001b)
FOXG_07600	LIP1	Lipase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_00147	LIP2	Lipase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_13474	LIP3	Lipase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_09554	LIP5	Lipase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_16927	LIP22	Lipase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_13415	XYL3	Endo-β-1,4-xylanase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gómez-Gómez <i>et al.</i> (2001)
FOXG_15742	XYL4	Endo-β-1,4-xylanase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Gómez-Gómez <i>et al.</i> (2001)
FOXG_04146	XYL5	Endo-β-1,4-xylanase	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Garcia-Maceira <i>et al.</i> (2001)
FOXG_04196	CTF1	Zinc finger transcription factor	Eliminación de HR	Reducido en medios sólidos	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_01610	CTF2	Zinc finger transcription factor	Eliminación de HR	Reducido con ácidos grasos	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Bravo-Ruiz <i>et al.</i> (2013)
FOXG_07527	EG1	Glycosidase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fov	Cotton	Zhang <i>et al.</i> (2021a)
FOXG_17757	CMLE	3-carboxy-cis,cis-muconate lactonizing enzyme	Eliminación de HR	Sin cambio en sacarosa, reducido en otros medios	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Michielse <i>et al.</i> (2012)
FOXG_16418	SIX1/AVR3	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 004, Fol 007, Fol 029; Focon; Foc TR4	Tomate; Repollo; Plátano	Li <i>et al.</i> (2016); Rep <i>et al.</i> (2005); Widinugraheni <i>et al.</i> (2018)
FOXG_16416	SIX2	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Foc TR4 B2	Plátano	An <i>et al.</i> (2019)
FOXG_16398	SIX3/AVR2	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 007	Tomate	Houterman <i>et al.</i> (2009)
FOXG_13910	SIX4/AVR1	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fo 5176; Focon Cong;1-1; Foc TR4	Arabidopsis; Repollo; Plátano	Zhang <i>et al.</i> (2024); Kashiwa <i>et al.</i> (2013); Thatcher <i>et al.</i> (2012)
FOXG_22493	SIX5	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 004, Fol 007	Tomate	Ma <i>et al.</i> (2015)
FOXG_14246	SIX6	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido en Fol y Foc; Incrementado en Fon	No evaluado	Fol 007; Fon; Forc 016	Tomate; Sandía; Pepino	Gawehns <i>et al.</i> (2014); Niu <i>et al.</i> (2016); van Dam <i>et al.</i> (2016)

FOXG_16464/FOXG_17445	<i>SIX8</i>	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4 B2	Plátano	An <i>et al.</i> (2019); Ayukawa <i>et al.</i> (2021)
FOXG_14223	<i>SIX9</i>	Secreted in xylem (SIX) effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Forc 016	Pepino	van Dam <i>et al.</i> (2016)
FOXG_02417	<i>APY1</i>	Aminopeptidase	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Plántulas de Tomate	An <i>et al.</i> (2019)
FOXG_02952	<i>M35_1</i>	Metalloprotease	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo y osmótico	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4 II5	Plátano	Zhang <i>et al.</i> (2021b)
FOXG_15931	<i>SMP1</i>	Metalloprotease	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Forc 016	Pepino	van Dam <i>et al.</i> (2016)
FOXG_16612	<i>MEP1</i>	Metalloprotease	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Jashni <i>et al.</i> (2015)
FOXG_09801	<i>SEP1</i>	Serine protease	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Jashni <i>et al.</i> (2015)
FOXG_01145	<i>SEP2</i>	Serine protease	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fol 4287	NA	Jashni <i>et al.</i> (2015)
FOXG_15240	<i>OASTL</i>	O-acetylhomoserine-lyase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Wang <i>et al.</i> (2020)
FOXG_08636	<i>PP1</i>	α-pheromone precursor	Eliminación de HR	Reducido	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2023b)
FOXG_08602	<i>CUPIN1</i>	Cupin_1 domain-containing protein	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido en Foc	Reducido en Foc	Sin cambio	Fol 4287; Foc TR4 DZ1	Tomate; Plátano	Yan Liu <i>et al.</i> (2022),215]
FOXG_17428	<i>TOM1</i>	Tomatinase	Eliminación de HR	No evaluado	Tolerancia reducida a la alfa tomamina	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Pareja-Jaime <i>et al.</i> (2022)
FOXG_20136	<i>FSE1</i>	Secreted effector	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Incrementado	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Yang <i>et al.</i> (2023b)
FOXG_11456	<i>SVP1</i>	Secreted effector	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Li <i>et al.</i> (2022c)
FOXG_02340	<i>Foc 1324</i>	Secreted effector	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Chang <i>et al.</i> (2020)
FOXG_12173	<i>FOSP9</i>	Secreted effector	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4 B2	Plátano	Guo <i>et al.</i> (2022)
FOXG_08165	<i>NEP1</i>	Secreted protein	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Foe EN-4	<i>Erythroxylum coca</i>	Bailey <i>et al.</i> (2002)
FOXG_12277	<i>SSP17</i>	Small secreted protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4 II5	Plátano	Wang Guo <i>et al.</i> (2023)
FOXG_18527	<i>MC69</i>	Small secreted protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Forl MAFF 103007; Fol CK3-1	Tomate	Sasaki <i>et al.</i> (2022)
FOXG_14703	<i>CEP28</i>	Small secreted protein	Eliminación de HR	Incrementado	Resistencia incrementada al estrés osmótico y de la pared celular	No evaluado	Reducido conidia	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo f. sp. cepae AF22	Cebolla galesa	Sakane <i>et al.</i> (2023)
FOXG_13198	<i>CP1</i>	Cerato-platanin (CP) protein	Eliminación de HR	Reducción del crecimiento aéreo	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Liu <i>et al.</i> (2019)
FOXG_16841	<i>miR1</i>	microRNA-like small RNA	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Ji <i>et al.</i> (2021)
FOXG_00308	<i>ATP SYNTHASEα</i>	ATP synthase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fo d from tobacco	Tobaco	Gai <i>et al.</i> (2022)
FOXG_12372	<i>RNT2</i>	Ribonuclease	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4288	Plántulas de Tomate	Qian <i>et al.</i> (2022)
FOXG_13082	<i>ARL3</i>	Arf family small G protein	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Liu <i>et al.</i> (2019)
FOXG_06395	<i>XLNR</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Calero-Nieto <i>et al.</i> (2007)
FOXG_08626	<i>CLR1</i>	Zinc binuclear transcription factors	Eliminación de HR	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	No evaluado	Incrementado	Incrementado	No evaluado	Fol 4287; Fo Fo5176	Tomate; Arabidopsis	Gámez-Arjona Nieto <i>et al.</i> (2022)
FOXG_02222	<i>PACC</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido a pH alcalino	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	Incrementado	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Caracuel <i>et al.</i> (2003)
FOXG_08353	<i>CRE1</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol Fol 007	Tomate	Jonkers & Rep (2009)
FOXG_11409	<i>SWI6</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc	Plátano	Ding <i>et al.</i> (2018)
FOXG_05886	<i>RLM1</i>	MADS-box transcription factor	Eliminación de HR	Reducción del crecimiento aéreo	Hypersensitive	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc TR4	Plátano	Ding <i>et al.</i> (2020)
FOXG_10510	<i>SGE1</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	Reducido	No evaluado	Reducido	Reducido	Fol; Foc TR4; Foc race 1	Tomate; Plátano	Michiels <i>et al.</i> (2009a),228,229]
FOXG_14257	<i>FTF1</i>	Transcription factor	RNAi (también tiene como objetivo FTF2)	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fop SP1 and SP4	Frijol común	Niño-Sánchez <i>et al.</i> (2016)
FOXG_09390	<i>FTF2</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Incrementado	Reducido sporulation	No evaluado	Sin cambio	Reducido	No evaluado	Fop SP1 and SP4	Frijol común	Niño-Sánchez <i>et al.</i> (2016); Casado-del Castillo <i>et al.</i> (2023)
FOXG_06378	<i>FOW2</i>	Zn(II)2Cys6 transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fom Mel02010	Melón	Imazaki <i>et al.</i> (2007)
FOXG_03318	<i>CTI6</i>	PHD transcription factor	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Michiels <i>et al.</i> (2009b)
FOXG_02054	<i>FOXG_02054</i>	Unknown function (DUF1183)	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Sin cambio	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Michiels <i>et al.</i> (2009b)
FOXG_09487	<i>FOXG_09487</i>	Unknown function	Eliminación de HR	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	Michiels <i>et al.</i> (2009b)
FOXG_03727	<i>WC1</i>	Photoreceptor	Eliminación de HR	No producen hifas aéreas	Recuperación reducida del estrés por la luz ultravioleta	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Sin cambio en Tomate; Reducido in ratón	No evaluado	Fol 4287	Tomate, ratón	Ruiz-Roldán <i>et al.</i> (2008b)

FOXG_07577	<i>HAPX</i>	bZIP transcription factor	Eliminación de HR	Reducido en condiciones de falta de hierro	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	López-Berges <i>et al.</i> (2012)
FOXG_00370	<i>ZAFA</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido bajo deficiencia de Zn	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	Reducido	No evaluado	Fol 4287	Tomate	López-Berges (2020)
FOXG_05265	<i>ATF1</i>	bZIP transcription factor	Eliminación de HR	Sin cambio	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	Smaller and Reducido germination rate	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc race 4 B2	Plátano	Qi <i>et al.</i> (2013)
FOXG_08113	<i>SKN7</i>	Transcription factor	Eliminación de HR	Reducido	Reducción de la tolerancia al estrés oxidativo	No evaluado	Reducido	No evaluado	No evaluado	Reducido	No evaluado	Foc race 4 B2	Plátano	Qi <i>et al.</i> (2019)
FOXG_08274	<i>CPR1</i>	Cytochrome P450 reductase	Eliminación de HR	Sin cambio	No evaluado	Sin cambio	Sin cambio	No evaluado	No evaluado	No evaluado	No evaluado	Fo JLCC31768	Tomate	He <i>et al.</i> (2021)

APÉNDICE D

Detección de Ácido fusárico por espectrofotometría UV-Vis



A partir de un cultivo líquido (PDB) de *F. oxysporum* de 15 días de crecimiento y mantenido bajo temperatura ambiente, se llevó a cabo una extracción empleando acetato de etilo; esto basándose en lo descrito por Hamida *et al.* (2023) y Wu *et al.* (2008) para la extracción de ácido fusárico. Para ello, después del lapso establecido, el cultivo fue pasado por medio de un filtro Whatman No.2 con el objetivo de remover el micelio; seguido de esto, se ajustó el pH del filtrado a ± 2 utilizando HCl 2 M. Ajustado el pH, se tomó una alícuota de 25 mL del filtrado, misma que fue resuspendida en una misma cantidad de acetato de etilo. La solución fue agitada vigorosamente durante 2 minutos y posteriormente se dejó en reposo por 30 minutos. El procedimiento anterior se repitió un total de 3 veces; separando en cada ocasión la fase orgánica de la acuosa. Las fases orgánicas fueron recolectadas en

un tubo cónico y luego de esto, la mezcla fue finalmente evaporada a 40 °C en una estufa durante 4 días. El residuo resultante, fue resuspendido en 5 mL de metanol (CTR Scientific, Lot. 91960) y analizado por espectrofotometría UV en un barrido de 200-300 nm. El residuo obtenido tuvo un peso de ± 0.082 g. y se obtuvo un punto máximo de absorción a 275 nm (2.63 ± 0.006).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ab. Kadir, N., Naher, L., & Sidek, N. (2019). Economical important phytopathogenic diseases in *Vanilla planifolia*: A review paper. *Journal of Tropical Resources and Sustainable Science (JTRSS)*, 7(2). <https://doi.org/10.47253/jtrss.v7i2.513>
- Abdelaziz, A. M., Attia, M. S., Salem, M. S., Refaay, D. A., Alhoqail, W. A., & Senousy, H. H. (2022). Cyanobacteria-Mediated Immune Responses in Pepper Plants against *Fusarium Wilt*. *Plants*, 11(15). <https://doi.org/10.3390/plants11152049>
- Abdel-Kareem, M. M., Zohri, A. N. A., & Nasr, S. A. E. M. E. (2021). Novel marine yeast strains as plant growth-promoting agents improve defense in wheat (*Triticum aestivum*) against *Fusarium oxysporum*. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 128(4). <https://doi.org/10.1007/s41348-021-00461-y>
- Abdenaceur, R., Farida, B. T., & Fatma, S. H. (2024). Volatile organic compounds activities of *Trichoderma* species isolated from olive grove soil against the wilt pathogen, *Verticillium dahliae*. *European Journal of Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1007/s10658-024-02839-8>
- Acosta-Gonzalez, U., Silva-Rojas, H. v., Fuentes-Aragon, D., Hernandez-Castrejon, J., Romero-Bautista, A., & Rebollar-Alviter, A. (2022). Comparative Performance of Fungicides and Biocontrol Products in the Management of *Fusarium Wilt* of Blackberry. *Plant Disease*, 106(5). <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-21-1742-RE>
- Adame-García, J., Rodríguez-Guerra, R., Iglesias-Andreu, L. G., Ramos-Prado, J. M., & Luna-Rodríguez, M. (2015). Molecular identification and pathogenic variation of *Fusarium* species isolated from *Vanilla planifolia* in Papantla Mexico. *Botanical Sciences*, 93(3). <https://doi.org/10.17129/botsci.142>
- Adnani, M., el Hazzat, N., Msairi, S., el Alaoui, M. A., Mouden, N., Selmaoui, K., Benkirane, R., Ouazzani Touhami, A., & Douira, A. (2024). Exploring the

- efficacy of a *Trichoderma asperellum*-based seed treatment for controlling *Fusarium equiseti* in chickpea. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 34(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-024-00771-x>
- Ahammed, G. J., Li, Z., Chen, J., Dong, Y., Qu, K., Guo, T., Wang, F., Liu, A., Chen, S., & Li, X. (2024). Reactive oxygen species signaling in melatonin-mediated plant stress response. In *Plant Physiology and Biochemistry* (Vol. 207). <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.108398>
- Ahmad, H., Khera, R. A., Hanif, M. A., Ayub, M. A., & Jilani, M. I. (2019). Vanilla. In *Medicinal Plants of South Asia: Novel Sources for Drug Discovery*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-102659-5.00048-3>
- Akram, S., Khan, S. M., Khan, M. F., Khan, H. U., Tariq, A., Umar, U. U. D., & Gill, A. (2018). Antifungal activity of different systemic fungicides against *Fusarium oxysporum* f. sp. *Lycopersici* associated with tomato wilt and emergence of resistance in the pathogen. *Pakistan Journal of Phytopathology*, 30(2). <https://doi.org/10.33866/phytopathol.030.02.0458>
- Alanís Méndez, J. L., Ortiz Santos, L. del C., Chamorro Florescano, I. A., Pech Canché, J. M., & Limón, F. (2019). Pollinators and floral visitors of two orchids in a protected natural area in Tuxpan, Veracruz. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 6(17). <https://doi.org/10.19136/era.a6n17.1922>
- Álvarez, Claudia., Osori, Nelson., & Marín, Mauricio. (2013). Identificación molecular de microorganismos asociados a la rizosfera de plantas de vainilla en Colombia. *Acta Biologica Colombiana*, 18(2).
- An, B., Hou, X., Guo, Y., Zhao, S., Luo, H., He, C., & Wang, Q. (2019). The effector SIX8 is required for virulence of *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* tropical race 4 to Cavendish banana. *Fungal Biology*, 123(5). <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2019.03.001>
- Anandaraj, C. M., Rema, J., Sasikumar, B., Suseela, R., Editors, B., Rajeev, P., Dinesh, R., & Parthasarathy, P. V. A. (2005). *Vanilla* (Extension Pamphlet). Indian Institute of Spices Research.

- Anil, V. S., Bennur, S., & Lobo, S. (2018). Somaclonal variations for crop improvement: Selection for disease resistant variants in vitro. In *Plant Science Today* (Vol. 5, Issue 2). <https://doi.org/10.14719/pst.2018.5.2.382>
- Anthony, K. K., George, D. S., Baldev Singh, H. K., Fung, S. M., Santhirasegaram, V., Razali, Z., & Somasundram, C. (2017). Reactive Oxygen Species Activity and Antioxidant Properties of Fusarium Infected Bananas. *Journal of Phytopathology*, 165(4). <https://doi.org/10.1111/jph.12552>
- Anuradha, K., Shyamala, B. N., & Naidu, M. M. (2013). Vanilla- Its Science of Cultivation, Curing, Chemistry, and Nutraceutical Properties. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 53(12). <https://doi.org/10.1080/10408398.2011.563879>
- Armenta-Montero, S., Menchaca-García, R., Pérez-Silva, A., & Velázquez-Rosas, N. (2022). Changes in the Potential Distribution of *Vanilla planifolia* Andrews under Different Climate Change Projections in Mexico. *Sustainability (Switzerland)*, 14(5). <https://doi.org/10.3390/su14052881>
- Arnon, D. I. (1949). COPPER ENZYMES IN ISOLATED CHLOROPLASTS. POLYPHENOLOXIDASE IN BETA VULGARIS . *Plant Physiology*, 24(1). <https://doi.org/10.1104/pp.24.1.1>
- Arumugam, T., Ghazi, T., Abdul, N. S., & Chuturgoon, A. A. (2020). A review on the oxidative effects of the fusariotoxins: Fumonisin B1 and fusaric acid. In *Toxicology: Oxidative Stress and Dietary Antioxidants*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819092-0.00019-4>
- Asad, S. A., Tabassum, A., Hameed, A., Ul Hassan, F., Afzal, A., Khan, S. A., Ahmed, R., & Shahzad, M. (2015). Determination of lytic enzyme activities of indigenous trichoderma isolates from Pakistan. *Brazilian Journal of Microbiology*, 46(4). <https://doi.org/10.1590/S1517-838246420140787>
- Asim, S., Hussain, A., Murad, W., Hamayun, M., Iqbal, A., Rehman, H., Tawab, A., Irshad, M., Alataway, A., Dewidar, A. Z., Elansary, H. O., & Lee, I. J. (2022). Endophytic *Fusarium oxysporum* GW controlling weed and an effective

- biostimulant for wheat growth. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.922343>
- Asunción García-Sánchez, M., Martín-Rodrigues, N., Ramos, B., de Vega-Bartol, J. J., Perlin, M. H., & Díaz-Mínguez, J. M. (2010). *foxt12*, the *Fusarium oxysporum* homolog of the transcription factor *Ste12*, is upregulated during plant infection and required for virulence. *Fungal Genetics and Biology*, 47(3). <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2009.11.006>
- Attia, M. S., Abdelaziz, A. M., Al-Askar, A. A., Arishi, A. A., Abdelhakim, A. M., & Hashem, A. H. (2022). Plant Growth-Promoting Fungi as Biocontrol Tool against *Fusarium Wilt* Disease of Tomato Plant. *Journal of Fungi*, 8(8). <https://doi.org/10.3390/jof8080775>
- Attia, M. S., El-Wakil, D. A., Hashem, A. H., & Abdelaziz, A. M. (2022). Antagonistic Effect of Plant Growth-Promoting Fungi Against *Fusarium Wilt* Disease in Tomato: In vitro and In vivo Study. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 194(11). <https://doi.org/10.1007/s12010-022-03975-9>
- Ayesha, M. S., Suryanarayanan, T. S., Nataraja, K. N., Prasad, S. R., & Shaanker, R. U. (2021). Seed Treatment With Systemic Fungicides: Time for Review. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 12). <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.654512>
- Ayukawa, Y., Asai, S., Gan, P., Tsushima, A., Ichihashi, Y., Shibata, A., Komatsu, K., Houterman, P. M., Rep, M., Shirasu, K., & Arie, T. (2021). A pair of effectors encoded on a conditionally dispensable chromosome of *Fusarium oxysporum* suppress host-specific immunity. *Communications Biology*, 4(1). <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02245-4>
- Azizullah, Noman, M., Gao, Y., Wang, H., Xiong, X., Wang, J., Li, D., & Song, F. (2023). The SUMOylation Pathway Components Are Required for Vegetative Growth, Asexual Development, Cytotoxic Responses, and Programmed Cell Death Events in *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Journal of Fungi*, 9(1). <https://doi.org/10.3390/jof9010094>

- Azofeifa-Bolaños, J. B., Paniagua-Vásquez, A., & García-García, J. A. (2014). Importancia y desafíos de la conservación de *Vanilla* spp. (Orquidaceae) en Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, 25(1). <https://doi.org/10.15517/am.v25i1.14220>
- Baayen, R. P., & de Maat, A. L. (1987). Passive transport of microconidia of *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* in carnation after root inoculation. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 93(1). <https://doi.org/10.1007/BF01998138>
- Babiye, B., Haile, G., & Adamu, M. (2020). Major Achievements of Plant Biotechnology in Crop Improvements. *American Journal of Life Sciences*, 8(5). <https://doi.org/10.11648/j.ajls.20200805.13>
- Bae, S. J., Mohanta, T. K., Chung, J. Y., Ryu, M., Park, G., Shim, S., Hong, S. B., Seo, H., Bae, D. W., Bae, I., Kim, J. J., & Bae, H. (2016). *Trichoderma* metabolites as biological control agents against *Phytophthora* pathogens. *Biological Control*, 92. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2015.10.005>
- Baghbani, F., Lotfi, R., Moharramnejad, S., Bandehagh, A., Roostaei, M., Rastogi, A., & Kalaji, H. M. (2019). Impact of *Fusarium verticillioides* on chlorophyll fluorescence parameters of two maize lines. *European Journal of Plant Pathology*, 154(2). <https://doi.org/10.1007/s10658-018-01659-x>
- Bagwan, J. D., Patil, S. J., Mane, A. S., Kadam, V. v, & Vichare, S. (2010). GENETICALLY MODIFIED CROPS: FOOD OF THE FUTURE (REVIEW). In *International Journal of Advanced Biotechnology and Research* (Vol. 1, Issue 1).
- Bailey, B. A., Apel-Birkhold, P. C., & Luster, D. G. (2002). Expression of NEP1 by *Fusarium oxysporum* f. sp. *erythroxyli* after gene replacement and overexpression using polyethylene glycol-mediated transformation. *Phytopathology*, 92(8). <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2002.92.8.833>

- Baker, A. J. M. (1984). Environmentally-induced cadmium tolerance in the grass *Holcus lanatus* L. *Chemosphere*, 13(4). [https://doi.org/10.1016/0045-6535\(84\)90153-X](https://doi.org/10.1016/0045-6535(84)90153-X)
- Bakker, P. A. H. M., Ran, L. X., & Mercado-Blanco, J. (2014). Rhizobacterial salicylate production provokes headaches! In *Plant and Soil* (Vol. 382, Issues 1–2). <https://doi.org/10.1007/s11104-014-2102-0>
- Baqueiro-Peña, I., & Guerrero-Beltrán, J. Á. (2017). Vanilla (*Vanilla planifolia* Andr.), its residues and other industrial by-products for recovering high value flavor molecules: A review. In *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants* (Vol. 6). <https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2016.10.003>
- Bashir, M. R., Atiq, M., Sajid, M., Mohsan, M., Abbas, W., Alam, M. W., & Bashair, M. (2018). Antifungal exploitation of fungicides against *Fusarium oxysporum* f. sp. *capsici* causing *Fusarium* wilt of chilli pepper in Pakistan. *Environmental Science and Pollution Research*, 25(7). <https://doi.org/10.1007/s11356-017-1032-9>
- Bayoudh, C., Labidi, R., Majdoub, A., & Mars, M. (2015). In vitro propagation of caprifig and female fig varieties (*Ficus carica* L.) from shoot-tips. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 17(6).
- Bell, D. K. (1982). In Vitro Antagonism of *Trichoderma* species Against Six Fungal Plant Pathogens. *Phytopathology*, 72(4). <https://doi.org/10.1094/phyto-77-379>
- Beltrán-Nambo, M. de los A., Martínez-Trujillo, M., Montero-Castro, J. C., Salgado-Garciglia, R., Otero-Ospina, J. T., & Carreón-Abud, Y. (2018). Fungal diversity in the roots of four epiphytic orchids endemic to Southwest Mexico is related to the breadth of plant distribution. *Rhizosphere*, 7. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2018.07.001>
- Bertorelle, G., Raffini, F., Bosse, M., Bortoluzzi, C., Iannucci, A., Trucchi, E., Morales, H. E., & van Oosterhout, C. (2022). Genetic load: genomic estimates

- and applications in non-model animals. In *Nature Reviews Genetics* (Vol. 23, Issue 8). <https://doi.org/10.1038/s41576-022-00448-x>
- Bettoni, J. C., Wang, M. R., & Wang, Q. C. (2024). In Vitro Regeneration, Micropropagation and Germplasm Conservation of Horticultural Plants. In *Horticulturae* (Vol. 10, Issue 1). <https://doi.org/10.3390/horticulturae10010045>
- Bhatla, S. C., & Lal, M. A. (2018). Plant Physiology, Development and Metabolism. In *Plant Physiology, Development and Metabolism*. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-2023-1>
- Bhatt, T., & Patel, K. (2020). Carotenoids: Potent to Prevent Diseases Review. In *Natural Products and Bioprospecting* (Vol. 10, Issue 3). <https://doi.org/10.1007/s13659-020-00244-2>
- Bhimani, M., Bb, G., & Lf, A. (2018). Efficacy of different fungicides for the management of chickpea wilt (*Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceri*). *International Journal of Chemical Studies*, 6(2).
- Biswas, B., Gangwar, G., Nain, V., Gupta, I., Thakur, A., & Puria, R. (2023). Rapamycin and Torin2 inhibit *Candida auris* TOR: Insights through growth profiling, docking, and MD simulations. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 41(17). <https://doi.org/10.1080/07391102.2022.2134927>
- Bory, S., Lubinsky, P., Risterucci, A. M., Noyer, J. L., Grisoni, M., Duval, M. F., & Besse, P. (2008). Patterns of introduction and diversification of *Vanilla planifolia* (Orchidaceae) in Reunion Island (Indian Ocean). *American Journal of Botany*, 95(7). <https://doi.org/10.3732/ajb.2007332>
- Bouetard, A., Lefeuvre, P., Gigant, R., Bory, S., Pignal, M., Besse, P., & Grisoni, M. (2010). Evidence of transoceanic dispersion of the genus *Vanilla* based on plastid DNA phylogenetic analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55(2). <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.01.021>

- Brandhorst, T. T., Kean, I. R. L., Lawry, S. M., Wiesner, D. L., & Klein, B. S. (2019). Phenylpyrrole fungicides act on triosephosphate isomerase to induce methylglyoxal stress and alter hybrid histidine kinase activity. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41564-9>
- Brauer, C., Trinidad-García, K., Parra-Rodriguez, O., & Reyes-Hernández, H. (2024). Sustainable vanilla pod dryer for small scale producers based on a participatory learning process. *Energy for Sustainable Development*, 78. <https://doi.org/10.1016/j.esd.2023.101366>
- Bravo Ruiz, G., di Pietro, A., & Roncero, M. I. G. (2016). Combined action of the major secreted exo- and endopolygalacturonases is required for full virulence of *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 17(3). <https://doi.org/10.1111/mpp.12283>
- Bravo-Ruiz, G., Ruiz-Roldán, C., & Roncero, M. I. G. (2013). Lipolytic system of the tomato pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 26(9). <https://doi.org/10.1094/MPMI-03-13-0082-R>
- Brown, D. W., Lee, S. H., Kim, L. H., Ryu, J. G., Lee, S., Seo, Y., Kim, Y. H., Busman, M., Yun, S. H., Proctor, R. H., & Lee, T. (2015). Identification of a 12-gene fusaric acid biosynthetic gene cluster in *Fusarium* species through comparative and functional genomics. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 28(3). <https://doi.org/10.1094/MPMI-09-14-0264-R>
- Bubici, G., Marsico, A. D., Gaber, L., & Tsrer (Lahkim), L. (2019). Evaluation of thiophanate-methyl in controlling *Verticillium* wilt of potato and artichoke. *Crop Protection*, 119. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.01.012>
- Caballo, C., Castro, P., Gil, J., Millan, T., Rubio, J., & Die, J. v. (2019). Candidate genes expression profiling during wilting in chickpea caused by *Fusarium oxysporum* f. Sp. *Ciceris* race 5. *PLoS ONE*, 14(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224212>

- Caferri, R., & Bassi, R. (2022). Plants and water in a changing world: a physiological and ecological perspective. *Rendiconti Lincei*, 33(3). <https://doi.org/10.1007/s12210-022-01084-7>
- Cai, H., Tao, N., & Guo, C. (2020). Systematic investigation of the effects of macro-elements and iron on soybean plant response to fusarium oxysporum infection. *Plant Pathology Journal*, 36(5). <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.04.2020.0069>
- Calero-Nieto, F., di Pietro, A., Roncero, M. I. G., & Hera, C. (2007). Role of the transcriptional activator XlnR of *Fusarium oxysporum* in regulation of xylanase genes and virulence. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 20(8). <https://doi.org/10.1094/MPMI-20-8-0977>
- Cannon, S., Kay, W., Kilaru, S., Schuster, M., Gurr, S. J., & Steinberg, G. (2022). Multi-site fungicides suppress banana Panama disease, caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4. *PLoS Pathogens*, 18(10). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010860>
- Cao, T., Martini, M. L., Park, K. S., Kaniskan, H. Ü., & Jin, J. (2021). Pyrimidines and Their Benzo Derivatives. In *Comprehensive Heterocyclic Chemistry IV*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818655-8.00041-X>
- Caracuel, Z., Martínez-Rocha, A. L., di Pietro, A., Madrid, M. P., & Roncero, M. I. G. (2005). *Fusarium oxysporum* gas1 encodes a putative β -1,3-glucanosyltransferase required for virulence on tomato plants. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 18(11). <https://doi.org/10.1094/MPMI-18-1140>
- Caracuel, Z., Roncero, M. I. G., Espeso, E. A., González-Verdejo, C. I., García-Maceira, F. I., & di Pietro, A. (2003). The pH signalling transcription factor PacC controls virulence in the plant pathogen *Fusarium oxysporum*. *Molecular Microbiology*, 48(3). <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2003.03465.x>
- Carbas, B., Machado, N., Oppolzer, D., Queiroz, M., Brites, C., Rosa, E. A. S., & Barros, A. I. R. N. A. (2020). Prediction of Phytochemical Composition, In

- Vitro Antioxidant Activity and Individual Phenolic Compounds of Common Beans Using MIR and NIR Spectroscopy. *Food and Bioprocess Technology*, 13(6). <https://doi.org/10.1007/s11947-020-02457-2>
- Carmona, S. L., Burbano-David, D., Gómez, M. R., Lopez, W., Ceballos, N., Castaño-Zapata, J., Simbaqueba, J., & Soto-Suárez, M. (2020). Characterization of pathogenic and nonpathogenic *Fusarium oxysporum* isolates associated with commercial tomato crops in the Andean Region of Colombia. *Pathogens*, 9(1). <https://doi.org/10.3390/pathogens9010070>
- Casado-del Castillo, V., Benito, E. P., & Díaz-Mínguez, J. M. (2023). The Role of the *Fusarium oxysporum* FTF2 Transcription Factor in Host Colonization and Virulence in Common Bean Plants (*Phaseolus vulgaris* L.). *Pathogens*, 12(3). <https://doi.org/10.3390/pathogens12030380>
- Casillas-Isiordia, R., Flores de la Rosa, F. R., Can-chulim, Á., Esquivel, G. L., Rodríguez-Guerra, R., Ramírez-guerrero, L. G., & Luna Rodríguez, M. (2017). *Fusarium* sp . associated with *Vanilla* sp . rot in Nayarit, Mexico. *ARPJ Journal of Agricultural and Biological Science*, 12(2).
- Catalá, A., & Díaz, M. (2016). Editorial: Impact of lipid peroxidation on the physiology and pathophysiology of cell membranes. In *Frontiers in Physiology* (Vol. 7, Issue SEP). <https://doi.org/10.3389/fphys.2016.00423>
- Cha, S.-D., Jeon, Y.-J., Ahn, G.-R., Han, J. I., Han, K.-H., & Kim, S. H. (2007). Characterization of *Fusarium oxysporum* Isolated from Paprika in Korea . *Mycobiology*, 35(2). <https://doi.org/10.4489/myco.2007.35.2.091>
- Chakraborty, N., Banerjee, M., & Acharya, K. (2020). In vitro selection of elite clone of *Withania somnifera* against leaf blight disease caused by *Alternaria alternata*. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 112. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2020.101560>
- Chandran, S., Raghu, A. v., & Mohanan, K. v. (2023). In Vitro Conservation of Rare, Endangered, and Threatened Plants. https://doi.org/10.1007/978-981-19-5841-0_16

- Chang, H. X., Noel, Z. A., & Chilvers, M. I. (2021). A β -lactamase gene of *Fusarium oxysporum* alters the rhizosphere microbiota of soybean. *Plant Journal*, 106(6). <https://doi.org/10.1111/tpj.15257>
- Chang, W., Li, H., Chen, H., Qiao, F., & Zeng, H. (2020). Identification of mimp-associated effector genes in *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 1 and race 4 and virulence confirmation of a candidate effector gene. *Microbiological Research*, 232. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2019.126375>
- Chase, M. W., Cameron, K. M., Freudenstein, J. v., Pridgeon, A. M., Salazar, G., van den Berg, C., & Schuiteman, A. (2015). An updated classification of Orchidaceae. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 177(2). <https://doi.org/10.1111/boj.12234>
- Chauhan, S., & Rajam, M. V. (2022). RNAi-mediated down-regulation of fasciclin-like proteins (FoFLPs) in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* results in reduced pathogenicity and virulence. *Microbiological Research*, 260. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127033>
- Chen, A., Liu, N., Xu, C., Wu, S., Liu, C., Qi, H., Ren, Y., Han, X., Yang, K., Liu, X., Ma, Z., & Chen, Y. (2023). The STRIPAK complex orchestrates cell wall integrity signalling to govern the fungal development and virulence of *Fusarium graminearum*. *Molecular Plant Pathology*, 24(9). <https://doi.org/10.1111/mpp.13359>
- Chen, S. C., Ren, J. J., Zhao, H. J., Wang, X. L., Wang, T. H., Jin, S. da, Wang, Z. H., Li, C. yang, Liu, A. R., Lin, X. M., & Ahammed, G. J. (2019). *Trichoderma harzianum* improves defense against *fusarium oxysporum* by regulating ROS and RNS metabolism, redox balance, and energy flow in cucumber roots. *Phytopathology*, 109(6). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-18-0342-R>
- Cheng, L., Ling, J., Liang, L., Luo, Z., Zhang, J., & Xie, B. (2015). Qip gene in *Fusarium oxysporum* is required for normal hyphae morphology and virulence. *Mycology*, 6(2). <https://doi.org/10.1080/21501203.2015.1027313>

- Choudhary, A., Kumar, A., & Kaur, N. (2020). ROS and oxidative burst: Roots in plant development. In *Plant Diversity* (Vol. 42, Issue 1). <https://doi.org/10.1016/j.pld.2019.10.002>
- Christenhusz, M. J. M., & Byng, J. W. (2016). The number of known plants species in the world and its annual increase. In *Phytotaxa* (Vol. 261, Issue 3). <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.261.3.1>
- Cordoba Cañero, D., & Roncero, M. I. G. (2008a). Functional analyses of laccase genes from *Fusarium oxysporum*. *Phytopathology*, 98(5). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-5-0509>
- Cordoba Cañero, D., & Roncero, M. I. G. (2008b). Influence of the chloride channel of *Fusarium oxysporum* on extracellular laccase activity and virulence on tomato plants. *Microbiology*, 154(5). <https://doi.org/10.1099/mic.0.2007/015388-0>
- Corrales Escobosa, A. R., Rangel Porras, R. A., Meza Carmen, V., Gonzalez Hernandez, G. A., Torres Guzman, J. C., Wrobel, K., Wrobel, K., Roncero, M. I. G., & Gutierrez Corona, J. F. (2011). *Fusarium oxysporum* Adh1 has dual fermentative and oxidative functions and is involved in fungal virulence in tomato plants. *Fungal Genetics and Biology*, 48(9). <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2011.06.004>
- Corral-Ramos, C., Roca, M. G., di Pietro, A., Roncero, M. I. G., & Ruiz-Roldán, C. (2015). Autophagy contributes to regulation of nuclear dynamics during vegetative growth and hyphal fusion in *Fusarium oxysporum*. *Autophagy*, 11(1). <https://doi.org/10.4161/15548627.2014.994413>
- Corral-Ramos, C., & Roncero, M. I. G. (2015). Glycogen catabolism, but not its biosynthesis, affects virulence of *Fusarium oxysporum* on the plant host. *Fungal Genetics and Biology*, 77. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2015.03.014>
- Corran, A. J., Ackermann, P., Knauf-Beiter, G., & Zeun, R. (2008). Fungicides Acting on Signal Transduction. In *Modern Crop Protection Compounds* (Vol. 1). <https://doi.org/10.1002/9783527619580.ch15>

- Cozzolino, S., & Widmer, A. (2005). Orchid diversity: An evolutionary consequence of deception? *Trends in Ecology and Evolution*, 20(9). <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.06.004>
- Crutcher, F. K., Liu, J., Puckhaber, L. S., Stipanovic, R. D., Bell, A. A., & Nichols, R. L. (2015). FUBT, a putative MFS transporter, promotes secretion of fusaric acid in the cotton pathogen *Fusarium oxysporum* f. Sp. *vasinfectum*. *Microbiology (United Kingdom)*, 161(4). <https://doi.org/10.1099/mic.0.000043>
- Dai, Y., Cao, Z., Huang, L., Liu, S., Shen, Z., Wang, Y., Wang, H., Zhang, H., Li, D., & Song, F. (2016). CCR4-not complex subunit Not2 plays critical roles in vegetative growth, conidiation and virulence in watermelon fusarium wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Frontiers in Microbiology*, 7(SEP). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01449>
- Dami, I., & Hughes, H. (1995). Leaf anatomy and water loss of in vitro PEG-treated “Valiant” grape. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 42(2). <https://doi.org/10.1007/BF00034236>
- Dash, A., Kundu, D., Das, M., Bose, D., Adak, S., & Banerjee, R. (2016). Food biotechnology: A step towards improving nutritional quality of food for Asian countries. In *Recent Patents on Biotechnology* (Vol. 10, Issue 1). <https://doi.org/10.2174/1872208310666160725194502>
- de Lamo, F. J., & Takken, F. L. W. (2020). Biocontrol by *Fusarium oxysporum* Using Endophyte-Mediated Resistance. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 11). <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00037>
- de Quadros, F. M., Garcés-Fiallos, F. R., de Freitas, M. B., Bouzon, Z. L., Barcelos-Oliveira, J. L., & Stadnik, M. J. (2021). Dual role of H₂O₂ in late stages of root colonization of resistant and susceptible bean plants by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 115. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2021.101686>
- Deepthi, V. P. (2018). Somaclonal variation in micro propagated bananas. *Advances in Plant and Agriculture Research*, 8(6).

- Delgado-Jarana, J., Martínez-Rocha, A. L., Roldán-Rodríguez, R., G. Roncero, M. I., & Pietro, A. di. (2005). *Fusarium oxysporum* G-protein β subunit Fgb1 regulates hyphal growth, development, and virulence through multiple signalling pathways. *Fungal Genetics and Biology*, 42(1). <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2004.10.001>
- Denisov, Y., Freeman, S., & Yarden, O. (2011). Inactivation of Snt2, a BAH/PHD-containing transcription factor, impairs pathogenicity and increases autophagosome abundance in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 12(5). <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2010.00683.x>
- Devi, N. O., Tombisana Devi, R. K., Debbarma, M., Hajong, M., & Thokchom, S. (2022). Effect of endophytic *Bacillus* and arbuscular mycorrhiza fungi (AMF) against *Fusarium* wilt of tomato caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 32(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00499-y>
- di Pietro, A., García-Maceira, F. I., Mègelecz, E., & Roncero, M. I. G. (2001). A MAP kinase of the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum* is essential for root penetration and pathogenesis. *Molecular Microbiology*, 39(5). <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2001.02307.x>
- di Pietro, A., Huertas-González, M. D., Gutierrez-Corona, J. F., Martinez-Cadena, G., Mègelecz, E., & Roncero, M. I. G. (2001). Molecular characterization of a subtilase from the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 14(5). <https://doi.org/10.1094/mpmi.2001.14.5.653>
- Díaz-Gutiérrez, C., Arroyave, C., Llugany, M., Poschenrieder, C., Martos, S., & Peláez, C. (2021). *Trichoderma asperellum* as a preventive and curative agent to control *Fusarium* wilt in *Stevia rebaudiana*. *Biological Control*, 155. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104537>
- Ding, Z., Li, M., Sun, F., Xi, P., Sun, L., Zhang, L., & Jiang, Z. (2015). Mitogen-activated protein kinases are associated with the regulation of physiological

- traits and virulence in *Fusarium oxysporum* f. Sp. Cubense. PLoS ONE, 10(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122634>
- Ding, Z., Xu, T., Zhu, W., Li, L., & Fu, Q. (2020). A MADS-box transcription factor FoRlm1 regulates aerial hyphal growth, oxidative stress, cell wall biosynthesis and virulence in *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense. Fungal Biology, 124(3–4). <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2020.02.001>
- Dionisio-Sese, M. L., & Tobita, S. (1998). Antioxidant responses of rice seedlings to salinity stress. Plant Science, 135(1). [https://doi.org/10.1016/S0168-9452\(98\)00025-9](https://doi.org/10.1016/S0168-9452(98)00025-9)
- Djordjević, V., & Tsiftsis, S. (2022). The Role of Ecological Factors in Distribution and Abundance of Terrestrial Orchids. Reference Series in Phytochemistry. https://doi.org/10.1007/978-3-030-38392-3_4
- Domínguez-Rosales, S. M., González-Jiménez, Ma. de la L., Rosales-Gómez, C., Quiñones-Valles, C., Delgadillo-Díaz de León, S., Pérez-Molphe-Balch, E., & Mireles-Ordaz, S. J. (2008). El cultivo in vitro como herramienta para el aprovechamiento , mejoramiento y conservación de especies del género Agave. Investigacion y Ciencia, 41.
- Dong, G., Nkoh, J. N., Hong, Z. neng, Dong, Y., Lu, H. long, Yang, J., Pan, X. ying, & Xu, R. kou. (2020). Phytotoxicity of Cu²⁺ and Cd²⁺ to the roots of four different wheat cultivars as related to charge properties and chemical forms of the metals on whole plant roots. Ecotoxicology and Environmental Safety, 196. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.110545>
- Dong, O. X., & Ronald, P. C. (2019). Genetic engineering for disease resistance in plants: Recent progress and future perspectives. Plant Physiology, 180(1). <https://doi.org/10.1104/pp.18.01224>
- Dong, X., Xiong, Y., Ling, N., Shen, Q., & Guo, S. (2014). Fusaric acid accelerates the senescence of leaf in banana when infected by *Fusarium*. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 30(4). <https://doi.org/10.1007/s11274-013-1564-1>

- Dong, Z., Luo, M., & Wang, Z. (2020). An exo-polygalacturonase *pgc4* regulates aerial hyphal growth and virulence in *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 4. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(16). <https://doi.org/10.3390/ijms21165886>
- Dumanović, J., Nepovimova, E., Natić, M., Kuća, K., & Jačević, V. (2021). The Significance of Reactive Oxygen Species and Antioxidant Defense System in Plants: A Concise Overview. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 11). <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.552969>
- Dutta, S., Basu, A., & Maji, P. K. (2024). New anthracnose disease caused by *Colletotrichum orchidearum* on *Cattleya* sp. orchid in India. *Brazilian Journal of Development*, 10(2). <https://doi.org/10.34117/bjdv10n2-048>
- Duyvesteijn, R. G. E., van Wijk, R., Boer, Y., Rep, M., Cornelissen, B. J. C., & Haring, M. A. (2005). Frp1 is a *Fusarium oxysporum* F-box protein required for pathogenicity on tomato. *Molecular Microbiology*, 57(4). <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2005.04751.x>
- Edel-Hermann, V., & Lecomte, C. (2019). Current status of *Fusarium oxysporum* formae speciales and races. In *Phytopathology* (Vol. 109, Issue 4). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-18-0320-RVW>
- El-Defrawy, M. M. H., & Hesham, A. E.-L. (2020). G-protein-coupled Receptors in Fungi. https://doi.org/10.1007/978-3-030-41870-0_3
- Elmer, W. H. (2006). Efficacy of preplant treatments of gladiolus corms with combinations of acibenzolar-S-methyl and biological or chemical fungicides for suppression of *Fusarium* corm rot [*Fusarium oxysporum* f. sp. *gladioli*]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 28(4). <https://doi.org/10.1080/07060660609507339>
- Emara, A. R., Ibrahim, H. M., & Masoud, S. A. (2021). The role of storage on Mancozeb fungicide formulations and their antifungal activity against *Fusarium oxysporum* and *Rhizoctonia solani*. *Arabian Journal of Chemistry*, 14(10). <https://doi.org/10.1016/j.arabjc.2021.103322>

- Erazo, J. G., Palacios, S. A., Pastor, N., Giordano, F. D., Rovera, M., Reynoso, M. M., Venisse, J. S., & Torres, A. M. (2021). Biocontrol mechanisms of *Trichoderma harzianum* ITEM 3636 against peanut brown root rot caused by *Fusarium solani* RC 386. *Biological Control*, 164. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104774>
- Fang, Z., Zhao, Q., Yang, S., Cai, Y., Fang, W., Abubakar, Y. S., Lin, Y., Yun, Y., & Zheng, W. (2024). Two distinct SNARE complexes mediate vesicle fusion with the plasma membrane to ensure effective development and pathogenesis of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. *Molecular Plant Pathology*, 25(3). <https://doi.org/10.1111/mpp.13443>
- Felipe Roberto Flores-de la Rosa, Charín Martínez-Gendrón, Monserrat Torres-Olaya, Cristian Matilde-Hernández, Humberto José Estrella-Maldonado, & Ricardo Santillán-Mendoza. (2023). Fungal species characterization associated with vanilla root rot in the Totonacapan, Veracruz, Mexico. *International Journal of Science and Research Archive*, 8(1). <https://doi.org/10.30574/ijsra.2023.8.1.0362>
- Fernandes, T. R., Sánchez Salvador, E., Tapia, Á. G., & di Pietro, A. (2021). Dual-specificity protein phosphatase Msg5 controls cell wall integrity and virulence in *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genetics and Biology*, 146. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2020.103486>
- Flanagan, N. S., & Mosquera-Espinosa, A. T. (2016). An integrated strategy for the conservation and sustainable use of native vanilla species in Colombia. *Lankesteriana*, 16(2). <https://doi.org/10.15517/lank.v16i2.26007>
- Flores Jiménez, Á., Reyes Lopez, D., Jiménez García, D., Romero Arenas, O., Rivera Tapia, J. A., Huerta Lara, M., & Pérez Silva, A. (2017). Diversidad de *Vanilla* spp. (Orchidaceae) y sus perfiles bioclimáticos en México. *Revista de Biología Tropical*, 65(3). <https://doi.org/10.15517/rbt.v65i3.29438>
- Flores-de la Rosa, F. R., de Luna, E., Adame-García, J., Iglesias-Andreu, L. G., & Luna-Rodríguez, M. (2018). Phylogenetic position and nucleotide diversity of

- Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae* worldwide based on translation elongation factor 1 α sequences. *Plant Pathology*, 67(6). <https://doi.org/10.1111/ppa.12847>
- Flores-de la Rosa, F. R., Martínez-Gendrón, C., Torres-Olaya, M., Matilde-Hernández, C., Estrella-Maldonado, H. J., & Santillán-Mendoza, R. (2023). Fungal species characterization associated with vanilla root rot in the Totonacapan, Veracruz, Mexico. *International Journal of Science and Research Archive*, 8(1), 066-070.
- Fouché, J. G., & Jouve, L. (1999). *Vanilla planifolia*: History, botany and culture in Réunion island. In *Agronomie* (Vol. 19, Issue 8). <https://doi.org/10.1051/agro:19990804>
- Franco-Galindo, L. S., & Mosquera-Espinosa, A. T. (2023). Biocontrol de *Fusarium* spp. en el cultivo de vainilla: Un nuevo modelo de estudio. *Temas Agrarios*, 28(1). <https://doi.org/10.21897/rta.v28i1.3350>
- Gai, X., Li, S., Jiang, N., Sun, Q., Xuan, Y. H., & Xia, Z. (2022). Comparative transcriptome analysis reveals that ATP synthases regulate *Fusarium oxysporum* virulence by modulating sugar transporter gene expressions in tobacco. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.978951>
- Gámez-Arjona, F. M., Vitale, S., Voxeur, A., Dora, S., Müller, S., Sancho-Andrés, G., Montesinos, J. C., di Pietro, A., & Sánchez-Rodríguez, C. (2022). Impairment of the cellulose degradation machinery enhances *Fusarium oxysporum* virulence but limits its reproductive fitness. *Science Advances*, 8(16). <https://doi.org/10.1126/sciadv.abl9734>
- Gantait, S., & Kundu, S. (2017). In vitro biotechnological approaches on *Vanilla planifolia* Andrews: advancements and opportunities. In *Acta Physiologiae Plantarum* (Vol. 39, Issue 9). <https://doi.org/10.1007/s11738-017-2462-1>
- Gao, Y., Xiong, X., Wang, H., Wang, J., Bi, Y., Yan, Y., Cao, Z., Li, D., & Song, F. (2022). Ero1-Pdi1 module-catalysed dimerization of a nucleotide sugar

- transporter, FonNst2, regulates virulence of *Fusarium oxysporum* on watermelon. *Environmental Microbiology*, 24(3).
<https://doi.org/10.1111/1462-2920.15789>
- García-Enciso, E. L., Benavides-Mendoza, A., Flores-López, M. L., Robledo-Olivo, A., Juárez-Maldonado, A., & González-Morales, S. (2018). A Molecular Vision of the Interaction of Tomato Plants and *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersic*. In *Fusarium - Plant Diseases, Pathogen Diversity, Genetic Diversity, Resistance and Molecular Markers*.
<https://doi.org/10.5772/intechopen.72127>
- García-Maceira, F. I., di Pietro, A., Huertas-González, M. D., Ruiz-Roldán, M. C., & Roncero, M. I. G. (2001). Molecular Characterization of an Endopolygalacturonase from *Fusarium oxysporum* Expressed during Early Stages of Infection. *Applied and Environmental Microbiology*, 67(5).
<https://doi.org/10.1128/AEM.67.5.2191-2196.2001>
- García-Maceira, F. I., di Pietro, A., & Roncero, M. I. G. (2000). Cloning and disruption of *pgx4* encoding an in planta expressed exopolygalacturonase from *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 13(4).
<https://doi.org/10.1094/MPMI.2000.13.4.359>
- Gaschler, M. M., & Stockwell, B. R. (2017). Lipid peroxidation in cell death. In *Biochemical and Biophysical Research Communications* (Vol. 482, Issue 3).
<https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2016.10.086>
- Gawehns, F., Houterman, P. M., Ichou, F. A., Michielse, C. B., Hijdra, M., Cornelissen, B. J. C., Rep, M., & Takken, F. L. W. (2014). The *Fusarium oxysporum* effector *six6* contributes to virulence and suppresses i-2-mediated cell death. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 27(4).
<https://doi.org/10.1094/MPMI-11-13-0330-R>
- Ghosh, M., Bhadra, S., Adegoke, A., Bandyopadhyay, M., & Mukherjee, A. (2015). MWCNT uptake in *Allium cepa* root cells induces cytotoxic and genotoxic responses and results in DNA hyper-methylation. *Mutation Research -*

Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis, 774.
<https://doi.org/10.1016/j.mrfmmm.2015.03.004>

Gómez-Gómez, E., Ruiz-Roldan, M. C., Di Pietro, A., Roncero, M. I. G., & Hera, C. (2002). Role in pathogenesis of two endo- β -1, 4-xylanase genes from the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genetics and Biology*, 35(3), 213-222.

Gomez-Gil, L., Camara Almiron, J., Rodriguez Carrillo, P. L., Olivares Medina, C. N., Bravo Ruiz, G., Romo Rodriguez, P., Corrales Escobosa, A. R., Gutierrez Corona, F., & Roncero, M. I. (2018). Nitrate assimilation pathway (NAP): role of structural (nit) and transporter (ntr1) genes in *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* growth and pathogenicity. *Current Genetics*, 64(2).
<https://doi.org/10.1007/s00294-017-0766-8>

González, A., & Hall, M. N. (2017). Nutrient sensing and TOR signaling in yeast and mammals. *The EMBO Journal*, 36(4).
<https://doi.org/10.15252/emboj.201696010>

González-Chávez, M. del C. A., Torres-Cruz, T. J., Sánchez, S. A., Carrillo-González, R., Carrillo-López, L. M., & Porras-Alfaro, A. (2018). Microscopic characterization of orchid mycorrhizal fungi: Scleroderma as a putative novel orchid mycorrhizal fungus of *Vanilla* in different crop systems. *Mycorrhiza*, 28(2). <https://doi.org/10.1007/s00572-017-0808-6>

González-Oviedo, N. A., Iglesias-Andreu, L. G., Flores-de la Rosa, F. R., Rivera-Fernández, A., & Luna-Rodríguez, M. (2022). Genetic analysis of the fungicide resistance in *Fusarium oxysporum* associated to *Vanilla planifolia*. *Revista Mexicana de Fitopatología, Mexican Journal of Phytopathology*, 40(3). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2203-3>

Gordon, T. R. (2017). *Fusarium oxysporum* and the Fusarium Wilt Syndrome. *Annual Review of Phytopathology*, 55. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080615-095919>

- Guo, L., Wang, J., Liang, C., Yang, L., Zhou, Y., Liu, L., & Huang, J. (2022). Fosp9, a Novel Secreted Protein, Is Essential for the Full Virulence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* on Banana (*Musa* spp.). *Applied and Environmental Microbiology*, 88(6). <https://doi.org/10.1128/aem.00604-21>
- Guo, L., Yu, H., Wang, B., Vescio, K., Delulio, G. A., Yang, H., Berg, A., Zhang, L., Edel-Hermann, V., Steinberg, C., Corby Kistler, H., & Ma, L. J. (2021). Metatranscriptomic comparison of endophytic and pathogenic *Fusarium-arabidopsis* interactions reveals plant transcriptional plasticity. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 34(9). <https://doi.org/10.1094/MPMI-03-21-0063-R>
- Gupta, S., Pandey, S., & Sharma, S. (2022). Decoding the Plant Growth Promotion and Antagonistic Potential of Bacterial Endophytes From *Ocimum sanctum* Linn. Against Root Rot Pathogen *Fusarium oxysporum* in *Pisum sativum*. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.813686>
- Ha, M. S., Ryu, H., Ju, H. J., & Choi, H. W. (2023). Diversity and pathogenic characteristics of the *Fusarium* species isolated from minor legumes in Korea. *Scientific Reports*, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-49736-4>
- Haapalainen, M., Kuivainen, E., Iivonen, S., Niemi, M., & Latvala, S. (2023). Pathogenicity of *Fusarium oxysporum* and *Fusarium proliferatum* isolates from symptomless onions (*Allium cepa*) and onions with *Fusarium* basal rot. *Plant Pathology*, 72(6). <https://doi.org/10.1111/ppa.13718>
- Halliwell, B. & Gutteridge, J.M. (2015). *Free radicals in biology and medicine*, New York, NY: Oxford University Press.
- Hameeda, D., Kaur, R., & Bag, T. K. (2023). Effect of secondary metabolite Fusaric acid from *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* on growth parameters of chickpea. *Journal of Mycopathological Research*, 61(1). <https://doi.org/10.57023/jmycr.61.1.2023.045>

- Hamida, D.; Kaur, R. & Bag, T. K. (2023). Effect of secondary metabolite Fusaric acid from *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* on growth parameters of chickpea.
- Hamida, D., Gowda, V. T., Kundu, A., Kaur, R., & Bag, T. K. (2024). Effect of culture filtrate containing fusaric acid of *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* on defence enzymes in chickpea. *Indian Phytopathology*, 77(1). <https://doi.org/10.1007/s42360-023-00702-0>
- Hammerschlag, F., Garcés, S., Koch-Dean, M., Ray, S., Lewers, K., Maas, J., & Smith, B. J. (2006). In vitro response of strawberry cultivars and regenerants to *Colletotrichum acutatum*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 84(3). <https://doi.org/10.1007/s11240-005-9027-5>
- Han, S., Sheng, B., Zhu, D., Chen, J., Cai, H., Zhang, S., & Guo, C. (2023). Role of FoERG3 in Ergosterol Biosynthesis by *Fusarium oxysporum* and the Associated Regulation by *Bacillus subtilis* HSY21. *Plant Disease*, 107(5). <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-22-1010-RE>
- Harish, J., Jambhulkar, P. P., Bajpai, R., Arya, M., Babele, P. K., Chaturvedi, S. K., Kumar, A., & Lakshman, D. K. (2023). Morphological characterization, pathogenicity screening, and molecular identification of *Fusarium* spp. isolates causing post-flowering stalk rot in maize. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1121781>
- He, D., Feng, Z., Gao, S., Wei, Y., Han, S., & Wang, L. (2021). Contribution of NADPH-cytochrome P450 Reductase to Azole Resistance in *Fusarium oxysporum*. *Frontiers in Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.709942>
- Hedrick, P. W., & Garcia-Dorado, A. (2016). Understanding Inbreeding Depression, Purging, and Genetic Rescue. In *Trends in Ecology and Evolution* (Vol. 31, Issue 12). <https://doi.org/10.1016/j.tree.2016.09.005>
- Henschel, J. M., de Resende, J. T. V., Pulga, P. S., Zeist, A. R., dos Santos, R. L., Giloni-Lima, P. C., & Batista, D. S. (2024). Chlorophyll a fluorescence of

- tomato genotypes in response to *Tuta absoluta* herbivory and foliar salicylic acid application. *Acta Physiologiae Plantarum*, 46(3). <https://doi.org/10.1007/s11738-024-03651-x>
- Hernández, A. M., Cruz-Castillo, J. G., Mascorro-Gallardo, J. O., de Jesús Juárez-Hernández, M., Barrera-Guzmán, L. Á., & Mójica-Zárate, H. T. (2024). Propagation and Phytopathology of calla lily (*Zantedeschia* spp.) in vitro. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 18(2), e17623-e17623.
- Hernández, G., de la Cal, A. P., Louis, Y., Robaina, Y. B., Coll, Y., Spengler, I., & Mirabal-Gallardo, Y. (2024). Identification of Secondary Metabolites by UHPLC-ESI-HRMS/MS in Antifungal Strain *Trichoderma harzianum* (LBAT-53). *Journal of Fungi*, 10(8), 547.
- Hernández-Hernández, J. (2011a). Programa estratégico para el desarrollo rural sustentable de la región sur sureste de México: Trópico Húmedo 211 paquete tecnologico vainilla (*Vanilla planifolia* Jackson). México: Editorial SAGARPA.
- Hernández-Hernández, J. (2014). Técnicas implementadas para el cultivo de vainilla en México. Araya Fernández et al. (Presidencia). I Seminario Internacional de Vainilla. Promoviendo la investigación, extensión y producción de vainilla en Mesoamérica. CONICIT, Costa Rica.
- Hernández, H. J. (2018). Vanilla diseases. En D. Havkin & F. Belanger (Eds.), *Handbook of vanilla science and technology* (pp 27-39). Wiley Blackwell.
- Hernández, M. L., & Cejudo, F. J. (2021). Chloroplast Lipids Metabolism and Function. A Redox Perspective. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 12). <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.712022>
- Hernández-Aparicio, F., Lisón, P., Rodrigo, I., Bellés, J. M., & López-Gresa, M. P. (2021). Signaling in the tomato immunity against *fusarium oxysporum*. *Molecules*, 26(7). <https://doi.org/10.3390/molecules26071818>
- Hernández-Martínez, J. L., Carranza-Álvarez, C., Maldonado-Miranda, J. J., & Martínez-Soto, D. (2020). Isolation of *Fusarium* from vanilla plants grown in

- the Huasteca Potosina Mexico. *Revista Mexicana de Fitopatología*, Mexican Journal of Phytopathology, 38(3). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2004-4>
- Hernández, H. R., García, K. L. T., & Cabrera, B. E. H. (2018). Caracterización del ambiente de los vainillales y área potencial para su cultivo en la Huasteca Potosina. *Biotecnia*, 20(3), 49-57.
- Hernández, J., Sánchez, M. S., Curti, D. E., & Larios, R. M. (2010). La producción de vainilla en México (Libro técnico Núm. 25). INIFAP. Centro de Investigación Regional Golfo Centro.
- Herrera-Cabrera, B. E., Salazar-Rojas, V. M., Delgado-Alvarado, A., Campos-Contreras, J., & Cervantes-Vargas, J. (2012). Use and conservation of *Vanilla planifolia* J. in the Totonacapan Region, México. *EUROPEAN JOURNAL OF ENVIRONMENTAL SCIENCES*, 2(1). <https://doi.org/10.14712/23361964.2015.37>
- Herrera-Téllez, V. I., Cruz-Olmedo, A. K., Plasencia, J., Gavilanes-Ruíz, M., Arce-Cervantes, O., Hernández-León, S., & Saucedo-García, M. (2019). The protective effect of *trichoderma asperellum* on tomato plants against *fusarium oxysporum* and *botrytis cinerea* diseases involves inhibition of reactive oxygen species production. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(8). <https://doi.org/10.3390/ijms20082007>
- Hou, Y. H., Hsu, L. H., Wang, H. F., Lai, Y. H., & Chen, Y. L. (2020). Calcineurin Regulates Conidiation, Chlamydospore Formation and Virulence in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.539702>
- Houterman, P. M., Ma, L., van Ooijen, G., de Vroomen, M. J., Cornelissen, B. J. C., Takken, F. L. W., & Rep, M. (2009). The effector protein Avr2 of the xylem-colonizing fungus *Fusarium oxysporum* activates the tomato resistance protein I-2 intracellularly. *Plant Journal*, 58(6). <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2009.03838.x>

- Huang, Y., Li, J., Nong, C., Lin, T., Fang, L., Feng, X., Chen, Y., Lin, Y., Lai, Z., & Miao, L. (2024). *Piriformospora indica* Enhances Resistance to *Fusarium* wilt in Strawberry by Increasing the Activity of Superoxide Dismutase, Peroxidase, and Catalase, While Reducing the Content of Malondialdehyde in the Roots. *Horticulturae*, 10(3). <https://doi.org/10.3390/horticulturae10030240>
- Huang, Z., Lou, J., Gao, Y., Noman, M., Li, D., & Song, F. (2023). FonTup1 functions in growth, conidiogenesis and pathogenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* through modulating the expression of the tricarboxylic acid cycle genes. *Microbiological Research*, 272. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2023.127389>
- Husaini, A. M., Sakina, A., & Cambay, S. R. (2018). Host-pathogen interaction in *fusarium oxysporum* infections: Where do we stand? In *Molecular Plant-Microbe Interactions* (Vol. 31, Issue 9). <https://doi.org/10.1094/MPMI-12-17-0302-CR>
- levinsh, G. (2023). Water Content of Plant Tissues: So Simple That Almost Forgotten? In *Plants* (Vol. 12, Issue 6). <https://doi.org/10.3390/plants12061238>
- Iftikhar, T., Majeed, H., Waheed, M., Zahra, S. S., Niaz, M., & AL-Huqail, A. A. (2023). *Vanilla*. In *Essentials of Medicinal and Aromatic Crops* (pp. 341-371). Cham: Springer International Publishing.
- Iida, Y., Fujiwara, K., Yoshioka, Y., & Tsuge, T. (2014). Mutation of FVS1, encoding a protein with a sterile alpha motif domain, affects asexual reproduction in the fungal plant pathogen *fusarium oxysporum*. In *FEMS Microbiology Letters* (Vol. 351, Issue 1). <https://doi.org/10.1111/1574-6968.12356>
- Iida, Y., Kurata, T., Harimoto, Y., & Tsuge, T. (2008). Nitrite reductase gene upregulated during conidiation is involved in macroconidium formation in *Fusarium oxysporum*. *Phytopathology*, 98(10). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-10-1099>

- Imazaki, I., Kurahashi, M., Iida, Y., & Tsuge, T. (2007). Fow2, a Zn(II)2Cys6-type transcription regulator, controls plant infection of the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum*. *Molecular Microbiology*, 63(3). <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2006.05554.x>
- Inoue, I., Namiki, F., & Tsuge, T. (2002). Plant colonization by the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum* requires FOW1, a gene encoding a mitochondrial protein. *Plant Cell*, 14(8). <https://doi.org/10.1105/tpc.002576>
- Iqbal, N., Czékus, Z., Poór, P., & Ördög, A. (2023). Ethylene-dependent regulation of oxidative stress in the leaves of fusaric acid-treated tomato plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, 196. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2023.02.047>
- Ivanov, A. A., Ukladov, E. O., & Golubeva, T. S. (2021). *Phytophthora infestans*: An overview of methods and attempts to combat late blight. In *Journal of Fungi* (Vol. 7, Issue 12). <https://doi.org/10.3390/jof7121071>
- Jacobson, M.F. (2009). Liquid candy. In: *How Soft Drinks Are Harming American's Health*, 2nd ed. Center for Science in the Public Interest, USA.
- Jackson, E., Li, J., Weerasinghe, T., & Li, X. (2024). The Ubiquitous Wilt-Inducing Pathogen *Fusarium oxysporum*—A Review of Genes Studied with Mutant Analysis. *Pathogens*, 13(10), 823.
- Jacyn Baker, C., & Mock, N. M. (1994). An improved method for monitoring cell death in cell suspension and leaf disc assays using evans blue. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 39(1). <https://doi.org/10.1007/BF00037585>
- Jain, S., Akiyama, K., Kan, T., Ohguchi, T., & Takata, R. (2003). The G protein β subunit FGB1 regulates development and pathogenicity in *Fusarium oxysporum*. *Current Genetics*, 43(2). <https://doi.org/10.1007/s00294-003-0372-9>
- Jain, S., Akiyama, K., Mae, K., Ohguchi, T., & Takata, R. (2002). Targeted disruption of a G protein α subunit gene results in reduced pathogenicity in *Fusarium*

- oxysporum. *Current Genetics*, 41(6). <https://doi.org/10.1007/s00294-002-0322-y>
- Jain, S., Akiyama, K., Takata, R., & Ohguchi, T. (2005). Signaling via the G protein α subunit FGA2 is necessary for pathogenesis in *Fusarium oxysporum*. *FEMS Microbiology Letters*, 243(1). <https://doi.org/10.1016/j.femsle.2004.12.009>
- Jain, S. M. (2010). In vitro mutagenesis in banana (*Musa* spp.) improvement. *Acta Horticulturae*, 879. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2010.879.67>
- Jamil, A., & Ashraf, S. (2020). Utilization of chemical fungicides in managing the wilt disease of chickpea caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceri*. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 53(17–18). <https://doi.org/10.1080/03235408.2020.1803705>
- Jangir, P., Mehra, N., Sharma, K., Singh, N., Rani, M., & Kapoor, R. (2021). Secreted in Xylem Genes: Drivers of Host Adaptation in *Fusarium oxysporum*. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 12). <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.628611>
- Jashni, M. K., Dols, I. H. M., Iida, Y., Boeren, S., Beenen, H. G., Mehrabi, R., Collemare, J., & de Wit, P. J. G. M. (2015). Synergistic action of a metalloprotease and a serine protease from *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* cleaves chitin-binding tomato chitinases, reduces their antifungal activity, and enhances fungal virulence. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 28(9). <https://doi.org/10.1094/MPMI-04-15-0074-R>
- Ji, H. M., Mao, H. Y., Li, S. J., Feng, T., Zhang, Z. Y., Cheng, L., Luo, S. J., Borkovich, K. A., & Ouyang, S. Q. (2021). Fol-milR1, a pathogenicity factor of *Fusarium oxysporum*, confers tomato wilt disease resistance by impairing host immune responses. *New Phytologist*, 232(2). <https://doi.org/10.1111/nph.17436>
- Jin, X., Jia, H., Ran, L., Wu, F., Liu, J., Schlaeppi, K., Dini-Andreote, F., Wei, Z. & Zhou, X. (2024). Fusaric acid mediates the assembly of disease-suppressive rhizosphere microbiota via induced shifts in plant root exudates. *Nature Communications*, 15(1), 5125.

- Jing, T., Li, J., He, Y., Shankar, A., Saxena, A., Tiwari, A., Maturi, K.C., Solanki, M.K., Singh, V., Eissa, M.A., Ding, Z., Xie, J. & Awasthi, M. K. (2024). Role of calcium nutrition in plant Physiology: Advances in research and insights into acidic soil conditions-A comprehensive review. *Plant Physiology and Biochemistry*, 108602.
- Jonkers, W., Rodrigues, C. D. A., & Rep, M. (2009). Impaired colonization and infection of tomato roots by the Δ frp1 mutant of *Fusarium oxysporum* correlates with reduced CWDE gene expression. *Molecular plant-microbe interactions*, 22(5), 507-518.
- Jonkers, W., & Rep, M. (2009). Mutation of CRE1 in *Fusarium oxysporum* reverts the pathogenicity defects of the FRP1 deletion mutant. *Molecular Microbiology*, 74(5). <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2009.06922.x>
- Jonkers, W., Xayamongkhon, H., Haas, M., Olivain, C., van der Does, H. C., Broz, K., Rep, M., Alabouvette, C., Steinberg, C., & Kistler, H. C. (2014). EBR1 genomic expansion and its role in virulence of *Fusarium* species. *Environmental Microbiology*, 16(7). <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12331>
- Jordan, R., Breed, M. F., Prober, S. M., Miller, A. D., & Hoffmann, A. A. (2019). How well do revegetation plantings capture genetic diversity? In *Biology Letters* (Vol. 15, Issue 10). <https://doi.org/10.1098/rsbl.2019.0460>
- Kahveci, H., Bilginer, N., Diraz-Yildirim, E., Kulak, M., Yazar, E., Kocacinar, F., & Karaman, S. (2021). Priming with salicylic acid, β -carotene and tryptophan modulates growth, phenolics and essential oil components of *Ocimum basilicum* L. grown under salinity. *Scientia Horticulturae*, 281. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.109964>
- Kapoor, D., Bhardwaj, S., Landi, M., Sharma, A., Ramakrishnan, M., & Sharma, A. (2020). The impact of drought in plant metabolism: How to exploit tolerance mechanisms to increase crop production. *Applied Sciences (Switzerland)*, 10(16). <https://doi.org/10.3390/app10165692>

- Kapoor, D., Singh, S., Kumar, V., Romero, R., Prasad, R., & Singh, J. (2019). Antioxidant enzymes regulation in plants in reference to reactive oxygen species (ROS) and reactive nitrogen species (RNS). *Plant Gene*, 19. <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2019.100182>
- Kashiwa, T., Inami, K., Fujinaga, M., Ogiso, H., Yoshida, T., Teraoka, T., & Arie, T. (2013). An avirulence gene homologue in the tomato wilt fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 1 functions as a virulence gene in the cabbage yellows fungus *F. oxysporum* f. sp. *conglutinans*. *Journal of General Plant Pathology*, 79(6). <https://doi.org/10.1007/s10327-013-0471-5>
- Kawabe, M., Mizutani, K., Yoshida, T., Teraoka, T., Yoneyama, K., Yamaguchi, I., & Arie, T. (2004). Cloning of the pathogenicity-related gene FPD1 in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Journal of General Plant Pathology*, 70(1). <https://doi.org/10.1007/s10327-003-0089-0>
- Kee, Y. J., Zakaria, L., & Mohd, M. H. (2020). Morphology, phylogeny and pathogenicity of *Fusarium* species from *Sansevieria trifasciata* in Malaysia. *Plant Pathology*, 69(3). <https://doi.org/10.1111/ppa.13138>
- Kelso-Bucio, H.A., Bâ, K.M., Sánchez-Morales, S., Reyes-López, D. (2012) Estimación in situ del Kc ini de la vainilla (*Vanilla planifolia* A). *Agrociencia*, 46, 499-506.
- Khalid, A. R., Zhang, S., Luo, X., Shaheen, H., Majeed, A., Maqbool, M., Zahid, N., Rahim, J., Ren, M., & Qiu, D. (2021). Functional analysis of autophagy-related gene ATG12 in potato dry rot fungus *Fusarium oxysporum*. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(9). <https://doi.org/10.3390/ijms22094932>
- Khalil, M. I. I., & Youssef, S. A. (2024). Physiological and biochemical responses of *Alternaria alternata* infected tomato to *Trichoderma harzianum* and *Chaetomium globosum* application. *South African Journal of Botany*, 166. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.01.020>
- Kim, H. S., Kim, J. E., Frailey, D., Nohe, A., Duncan, R., Czymmek, K. J., & Kang, S. (2015). Roles of three *Fusarium oxysporum* calcium ion (Ca²⁺) channels

- in generating Ca²⁺ signatures and controlling growth. *Fungal Genetics and Biology*, 82. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2015.07.003>
- Kim, H. S., Park, S. Y., Lee, S., Adams, E. L., Czymmek, K., & Kang, S. (2011). Loss of cAMP-dependent protein kinase a affects multiple traits important for root pathogenesis by *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 24(6). <https://doi.org/10.1094/MPMI-11-10-0267>
- Kirkby, E. A. (2023). Introduction, definition, and classification of nutrients. In *Marschner's Mineral Nutrition of Plants*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819773-8.00016-2>
- Köhl, J., Kolnaar, R., & Ravensberg, W. J. (2019). Mode of action of microbial biological control agents against plant diseases: Relevance beyond efficacy. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 10). <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00845>
- Kouri, E. H. & College D. (2000). La vainilla de Papantla. *Agricultura, comercio y sociedad rural en el siglo XIX. Signos Históricos*, 1(3), 105-130.
- Kourí, E. (2002). El comercio de exportación en Tuxpan, 1870–1900. En: *El siglo XIX en las Huastecas*. A. Escobar-Ohmstede y L. Carregha (Ed.). pp. 297-320. CIESAS-COLSAN. San Luis Potosí, SLP.
- Kowalczyk, A., Przychodna, M., Sopata, S., Bodalska, A., & Fecka, I. (2020). Thymol and thyme essential oil—new insights into selected therapeutic applications. In *Molecules* (Vol. 25, Issue 18). <https://doi.org/10.3390/molecules25184125>
- Koyyappurath, S., Atuahiva, T., le Guen, R., Batina, H., le Squin, S., Gautheron, N., Edel Hermann, V., Peribe, J., Jahiel, M., Steinberg, C., Liew, E. C. Y., Alabouvette, C., Besse, P., Dron, M., Sache, I., Laval, V., & Grisoni, M. (2016). *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-vanillae* is the causal agent of root and stem rot of vanilla. *Plant Pathology*, 65(4). <https://doi.org/10.1111/ppa.12445>

- Koyyappurath, S., Conéjéro, G., Dijoux, J. B., Lapeyre-Montès, F., Jade, K., Chiroleu, F., Gatineau, F., Verdeil, J. L., Besse, P., & Grisoni, M. (2015). Differential responses of vanilla accessions to root rot and colonization by *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-vanillae*. *Frontiers in Plant Science*, 6(DEC). <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.01125>
- Krzyśko-Łupicka, T., Sokół, S., & Piekarska-Stachowiak, A. (2020). Evaluation of fungistatic activity of eight selected essential oils on four heterogeneous *Fusarium* isolates obtained from cereal grains in southern Poland. *Molecules*, 25(2). <https://doi.org/10.3390/molecules25020292>
- Kuanar, A., Nayak, P. K., Subudhi, E., & Nayak, S. (2014). In Vitro Selection of Turmeric Somaclone Resistant to *Fusarium oxysporum* f.sp. *Zingiberi*. *Proceedings of the National Academy of Sciences India Section B - Biological Sciences*, 84(4). <https://doi.org/10.1007/s40011-013-0295-2>
- Kumar, B., Kumar, S., & Thakur, M. (2012). In Vitro Mutation Induction and Selection of *Chrysanthemum* (*Dendranthema Grandiflora* Tzelev) Lines with Improved Resistance to *Septoria Obesa* Syd. *International Journal of Plant Research*, 2(4). <https://doi.org/10.5923/j.plant.20120204.01>
- Kumari, R., Kumar, V., Arukha, A. P., Rabbee, M. F., Ameen, F., & Koul, B. (2024a). Screening of the biocontrol efficacy of potent *Trichoderma* strains against *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceri* and *Scelrotium rolfsii* causing wilt and collar rot in chickpea. *Microorganisms*, 12(7), 1280.
- Kumari, M., Sharma, O. P., & Nathawat, B. D. S. (2024b). Pathogenicity, Host Range and Influence of Temperature, Humidity and pH Levels on the Growth of *Fusarium oxysporum* f.sp. *lentis*. *Legume Research*, 47(3). <https://doi.org/10.18805/LR-4509>
- Lamichhane, J. R., Barbetti, M. J., Chilvers, M. I., Pandey, A. K., & Steinberg, C. (2024). Exploiting root exudates to manage soil-borne disease complexes in a changing climate. In *Trends in Microbiology* (Vol. 32, Issue 1). <https://doi.org/10.1016/j.tim.2023.07.011>

- Lawrence, P., Jackson, L., Padamsee, M., Lee, K., & Lacap-Bugler, D. (2024). Screening of *Agathis australis* endophytes as biological control agents against kauri dieback pathogen *Phytophthora agathidicida*. *Journal of Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1007/s42161-023-01569-w>
- Lee, Y., Robbins, N., & Cowen, L. E. (2023). Molecular mechanisms governing antifungal drug resistance. *Npj Antimicrobials and Resistance*, 1(1). <https://doi.org/10.1038/s44259-023-00007-2>
- Leite, A. C., Ferreira, A. M., Morais, E. S., Khan, I., Freire, M. G., & Coutinho, J. A. P. (2018). Cloud Point Extraction of Chlorophylls from Spinach Leaves Using Aqueous Solutions of Nonionic Surfactants. *ACS Sustainable Chemistry and Engineering*, 6(1). <https://doi.org/10.1021/acssuschemeng.7b02931>
- Leroux, P., Gredt, M., Leroch, M., & Walker, A. S. (2010). Exploring mechanisms of resistance to respiratory inhibitors in field strains of *botrytis cinerea*, the causal agent of gray mold. *Applied and Environmental Microbiology*, 76(19). <https://doi.org/10.1128/AEM.00931-10>
- Levitus, G., Echennique, V., Rubinstein, C., Hopp, E., & Mroginski. (2010). BIOTECNOLOGÍA Y MEJORAMIENTO VEGETAL II. In *Biotecnología y Mejoramiento Vegetal II*.
- Li, B., Gao, Y., Mao, H. Y., Borkovich, K. A., & Ouyang, S. Q. (2019). The SNARE protein *FolVam7* mediates intracellular trafficking to regulate conidiogenesis and pathogenicity in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Environmental Microbiology*, 21(8). <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14585>
- Li, B., Mao, H. Y., Zhang, Z. Y., Chen, X. J., & Ouyang, S. Q. (2019). *FolVps9*, a Guanine Nucleotide Exchange Factor for *FolVps21*, Is Essential for Fungal Development and Pathogenicity in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02658>
- Li, C., Chen, S., Zuo, C., Sun, Q., Ye, Q., Yi, G., & Huang, B. (2011). The use of GFP-transformed isolates to study infection of banana with *Fusarium*

- oxysporum f. sp. cubense race 4. *European Journal of Plant Pathology*, 131(2). <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9811-5>
- Li, C., Yang, J., Li, W., Sun, J., & Peng, M. (2017). Direct root penetration and rhizome vascular colonization by *Fusarium Oxysporum* f. sp. cubense are the key steps in the successful infection of Brazil cavendish. *Plant Disease*, 101(12). <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-17-0467-RE>
- Li, C., Zuo, C., Deng, G., Kuang, R., Yang, Q., Hu, C., Sheng, O., Zhang, S., Ma, L., Wei, Y., Yang, J., Liu, S., Biswas, M. K., Viljoen, A., & Yi, G. (2013). Contamination of Bananas with Beauvericin and Fusaric Acid Produced by *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense. *PLoS ONE*, 8(7). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070226>
- Li, E., Wang, G., Xiao, J., Ling, J., Yang, Y., & Xie, B. (2016). A SIX1 homolog in *Fusarium oxysporum* f. sp. *conglutinans* is required for full virulence on cabbage. *PLoS ONE*, 11(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152273>
- Li, J., Ai, M., Hou, J., Zhu, P., Cui, X., & Yang, Q. (2024). Plant–pathogen interaction with root rot of *Panax notoginseng* as a model: Insight into pathogen pathogenesis, plant defence response and biological control. In *Molecular Plant Pathology* (Vol. 25, Issue 2). <https://doi.org/10.1111/mpp.13427>
- Li, J., Feng, L., Li, D., Liu, X., Pan, Y., He, J., & Zhang, J. (2022). ROS Regulate NCF2, Key Metabolic Enzymes and MDA Levels to Affect the Growth of *Fusarium solani*. *Agriculture (Switzerland)*, 12(11). <https://doi.org/10.3390/agriculture12111840>
- Li, J., Ma, X., Wang, C., Liu, S., Yu, G., Gao, M., Qian, H., Liu, M., Luisi, B. F., Gabriel, D. W., & Liang, W. (2022). Acetylation of a fungal effector that translocates host PR1 facilitates virulence. *ELife*, 11. <https://doi.org/10.7554/eLife.82628>
- Li, L., Zhu, T., Song, Y., Feng, L., Kear, P. J., Riseh, R. S., Sitohy, M., Datla, R., & Ren, M. (2022). Salicylic acid fights against *Fusarium* wilt by inhibiting target

- of rapamycin signaling pathway in *Fusarium oxysporum*. *Journal of Advanced Research*, 39. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2021.10.014>
- Li, L., Zhu, T., Song, Y., Luo, X., Datla, R., & Ren, M. (2021). Target of rapamycin controls hyphal growth and pathogenicity through FoTIP4 in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 22(10). <https://doi.org/10.1111/mpp.13108>
- Li, M. F., Li, G. H., & Zhang, K. Q. (2019). Non-volatile metabolites from *Trichoderma* spp. In *Metabolites* (Vol. 9, Issue 3). <https://doi.org/10.3390/metabo9030058>
- Li, M. H., Xie, X. L., Lin, X. F., Shi, J. X., Ding, Z. J., Ling, J. F., Xi, P. G., Zhou, J. N., Leng, Y., Zhong, S. & Jiang, Z. D. (2014). Functional characterization of the gene FoOCH1 encoding a putative α -1, 6-mannosyltransferase in *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. *Fungal Genetics and Biology*, 65, 1-13.
- Li, M., Xie, L., Wang, M., Lin, Y., Zhong, J., Zhang, Y., Zeng, J., Kong, G., Xi, P., Li, H., Ma, L. J., & Jiang, Z. (2022). FoQDE2-dependent miRNA promotes *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* virulence by silencing a glycosyl hydrolase coding gene expression. *PLoS Pathogens*, 18(5). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010157>
- Li, P., Pu, X., Feng, B., Yang, Q., Shen, H., Zhang, J., & Lin, B. (2015). FocVel1 influences asexual production, filamentous growth, biofilm formation, and virulence in *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum*. *Frontiers in Plant Science*, 6(MAY). <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00312>
- Li, W., Wang, X., Li, C., Sun, J., Li, S., & Peng, M. (2019). Dual species transcript profiling during the interaction between banana (*Musa acuminata*) and the fungal pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. *BMC Genomics*, 20(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5902-z>
- Li, W., Wang, X., Jiang, Y., Cui, S., Hu, J., Wei, Y., Li, J. & Wu, Y. (2024b). Volatile organic compounds produced by co-culture of *Burkholderia vietnamiensis* B418 with *Trichoderma harzianum* T11-W exhibits Improved antagonistic

activities against fungal phytopathogens. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(20), 11097.

Lilay, G. H., Thiébaud, N., du Mee, D., Assunção, A. G. L., Schjoerring, J. K., Husted, S., & Persson, D. P. (2024). Linking the key physiological functions of essential micronutrients to their deficiency symptoms in plants. In *New Phytologist* (Vol. 242, Issue 3). <https://doi.org/10.1111/nph.19645>

Liu, J., An, B., Luo, H., He, C., & Wang, Q. (2022). The histone acetyltransferase FocGCN5 regulates growth, conidiation, and pathogenicity of the banana wilt disease causal agent *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* tropical race 4. *Research in Microbiology*, 173(3). <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2021.103902>

Liu, J., Wang, C., Kong, L., Yang, Y., Cui, X., Li, K., & Nian, H. (2023). Rho2 involved in development, stress response and pathogenicity of *Fusarium oxysporum*. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 39(10). <https://doi.org/10.1007/s11274-023-03720-2>

Liu, L., Huang, Y., Song, H., Luo, M., & Dong, Z. (2023). α -Pheromone Precursor Protein Foc4-PP1 Is Essential for the Full Virulence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4. *Journal of Fungi*, 9(3). <https://doi.org/10.3390/jof9030365>

Liu, S., Dai, H., Orfali, R. S., Lin, W., Liu, Z., & Proksch, P. (2016). New Fusaric Acid Derivatives from the Endophytic Fungus *Fusarium oxysporum* and Their Phytotoxicity to Barley Leaves. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 64(16). <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.6b00219>

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). <https://doi.org/10.1111/nph.16193>

- Liu, S., Wu, B., Yang, J., Bi, F., Dong, T., Yang, Q., Hu, C., Xiang, D., Chen, H., Huang, H., Shao, C., Chen, Y., Yi, G., Li, C., & Guo, X. (2019). A ceratoplatanin family protein FocCP1 is essential for the penetration and virulence of *Fusarium oxysporum* f. Sp. cubense tropical race 4. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(15). <https://doi.org/10.3390/ijms20153785>
- Livigni, S., Lucini, L., Segal, D., Navacchi, O., Pandolfini, T., Zamboni, A., & Varanini, Z. (2019). The different tolerance to magnesium deficiency of two grapevine rootstocks relies on the ability to cope with oxidative stress. *BMC Plant Biology*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1726-x>
- Loaiza Campiño, I. D., Mesa López, N., & Villegas Hienapié, A. M. (2020). Selection of somaclonal variants of maracuyá (*passiflora Edulis* var *Flavicarpa*. Deneger) tolerant to water deficit. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 22(2). <https://doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v22n2.79623>
- Lobna, H., Aymen, E. M., Hajer, R., Naima, M. B., & Najet, H. R. (2017). Biochemical and plant nutrient alterations induced by *Meloidogyne javanica* and *Fusarium oxysporum* f.Sp.radicis lycopersici co-infection on tomato cultivars with differing level of resistance to *M. javanica*. *European Journal of Plant Pathology*, 148(2). <https://doi.org/10.1007/s10658-016-1104-6>
- Lombardi, N., Vitale, S., Turr À, D., Reverberi, M., Fanelli, C., Vinale, F., Marra, R., Ruocco, M., Pascale, A., D'Errico, G., Woo, S. L., & Lorito, M. (2018). Root exudates of stressed plants stimulate and attract trichoderma soil fungi. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 31(10). <https://doi.org/10.1094/MPMI-12-17-0310-R>
- López-Berges, M. S. (2020). ZafA-mediated regulation of zinc homeostasis is required for virulence in the plant pathogen *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 21(2). <https://doi.org/10.1111/mpp.12891>
- López-Berges, M. S., Capilla, J., Turra, D., Schaffner, L., Matthijs, S., Jochl, C., Cornelis, P., Guarro, J., Haas, H., & di Pietro, A. (2012). HapX-mediated iron homeostasis is essential for rhizosphere competence and virulence of the

- soilborne pathogen *Fusarium oxysporum*. *Plant Cell*, 24(9).
<https://doi.org/10.1105/tpc.112.098624>
- López-Berges, M. S., Hera, C., Sulyok, M., Schäfer, K., Capilla, J., Guarro, J., & di Pietro, A. (2013). The velvet complex governs mycotoxin production and virulence of *Fusarium oxysporum* on plant and mammalian hosts. *Molecular Microbiology*, 87(1). <https://doi.org/10.1111/mmi.12082>
- López-Berges, M. S., Rispail, N., Prados-Rosales, R. C., & di Pietro, A. (2010). A nitrogen response pathway regulates virulence functions in *Fusarium oxysporum* via the protein kinase TOR and the bZIP protein MeaB. *Plant Cell*, 22(7). <https://doi.org/10.1105/tpc.110.075937>
- López-Díaz, C., Rahjoo, V., Sulyok, M., Ghionna, V., Martín-Vicente, A., Capilla, J., di Pietro, A., & López-Berges, M. S. (2018). Fusaric acid contributes to virulence of *Fusarium oxysporum* on plant and mammalian hosts. *Molecular Plant Pathology*, 19(2). <https://doi.org/10.1111/mpp.12536>
- López-Fernández, L., Ruiz-Roldán, C., Pareja-Jaime, Y., Prieto, A., Khraiwesh, H., & Roncero, M. I. G. (2013). The *Fusarium oxysporum* gnt2, encoding a putative N-acetylglucosamine transferase, is involved in cell wall architecture and virulence. *PLoS ONE*, 8(12).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0084690>
- Løvschall, K. B., Velasquez, S. T. R., Kowalska, B., Ptaszek, M., Jarecka, A., Szczech, M., & Wurm, F. R. (2024). Enhancing Stability and Efficacy of Trichoderma Bio-Control Agents Through Layer-by-Layer Encapsulation for Sustainable Plant Protection. *Advanced Sustainable Systems*, 8(7).
<https://doi.org/10.1002/adsu.202300409>
- Loyola-Vargas, V. M., & Ochoa-Alejo, N. (2018). An Introduction to Plant Tissue Culture: Advances and Perspectives. In *Methods in Molecular Biology* (Vol. 1815). https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8594-4_1
- Lu, S., Deng, H., Lin, Y., Huang, M., You, H., Zhang, Y., Zhuang, W., Lu, G., & Yun, Y. (2024). A Network of Sporogenesis-Responsive Genes Regulates the

- Growth, Asexual Sporogenesis, Pathogenesis and Fusaric Acid Production of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. *Journal of Fungi*, 10(1). <https://doi.org/10.3390/jof10010001>
- Lubinsky, P., Bory, S., Hernández Hernández, J., Kim, S. C., & Gómez-Pompa, A. (2008). Origins and dispersal of cultivated vanilla (*Vanilla planifolia* Jacks. [Orchidaceae]). *Economic Botany*, 62(2). <https://doi.org/10.1007/s12231-008-9014-y>
- Luo, Q., Xie, H., Chen, Z., Ma, Y., Yang, H., Yang, B., & Ma, Y. (2023). Morphology, photosynthetic physiology and biochemistry of nine herbaceous plants under water stress. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1147208>
- Ma, B., Ning, Y. N., Li, C. X., Tian, D., Guo, H., Pang, X. M., Luo, X. M., Zhao, S., & Feng, J. X. (2021). A mitogen-activated protein kinase PoxMK1 mediates regulation of the production of plant-biomass-degrading enzymes, vegetative growth, and pigment biosynthesis in *Penicillium oxalicum*. *Applied Microbiology and Biotechnology*. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-11020-0>
- Ma, L., Houterman, P. M., Gawehns, F., Cao, L., Sillo, F., Richter, H., Clavijo-Ortiz, M. J., Schmidt, S. M., Boeren, S., Vervoort, J., Cornelissen, B. J. C., Rep, M., & Takken, F. L. W. (2015). The AVR2-SIX5 gene pair is required to activate I-2-mediated immunity in tomato. *New Phytologist*, 208(2). <https://doi.org/10.1111/nph.13455>
- Ma, Y., Liu, D., Wariss, H. M., Zhang, R., Tao, L., Milne, R. I., & Sun, W. (2022). Demographic history and identification of threats revealed by population genomic analysis provide insights into conservation for an endangered maple. *Molecular Ecology*, 31(3). <https://doi.org/10.1111/mec.16289>
- Macías Sánchez, K. L., González Martínez, H. D. R., Carrera Cerritos, R., & Martínez Espinosa, J. C. (2023). In Vitro Evaluation of the Antifungal Effect of

- AgNPs on *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Nanomaterials*, 13(7). <https://doi.org/10.3390/nano13071274>
- Madrid, M. P., di Pietro, A., & Roncero, M. I. G. (2003). Class V chitin synthase determines pathogenesis in the vascular wilt fungus *Fusarium oxysporum* and mediates resistance to plant defence compounds. *Molecular Microbiology*, 47(1). <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2003.03299.x>
- Mahadeo, K., Palama, T. L., Côme, B., & Kodja, H. (2022). Vanilla: Culture, Reproduction, Phytochemistry, Curing, Pest, and Diseases. In Reference Series in Phytochemistry. https://doi.org/10.1007/978-3-030-38392-3_13
- Mahlanza, T., Rutherford, R. S., Snyman, S. J., & Watt, M. P. (2013). In vitro generation of somaclonal variant plants of sugarcane for tolerance to *Fusarium sacchari*. *Plant Cell Reports*, 32(2). <https://doi.org/10.1007/s00299-012-1359-0>
- Malini, S. (1966). Heavy Metal Chelates of Fusaric Acid: In vitro Spectrophotometry. *Journal of Phytopathology*, 57(3). <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1966.tb02277.x>
- Manici, L. M., Caputo, F., & Saccà, M. L. (2017). Secondary metabolites released into the rhizosphere by *Fusarium oxysporum* and *Fusarium* spp. as underestimated component of nonspecific replant disease. *Plant and Soil*, 415(1–2). <https://doi.org/10.1007/s11104-016-3152-2>
- Manzar, N., Kashyap, A. S., Goutam, R. S., Rajawat, M. V. S., Sharma, P. K., Sharma, S. K., & Singh, H. V. (2022). Trichoderma: Advent of Versatile Biocontrol Agent, Its Secrets and Insights into Mechanism of Biocontrol Potential. In *Sustainability (Switzerland)* (Vol. 14, Issue 19). <https://doi.org/10.3390/su141912786>
- Marchese, A., Orhan, I. E., Daglia, M., Barbieri, R., di Lorenzo, A., Nabavi, S. F., Gortzi, O., Izadi, M., & Nabavi, S. M. (2016). Antibacterial and antifungal activities of thymol: A brief review of the literature. In *Food Chemistry* (Vol. 210). <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2016.04.111>

- Mariscal, M., Miguel-Rojas, C., Hera, C., Fernandes, T. R., & di Pietro, A. (2022). *Fusarium oxysporum* Casein Kinase 1, a Negative Regulator of the Plasma Membrane H⁺-ATPase Pma1, Is Required for Development and Pathogenicity. *Journal of Fungi*, 8(12). <https://doi.org/10.3390/jof8121300>
- Martinez, Y., Ribera, J., Schwarze, F. W. M. R., & de France, K. (2023). Biotechnological development of *Trichoderma*-based formulations for biological control. In *Applied Microbiology and Biotechnology* (Vol. 107, Issue 18). <https://doi.org/10.1007/s00253-023-12687-x>
- Martínez-Rocha, A. L., Roncero, M. I. G., López-Ramírez, A., Mariné, M., Guarro, J., Martínez-Cadena, G., & di Pietro, A. (2008). Rho1 has distinct functions in morphogenesis, cell wall biosynthesis and virulence of *Fusarium oxysporum*. *Cellular Microbiology*, 10(6). <https://doi.org/10.1111/j.1462-5822.2008.01130.x>
- Martínez-Soto, D., Yu, H., Allen, K. S., & Ma, L. J. (2023). Differential Colonization of the Plant Vasculature between Endophytic Versus Pathogenic *Fusarium oxysporum* Strains. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 36(1). <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-22-0166-SC>
- Martín-Udóroz, M., Madrid, M. P., & Roncero, M. I. G. (2004). Role of chitin synthase genes in *Fusarium oxysporum*. *Microbiology*, 150(10). <https://doi.org/10.1099/mic.0.27236-0>
- Martín-Urdóroz, M., Roncero, M. I. G., González-Reyes, J. A., & Ruiz-Roldán, C. (2008). ChsVb, a class VII chitin synthase involved in septation, is critical for pathogenicity in *Fusarium oxysporum*. *Eukaryotic Cell*, 7(1). <https://doi.org/10.1128/EC.00347-07>
- Masiello, M., Somma, S., Ghionna, V., Francesco Logrieco, A., & Moretti, A. (2019). In vitro and in field response of different fungicides against *aspergillus flavus* and *fusarium* species causing ear rot disease of maize. *Toxins*, 11(1). <https://doi.org/10.3390/toxins11010011>

- Mccormick, M. K., & Jacquemyn, H. (2014). What constrains the distribution of orchid populations? *New Phytologist*, 202(2). <https://doi.org/10.1111/nph.12639>
- McCubbin, T. J., & Braun, D. M. (2021). Phloem anatomy and function as shaped by the cell wall. In *Journal of Plant Physiology* (Vol. 266). <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2021.153526>
- Meddad-Hamza, A., Benzina, F., Meddad, C., Hamza, N., Reghmit, A., Ziane, H., & Ksentini, H. (2023). Biological control of arbuscular mycorrhizal fungi and *Trichoderma harzianum* against *Fusarium oxysporum* and *Verticillium dahliae* induced wilt in tomato plants. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 33(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-023-00737-5>
- Meena, M., Swapnil, P., Zehra, A., Dubey, M. K., & Upadhyay, R. S. (2017). Antagonistic assessment of *Trichoderma* spp. by producing volatile and non-volatile compounds against different fungal pathogens. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 50(13–14). <https://doi.org/10.1080/03235408.2017.1357360>
- Menna, A., Dora, S., Sancho-Andrés, G., Kashyap, A., Meena, M. K., Sklodowski, K., Gasperini, D., Coll, N. S., & Sánchez-Rodríguez, C. (2021). A primary cell wall cellulose-dependent defense mechanism against vascular pathogens revealed by time-resolved dual transcriptomics. *BMC Biology*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01100-6>
- Michielse, C. B., Reijnen, L., Olivain, C., Alabouvette, C., & Rep, M. (2012). Degradation of aromatic compounds through the β -ketoadipate pathway is required for pathogenicity of the tomato wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Molecular Plant Pathology*, 13(9). <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2012.00818.x>
- Michielse, C. B., & Rep, M. (2009). Pathogen profile update: *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 10(3). <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00538.x>

- Michielse, C. B., van Wijk, R., Reijnen, L., Cornelissen, B. J. C., & Rep, M. (2008). Insight into the molecular requirements for pathogenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* through large-scale insertional mutagenesis. *Genome Biology*, 10(1). <https://doi.org/10.1186/gb-2009-10-1-r4>
- Michielse, C. B., van Wijk, R., Reijnen, L., Manders, E. M. M., Boas, S., Olivain, C., Alabouvette, C., & Rep, M. (2009). The nuclear protein Sge1 of *Fusarium oxysporum* is required for parasitic growth. *PLoS Pathogens*, 5(10). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000637>
- Miguel-Rojas, C., & Hera, C. (2016). The F-box protein Fbp1 functions in the invasive growth and cell wall integrity mitogen-activated protein kinase (MAPK) pathways in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 17(1). <https://doi.org/10.1111/mpp.12259>
- Miller, M. A., & Olivas, W. M. (2011). Roles of Puf proteins in mRNA degradation and translation. In *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA* (Vol. 2, Issue 4). <https://doi.org/10.1002/wrna.69>
- Mohapatra, S., & Mittra, B. (2017). Alleviation of *Fusarium oxysporum* induced oxidative stress in wheat by *Trichoderma viride*. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 50(1–2). <https://doi.org/10.1080/03235408.2016.1263052>
- Mohiddin, F. A., Padder, S. A., Bhat, A. H., Ahanger, M. A., Shikari, A. B., Wani, S. H., Bhat, F. A., Sajad, N., Hamid, A., Bhat, N. A., Sofi, N. R., Waza, S. A., Hamid, B., Parveen, S., Hussain, A., Bhat, A. N., Ali, O. M., Dar, M. S., & Latef, A. A. H. A. (2021). Phylogeny and optimization of *trichoderma harzianum* for chitinase production: Evaluation of their antifungal behaviour against the prominent soil borne phyto-pathogens of temperate india. *Microorganisms*, 9(9). <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091962>
- Moreno-Ruiz, D., Lichius, A., Turrà, D., di Pietro, A., & Zeilinger, S. (2020). Chemotropism Assays for Plant Symbiosis and Mycoparasitism Related

- Compound Screening in *Trichoderma atroviride*. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.601251>
- Mosquera-Espinosa, A. T., Bonilla-Monar, A., Flanagan, N. S., Rivas, Á., Sánchez, F., Chavarriaga, P., Bedoya, A., & Riascos-Ortiz, D. (2022). In Vitro Evaluation of the Development of *Fusarium* in Vanilla Accessions. *Agronomy*, 12(11). <https://doi.org/10.3390/agronomy12112831>
- Mukherjee, P. K., Mendoza-Mendoza, A., Zeilinger, S., & Horwitz, B. A. (2022). Mycoparasitism as a mechanism of *Trichoderma*-mediated suppression of plant diseases. In *Fungal Biology Reviews* (Vol. 39). <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2021.11.004>
- Mukhopadhyay, R., & Kumar, D. (2020). *Trichoderma*: a beneficial antifungal agent and insights into its mechanism of biocontrol potential. In *Egyptian Journal of Biological Pest Control* (Vol. 30, Issue 1). <https://doi.org/10.1186/s41938-020-00333-x>
- Munasinghe, S., Somaratne, S., Weerakoon, S., & Ranasinghe, C. (2021). Sustainable utilization of *Gyrinops walla* Gaetner: in vitro production of sesquiterpenes by chemical and biological elicitation. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s43141-021-00187-2>
- Nafisa, Shoaib, A., Iqbal, J., & Khan, K. A. (2020). Evaluation of phenotypic, physiological and biochemical attributes connected with resistance in tomato against *Alternaria solani*. *Acta Physiologiae Plantarum*, 42(5). <https://doi.org/10.1007/s11738-020-03076-2>
- Namiki, F., Matsunaga, M., Okuda, M., Inoue, I., Nishi, K., Fujita, Y., & Tsuge, T. (2001). Mutation of an arginine biosynthesis gene causes reduced pathogenicity in *Fusarium oxysporum* f. sp. melonis. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 14(4). <https://doi.org/10.1094/MPMI.2001.14.4.580>
- Namisy, A., Chen, S.-Y., Huang, J.-H., Unartngam, J., Thanarut, C., & Chung, W.-H. (2024). Histopathology and quantification of green fluorescent protein-

- tagged *Fusarium oxysporum* f. sp. *luffae* isolate in resistant and susceptible Luffa germplasm. *Microbiology Spectrum*, 12(2). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03127-23>
- Navarro-Velasco, G. Y., Di Pietro, A., & López-Berges, M. S. (2023). Constitutive activation of TORC1 signalling attenuates virulence in the cross-kingdom fungal pathogen *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 24(4). <https://doi.org/10.1111/mpp.13292>
- Nchu, F., Macuphe, N., Rhoda, I., Niekerk, L. A., Basson, G., Keyster, M., & Etsassala, N. G. E. R. (2022). Endophytic *Beauveria bassiana* Induces Oxidative Stress and Enhances the Growth of *Fusarium oxysporum*-Infected Tomato Plants. *Plants*, 11(22). <https://doi.org/10.3390/plants11223182>
- Nelson, P. E. (1981). Life Cycle and Epidemiology of *Fusarium oxysporum*. In *Fungal Wilt Diseases of Plants*. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-464450-2.50008-5>
- Niño-Sánchez, J., Casado-Del Castillo, V., Tello, V., de Vega-Bartol, J. J., Ramos, B., Sukno, S. A., & Díaz Mínguez, J. M. (2016). The FTF gene family regulates virulence and expression of SIX effectors in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 17(7). <https://doi.org/10.1111/mpp.12373>
- Niu, X., Zhao, X., Ling, K. S., Levi, A., Sun, Y., & Fan, M. (2016). The FonSIX6 gene acts as an avirulence effector in the *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*-watermelon pathosystem. *Scientific Reports*, 6. <https://doi.org/10.1038/srep28146>
- Nofal, A. M., El-Rahman, M. A., Abdelghany, T. M., & Abd El-Mongy, M. (2021). Mycoparasitic nature of Egyptian *Trichoderma* isolates and their impact on suppression *Fusarium* wilt of tomato. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 31(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00450-1>
- Noman, M., Azizullah, N., Ahmed, T., Gao, Y., Wang, H., Xiong, X., Wang, J., Lou, J., Li, D., & Song, F. (2023). Degradation of α -Subunits, Doa1 and Doa4, are Critical for Growth, Development, Programmed Cell Death Events, Stress

- Responses, and Pathogenicity in the Watermelon Fusarium Wilt Fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 71(30). <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c01785>
- Nordzieke, D. E., Fernandes, T. R., el Ghalid, M., Turrà, D., & di Pietro, A. (2019). NADPH oxidase regulates chemotropic growth of the fungal pathogen *Fusarium oxysporum* towards the host plant. *New Phytologist*, 224(4). <https://doi.org/10.1111/nph.16085>
- Nunez-Rodriguez, J. C., Ruiz-Roldán, C., Lemos, P., Membrives, S., & Hera, C. (2020). The phosphatase Ptc6 is involved in virulence and MAPK signalling in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 21(2). <https://doi.org/10.1111/mpp.12889>
- Nwauzoma, A., & Jaja, E. (2013). A review of somaclonal variation in plantain (*Musa* spp): mechanisms and applications. *Journal of Applied Biosciences*, 67(0). <https://doi.org/10.4314/jab.v67i0.95046>
- Odoux, E., & Brillouet, J. M. (2009). Anatomy, histochemistry and biochemistry of glucovanillin, oleoresin and mucilage accumulation sites in green mature vanilla pod (*Vanilla planifolia*; Orchidaceae): A comprehensive and critical reexamination. *Fruits*, 64(4). <https://doi.org/10.1051/fruits/2009017>
- Ohara, T., Inoue, I., Namiki, F., Kunoh, H., & Tsuge, T. (2004). REN1 is Required for Development of Microconidia and Macroconidia, but Not of Chlamydospores, in the Plant Pathogenic Fungus *Fusarium oxysporum*. *Genetics*, 166(1). <https://doi.org/10.1534/genetics.166.1.113>
- Ohara, T., & Tsuge, T. (2004). FoSTUA, encoding a basic helix-loop-helix protein, differentially regulates development of three kinds of asexual spores, macroconidia, microconidia, and chlamydospores, in the fungal plant pathogen *Fusarium oxysporum*. *Eukaryotic Cell*, 3(6). <https://doi.org/10.1128/EC.3.6.1412-1422.2004>

- Orina, A., Gavrilova, O., & Gagkaeva, T. (2020). The effect of fungicides on growth of *Fusarium* fungi in vitro. *BIO Web of Conferences*, 18. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20201800022>
- Orr, R., & Nelson, P. N. (2018). Impacts of soil abiotic attributes on *Fusarium* wilt, focusing on bananas. In *Applied Soil Ecology* (Vol. 132). <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2018.06.019>
- Ortega-Macareno, L. C., Iglesias-Andreu, L. G., Luna-Rodríguez, M., & Noa-Carrazana, J. C. (2023). Resistance induction in *Vanilla planifolia* Jacks. by foliar spray of salicylic acid (SA) against *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*. *Vegetos*. <https://doi.org/10.1007/s42535-023-00740-z>
- Ortiz-Martínez, L. E., Robles-Yerena, L., Leyva-Mir, S. G., Camacho-Tapia, M., & Juárez-Rodríguez, L. (2021). *Fusarium* sp., causal agent of vascular wilt in citrus and its sensitivity to fungicides. *Revista Mexicana de Fitopatología, Mexican Journal of Phytopathology*, 40(1). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2106-3>
- Ospina-Giraldo, M. D., Mullins, E., & Kang, S. (2003). Loss of function of the *Fusarium oxysporum* SNF1 gene reduces virulence on cabbage and *Arabidopsis*. *Current Genetics*, 44(1). <https://doi.org/10.1007/s00294-003-0419-y>
- Pacheco-Hernández, Y., Hidalgo-Martínez, D., Zepeda-Vallejo, G., Cruz-Narváez, Y., Escobar-García, R. L., Becerra-Martínez, E., & Villa-Ruano, N. (2022). Untargeted ¹H-NMR Metabolome of Celery During *Fusarium* Wilt: Implications for Vegetable Quality. *Chemistry and Biodiversity*, 19(12). <https://doi.org/10.1002/cbdv.202200745>
- Palos-Fernández, R., Turrà, D., & Pietro, A. di. (2022). The Gal4-Type Transcription Factor Pro1 Integrates Inputs from Two Different MAPK Cascades to Regulate Development in the Fungal Pathogen *Fusarium oxysporum*. *Journal of Fungi*, 8(12). <https://doi.org/10.3390/jof8121242>

- Pareek, M., Almog, Y., Bari, V. K., Hazkani-Covo, E., Onn, I., & Covo, S. (2019). Alternative functional rad21 paralogs in *Fusarium oxysporum*. *Frontiers in Microbiology*, 10(JUN). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01370>
- Pareek, M., & Rajam, M. V. (2017). RNAi-mediated silencing of MAP kinase signalling genes (Fmk1, Hog1, and Pbs2) in *Fusarium oxysporum* reduces pathogenesis on tomato plants. *Fungal Biology*, 121(9). <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2017.05.005>
- Pareja-Jaime, Y., Roncero, M. I. G., & Ruiz-Roldán, M. C. (2008). Tomatinase from *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* is required for full virulence on tomato plants. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 21(6). <https://doi.org/10.1094/MPMI-21-6-0728>
- Pattathil, S., Hahn, M. G., Dale, B. E., & Chundawat, S. P. S. (2015). Insights into plant cell wall structure, architecture, and integrity using glycome profiling of native and AFEXTM-pretreated biomass. *Journal of Experimental Botany*, 66(14). <https://doi.org/10.1093/jxb/erv107>
- Paugh, K. R., & Gordon, T. R. (2021). Survival of *fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* on crop residue in soil. *Plant Disease*, 105(4). <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-20-1464-RE>
- Pérez-Nadales, E., & di Pietro, A. (2011). The membrane mucin Msb2 regulates invasive growth and plant infection in *fusarium oxysporum*. *Plant Cell*, 23(3). <https://doi.org/10.1105/tpc.110.075093>
- Perez-Nadales, E., & di Pietro, A. (2015). The transmembrane protein Sho1 cooperates with the mucin Msb2 to regulate invasive growth and plant infection in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 16(6). <https://doi.org/10.1111/mpp.12217>
- Pérez-Silva, A., Odoux, E., Brat, P., Ribeyre, F., Rodriguez-Jimenes, G., Robles-Olvera, V., García-Alvarado, M. A., & Günata, Z. (2006). GC-MS and GC-olfactometry analysis of aroma compounds in a representative organic aroma

- extract from cured vanilla (*Vanilla planifolia* G. Jackson) beans. *Food Chemistry*, 99(4). <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2005.08.050>
- Phaenark, C., Niamsuthi, A., Paejaroen, P., Chunchob, S., Cronberg, N., & Sawangproh, W. (2023). Comparative Toxicity of Heavy Metals Cd, Pb, and Zn to Three Acrocarpous Moss Species using Chlorophyll Contents. *Trends in Sciences*, 20(2). <https://doi.org/10.48048/tis.2023.4287>
- Phaenark, C., Seechanhoi, P., & Sawangproh, W. (2024). Metal toxicity in *Bryum coronatum* Schwaegrichen: impact on chlorophyll content, lamina cell structure, and metal accumulation. *International Journal of Phytoremediation*, 26(8). <https://doi.org/10.1080/15226514.2024.2317878>
- Pinaria, A. G., Liew, E. C. Y., & Burgess, L. W. (2010). *Fusarium* species associated with vanilla stem rot in Indonesia. *Australasian Plant Pathology*, 39(2). <https://doi.org/10.1071/AP09079>
- Porra, R. J. (2002). The chequered history of the development and use of simultaneous equations for the accurate determination of chlorophylls a and b. In *Photosynthesis Research* (Vol. 73, Issues 1–3). <https://doi.org/10.1023/A:1020470224740>
- Porras-Alfaro, A., & Bayman, P. (2007). Mycorrhizal fungi of Vanilla: Diversity, specificity and effects on seed germination and plant growth. *Mycologia*, 99(4). <https://doi.org/10.3852/mycologia.99.4.510>
- Portal González, N., Soler, A., Ribadeneira, C., Solano, J., Portieles, R., Herrera Isla, L., Companioni, B., Borrás-Hidalgo, O., & Santos Bermudez, R. (2021). Phytotoxic Metabolites Produce by *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Race 2. *Frontiers in Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.629395>
- Prados Rosales, R. C., & di Pietro, A. (2008). Vegetative hyphal fusion is not essential for plant infection by *fusarium oxysporum*. *Eukaryotic Cell*, 7(1). <https://doi.org/10.1128/EC.00258-07>

- Qi, X., Guo, L., Yang, L., & Huang, J. (2013). Foatf1, a bZIP transcription factor of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, is involved in pathogenesis by regulating the oxidative stress responses of Cavendish banana (*Musa* spp.). *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 84(1). <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2013.07.007>
- Qi, X., Liu, L., & Wang, J. (2019). Stress response regulator FoSkn7 participates in the pathogenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 4 by conferring resistance to exogenous oxidative stress. *Journal of General Plant Pathology*, 85(5). <https://doi.org/10.1007/s10327-019-00858-6>
- Qian, H., Wang, L., Wang, B., & Liang, W. (2022). The secreted ribonuclease T2 protein FoRnt2 contributes to *Fusarium oxysporum* virulence. *Molecular Plant Pathology*, 23(9). <https://doi.org/10.1111/mpp.13237>
- Qiu, M., Deng, Y., Deng, Q., Sun, L., Fang, Z., Wang, Y., Huang, X., & Zhao, J. (2022). Cysteine Inhibits the Growth of *Fusarium oxysporum* and Promotes T-2 Toxin Synthesis through the Gtr/Tap42 Pathway. *Microbiology Spectrum*, 10(6). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03682-22>
- Qualhato, T. F., Lopes, F. A. C., Steindorff, A. S., Brandão, R. S., Jesuino, R. S. A., & Ulhoa, C. J. (2013). Mycoparasitism studies of *Trichoderma* species against three phytopathogenic fungi: Evaluation of antagonism and hydrolytic enzyme production. *Biotechnology Letters*, 35(9). <https://doi.org/10.1007/s10529-013-1225-3>
- Ramírez-Mosqueda, M. A., & Iglesias-Andreu, L. G. (2015). Indirect organogenesis and assessment of somaclonal variation in plantlets of *Vanilla planifolia* Jacks. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 123(3). <https://doi.org/10.1007/s11240-015-0868-2>
- Ramírez-Mosqueda, M. A., & Iglesias-Andreu, L. G. (2016). Evaluation of different temporary immersion systems (BIT®, BIG, and RITA®) in the micropropagation of *Vanilla planifolia* Jacks. *In Vitro Cellular and*

Developmental Biology - Plant, 52(2). <https://doi.org/10.1007/s11627-015-9735-4>

Ramírez-Mosqueda, M. A., Iglesias-Andreu, L. G., Luna-Rodríguez, M., & Castro-Luna, A. A. (2015). In vitro phytotoxicity of culture filtrates of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae* in *Vanilla planifolia* Jacks. *Scientia Horticulturae*, 197. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.10.019>

Ramírez-Mosqueda, M. A., Iglesias-Andreu, L. G., Teixeira da Silva, J. A., Luna-Rodríguez, M., Noa-Carrazana, J. C., Bautista-Aguilar, J. R., Leyva-Ovalle, O. R., & Murguía-González, J. (2019). In vitro selection of vanilla plants resistant to *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*. *Acta Physiologiae Plantarum*, 41(3). <https://doi.org/10.1007/s11738-019-2832-y>

Ramírez-Suero, M., Khanshour, A., Martínez, Y., & Rickauer, M. (2010). A study on the susceptibility of the model legume plant *Medicago truncatula* to the soil-borne pathogen *Fusarium oxysporum*. *European Journal of Plant Pathology*, 126(4). <https://doi.org/10.1007/s10658-009-9560-x>

Ramos-Castellá, A., Iglesias-Andreu, L. G., Bello-Bello, J., & Lee-Espinosa, H. (2014). Improved propagation of vanilla (*Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews) using a temporary immersion system. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant*, 50(5). <https://doi.org/10.1007/s11627-014-9602-8>

Rebouças, T. A., de Jesus Rocha, A., Cerqueira, T. S., Adorno, P. R., Barreto, R. Q., Ferreira, M. dos S., Morais Lino, L. S., Batista de Oliveira Amorim, V., Almeida dos Santos-Serejo, J., Haddad, F., Ferreira, C. F., & Amorim, E. P. (2021). Pre-selection of banana somaclones resistant to *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, subtropical race 4. *Crop Protection*, 147. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105692>

Redkar, A., Sabale, M., Schudoma, C., Zechmann, B., Gupta, Y. K., López-Berges, M. S., Venturini, G., Gimenez-Ibanez, S., Turrà, D., Solano, R., & di Pietro, A. (2022). Conserved secreted effectors contribute to endophytic growth and

- multihost plant compatibility in a vascular wilt fungus. *Plant Cell*, 34(9). <https://doi.org/10.1093/plcell/koac174>
- Redza-Dutordoir, M., & Averill-Bates, D. A. (2016). Activation of apoptosis signalling pathways by reactive oxygen species. In *Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research* (Vol. 1863, Issue 12). <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2016.09.012>
- Rehman Khalid, A., Lv, X., Naeem, M., Mehmood, K., Shaheen, H., Dong, P., Qiu, D., & Ren, M. (2019). Autophagy related gene (ATG3) is a key regulator for cell growth, development, and virulence of *Fusarium oxysporum*. *Genes*, 10(9). <https://doi.org/10.3390/genes10090658>
- Rep, M., Meijer, M., Houterman, P. M., van der Does, H. C., & Cornelissen, B. J. C. (2005). *Fusarium oxysporum* evades I-3-mediated resistance without altering the matching avirulence gene. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 18(1). <https://doi.org/10.1094/MPMI-18-0015>
- Reveglia, P., Cinelli, T., Cimmino, A., Masi, M., & Evidente, A. (2018). The main phytotoxic metabolite produced by a strain of *Fusarium oxysporum* inducing grapevine plant declining in Italy. *Natural Product Research*, 32(20). <https://doi.org/10.1080/14786419.2017.1415897>
- Reyes Hernández, H., Trinidad García, K. L., & Herrera Cabrera, B. E. (2018). CARACTERIZACIÓN DEL AMBIENTE DE LOS VAINILLALES Y ÁREA POTENCIAL PARA SU CULTIVO EN LA HUASTECA POTOSINA. *Biotecnia*, 20(3). <https://doi.org/10.18633/biotecnia.v20i3.714>
- Reyes-Medina, M. A., & Macías-Sánchez, K. L. (2015). GTPase Rho1 regulates the expression of xyl3 and laccase genes in *Fusarium oxysporum*. *Biotechnology Letters*, 37(3). <https://doi.org/10.1007/s10529-014-1709-9>
- Risoli, S., Cotrozzi, L., Pisuttu, C., & Nali, C. (2024). Biocontrol Agents of *Fusarium* Head Blight in Wheat: A Meta-Analytic Approach to Elucidate Their Strengths and Weaknesses. *Phytopathology*, 114(3). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-23-0292-R>

- Rispail, N., & di Pietro, A. (2009). *Fusarium oxysporum* Ste12 controls invasive growth and virulence downstream of the Fmk1 MAPK cascade. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22(7). <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-7-0830>
- Rispail, N., & di Pietro, A. (2010). The two-component histidine kinase Fhk1 controls stress adaptation and virulence of *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant Pathology*, 11(3). <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2010.00612.x>
- Rodolphe, G., Severine, B., Michel, G., & Pascale, B. (2011). Biodiversity and Evolution in the Vanilla Genus. In *The Dynamical Processes of Biodiversity - Case Studies of Evolution and Spatial Distribution*. <https://doi.org/10.5772/24567>
- Rodríguez-Deméneghi, M. V., Aguilar-Rivera, N., Gheno-Heredia, Y. A., & Armas-Silva, A. A. (2023). Vanilla cultivation in Mexico: Typology, characteristics, production, agroindustrial prospective and biotechnological innovations as a sustainability strategy. In *Scientia Agropecuaria* (Vol. 14, Issue 1). <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2023.009>
- Rodríguez-Deméneghi, M. V., Ramírez-Mosqueda, M. A., Armas-Silva, A. A., Aguilar-Rivera, N., & Gheno-Heredia, Y. A. (2022). Biofábricas de vainilla (*Vanilla planifolia* Jacks.) en México como oportunidad de desarrollo agrario. *Cuadernos de Biodiversidad*, 63. <https://doi.org/10.14198/cdbio.21952>
- Rodríguez-López, T. (2016). La vainilla (*Vanilla planifolia*): perfume y sabor de México que conquistó el mundo: I Historia de la vainilla, *CICY* 8, 89:92.
- Romo-Paz, F. de J., Orozco-Flores, J. D., Delgado-Aceves, L., Zamora-Natera, J. F., Salcedo-Pérez, E., Vargas-Ponce, O., & Portillo, L. (2023). Micropropagation of *Physalis angulata* L. and *P. chenopodifolia* Lam. (Solanaceae) via indirect organogenesis. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant*, 59(4). <https://doi.org/10.1007/s11627-023-10363-3>
- Ruiz, J. A., Bernar, E. M., & Jung, K. (2015). Production of siderophores increases resistance to fusaric acid in *Pseudomonas protegens* Pf-5. *PLoS ONE*, 10(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117040>

- Ruiz-Roldán, C., Pareja-Jaime, Y., González-Reyes, J. A., & Roncero, M. I. G. (2015). The transcription factor Con7-1 is a master regulator of morphogenesis and virulence in *Fusarium oxysporum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 28(1). <https://doi.org/10.1094/MPMI-07-14-0205-R>
- Ruiz-Roldán, C., Puerto-Galán, L., Roa, J., Castro, A., di Pietro, A., Roncero, M. I. G., & Hera, C. (2008). The *Fusarium oxysporum* sti35 gene functions in thiamine biosynthesis and oxidative stress response. *Fungal Genetics and Biology*, 45(1). <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2007.09.003>
- Ruiz-Roldán, M. C., Garre, V., Guarro, J., Mariné, M., & Roncero, M. I. G. (2008). Role of the white collar 1 photoreceptor in carotenogenesis, UV resistance, hydrophobicity, and virulence of *Fusarium oxysporum*. *Eukaryotic Cell*, 7(7). <https://doi.org/10.1128/EC.00072-08>
- Saad, R. ben, Hsouna, A. ben, Saibi, W., Hamed, K. ben, Brini, F., & Ghneim-Herrera, T. (2018). A stress-associated protein, LmSAP, from the halophyte *Lobularia maritima* provides tolerance to heavy metals in tobacco through increased ROS scavenging and metal detoxification processes. *Journal of Plant Physiology*, 231. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2018.09.019>
- Sachdev, S., Ansari, S. A., Ansari, M. I., Fujita, M., & Hasanuzzaman, M. (2021). Abiotic stress and reactive oxygen species: Generation, signaling, and defense mechanisms. In *Antioxidants* (Vol. 10, Issue 2). <https://doi.org/10.3390/antiox10020277>
- Sahu, P. K., Jayalakshmi, K., Tilgam, J., Gupta, A., Nagaraju, Y., Kumar, A., Hamid, S., Singh, H. V., Minkina, T., Rajput, V. D., & Rajawat, M. V. S. (2022). ROS generated from biotic stress: Effects on plants and alleviation by endophytic microbes. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 13). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1042936>
- Sakane, K., Akiyama, M., Ando, A., Shigyo, M., Ito, S. ichi, & Sasaki, K. (2023). Identification of a novel effector gene and its functional tradeoff in *Fusarium*

- oxysporum f. sp. cepae that infects Welsh onion. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 123. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2022.101939>
- Saldaña-Mendoza, S. A., Pacios-Michelena, S., Palacios-Ponce, A. S., Chávez-González, M. L., & Aguilar, C. N. (2023). Trichoderma as a biological control agent: mechanisms of action, benefits for crops and development of formulations. In *World Journal of Microbiology and Biotechnology* (Vol. 39, Issue 10). <https://doi.org/10.1007/s11274-023-03695-0>
- Saravanakumari, K., Thiruvudainambi, S., Ebenezar, E., & Senthil, N. (2019). Efficacy of some fungicides and oil cake extracts against basal rot of onion caused by *Fusarium oxysporum*. *International Journal of Farm Sciences*, 9(1). <https://doi.org/10.5958/2250-0499.2019.00009.0>
- Sasaki, K., Ito, Y., Hamada, Y., Dowaki, A., Jogaiah, S., & Ito, S. I. (2022). FoMC69 Gene in *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* Is Essential for Pathogenicity by Involving Normal Function of Chlamydospores. *Pathogens*, 11(12). <https://doi.org/10.3390/pathogens11121433>
- Savita, Pati, P. K., Virk, G. S., & Nagpal, A. (2017). In vitro selection of resistant/tolerant mutants lines of Citrus jambhiri Lush. using crude culture filtrate of *Phytophthora parasitica* and their randomly amplified polymorphic DNA analysis. *Journal of Phytopathology*, 165(11–12). <https://doi.org/10.1111/jph.12617>
- Segorbe, D., di Pietro, A., Pérez-Nadales, E., & Turrà, D. (2017). Three *Fusarium oxysporum* mitogen-activated protein kinases (MAPKs) have distinct and complementary roles in stress adaptation and cross-kingdom pathogenicity. *Molecular Plant Pathology*, 18(7). <https://doi.org/10.1111/mpp.12446>
- Segura, R. A., Stoorvogel, J. J., & Sandoval, J. A. (2022). The effect of soil properties on the relation between soil management and *Fusarium* wilt expression in Gros Michel bananas. *Plant and Soil*, 471(1–2). <https://doi.org/10.1007/s11104-021-05192-5>

- Sengar, A. S., Thind, K. S., Kumar, B., Pallavi, M., & Gosal, S. S. (2009). In vitro selection at cellular level for red rot resistance in sugarcane (*Saccharum* sp.). *Plant Growth Regulation*, 58(2). <https://doi.org/10.1007/s10725-009-9368-x>
- Sharma, A., Verma, S. C., Saxena, N., Chadda, N., Singh, N. P., & Sinha, A. K. (2006). Microwave- and ultrasound-assisted extraction of vanillin and its quantification by high-performance liquid chromatography in *Vanilla planifolia*. *Journal of Separation Science*, 29(5). <https://doi.org/10.1002/jssc.200500339>
- Sharma, R. K., Cox, M. S., Oglesby, C., & Dhillon, J. S. (2024). Revisiting the role of sulfur in crop production: A narrative review. In *Journal of Agriculture and Food Research* (Vol. 15). <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101013>
- Sharma, T., Sridhar, P. S., Blackman, C., Foote, S. J., Allingham, J. S., Subramaniam, R., & Loewen, M. C. (2022). *Fusarium graminearum* Ste3 G-Protein Coupled Receptor: A Mediator of Hyphal Chemotropism and Pathogenesis . *MSphere*, 7(6). <https://doi.org/10.1128/msphere.00456-22>
- Sierra-Moya, J. A., Espinoza, C., Guzmán-López, O., Trigos, Á., & Salinas-Castro, A. (2022). Characterization of *Fusarium* species that affect the asparagus crops cultivation in Veracruz, Mexico. *Scientia Agropecuaria*, 13(4). <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2022.031>
- Sinha, A., Khan, J. B., Tripathi, U. K., Ratan, V., Trivedi, S., Mishra, A., Verma, A., & others. (2019). In-vitro evaluation of systemic fungicides against *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* and their compatibility with bioagents. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(3).
- Sood, M., Kapoor, D., Kumar, V., Sheteiwy, M. S., Ramakrishnan, M., Landi, M., Araniti, F., & Sharma, A. (2020). Trichoderma: The “secrets” of a multitasking biocontrol agent. In *Plants* (Vol. 9, Issue 6). <https://doi.org/10.3390/plants9060762>
- Sridhar, P. S., Trofimova, D., Subramaniam, R., González-Peña Fundora, D., Foroud, N. A., Allingham, J. S., & Loewen, M. C. (2020). Ste2 receptor-mediated chemotropism of *Fusarium graminearum* contributes to its

- pathogenicity against wheat. *Scientific Reports*, 10(1).
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-67597-z>
- Sridhar, P. S., Vasquez, V., Monteil-Rivera, F., Allingham, J. S., & Loewen, M. C. (2023). A peroxidase-derived ligand that induces *Fusarium graminearum* Ste2 receptor-dependent chemotropism. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1287418>
- Sun, T., Rao, S., Zhou, X., & Li, L. (2022). Plant carotenoids: recent advances and future perspectives. In *Molecular Horticulture* (Vol. 2, Issue 1).
<https://doi.org/10.1186/s43897-022-00023-2>
- Sutthisa, W., Popranom, A., Taddeetrakool, A., & Khankhum, S. (2024). Development of Trichoderma Formulation and Application to Control Durian Anthracnose Disease. *Trends in Sciences*, 21(1).
<https://doi.org/10.48048/tis.2024.7276>
- Swarupa, V., Ravishankar, K. v., & Rekha, A. (2014). Plant defense response against *Fusarium oxysporum* and strategies to develop tolerant genotypes in banana. In *Planta* (Vol. 239, Issue 4). <https://doi.org/10.1007/s00425-013-2024-8>
- Talukdar, D., Jasrotia, T., Sharma, R., Jaglan, S., Kumar, R., Vats, R., Kumar, R., Mahnashi, M. H., & Umar, A. (2020). Evaluation of novel indigenous fungal consortium for enhanced bioremediation of heavy metals from contaminated sites. *Environmental Technology and Innovation*, 20.
<https://doi.org/10.1016/j.eti.2020.101050>
- Tewari, R. K., Yadav, N., Gupta, R., & Kumar, P. (2021). Oxidative Stress Under Macronutrient Deficiency in Plants. In *Journal of Soil Science and Plant Nutrition* (Vol. 21, Issue 1). <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00405-9>
- Thatcher, L. F., Gardiner, D. M., Kazan, K., & Manners, J. M. (2012). A highly conserved effector in *Fusarium oxysporum* is required for full virulence on *Arabidopsis*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 25(2).
<https://doi.org/10.1094/MPMI-08-11-0212>

- Tibo Ambata Ambata, H., Ntah A Ayong, M., Mylaure Jiogue, B., Fabiola Ndondoni Dikongue, J., Nyami Ndjén, F., Pamela Noumegna Kamsu, F., Youassi Youassi, O., Nguemezi Tchameni, S., & Lambert Sameza, M. (2023). Antagonistic Effect and Antifungal Activity of Organic Extracts of *Trichoderma harzianum* and *Trichoderma asperelloides* toward *Fusarium oxysporum* *elaedis*, the Causal Agent of Fusarirose Oil Palm. *American Journal of Microbiological Research*, 11(2). <https://doi.org/10.12691/ajmr-11-2-2>
- Tintor, N., Paauw, M., Rep, M., & Takken, F. L. W. (2020). The root-invading pathogen *Fusarium oxysporum* targets pattern-triggered immunity using both cytoplasmic and apoplastic effectors. *New Phytologist*, 227(5). <https://doi.org/10.1111/nph.16618>
- Tola, A. J., Jaballi, A., & Missihoun, T. D. (2021). Protein carbonylation: Emerging roles in plant redox biology and future prospects. In *Plants* (Vol. 10, Issue 7). <https://doi.org/10.3390/plants10071451>
- Torres-González, M. J., Aguirre-Medina, J. F., & Iracheta-Donjuan, L. (2011). Germinación de semilla y obtención de plantulas de *vanilla planifolia* andrews en condiciones in vitro. *Agro Productividad*, 4(2).
- Tsalidis, G. A. (2022). Human Health and Ecosystem Quality Benefits with Life Cycle Assessment Due to Fungicides Elimination in Agriculture. In *Sustainability* (Switzerland) (Vol. 14, Issue 2). <https://doi.org/10.3390/su14020846>
- Turlier, M. F., Eparvier, A., & Alabouvette, C. (1994). Early dynamic interactions between *Fusarium oxysporum* f.sp. *lini* and the roots of *Linum usitatissimum* as revealed by transgenic GUS-marked hyphae. *Canadian Journal of Botany*, 72(11). <https://doi.org/10.1139/b94-198>
- Turrà, D., el Ghalid, M., Rossi, F., & di Pietro, A. (2015). Fungal pathogen uses sex pheromone receptor for chemotropic sensing of host plant signals. *Nature*, 527(7579). <https://doi.org/10.1038/nature15516>

- Turrà, D., Nordzieke, D., Vitale, S., el Ghalid, M., & di Pietro, A. (2016). Hyphal chemotropism in fungal pathogenicity. In *Seminars in Cell and Developmental Biology* (Vol. 57). <https://doi.org/10.1016/j.semcdb.2016.04.020>
- Tyśkiewicz, R., Nowak, A., Ozimek, E., & Jaroszuć-Ścisęł, J. (2022). Trichoderma: The Current Status of Its Application in Agriculture for the Biocontrol of Fungal Phytopathogens and Stimulation of Plant Growth. In *International Journal of Molecular Sciences* (Vol. 23, Issue 4). <https://doi.org/10.3390/ijms23042329>
- Ullah, S., Mostert, D., Serfontein, K., & Viljoen, A. (2021). The survival and treatment of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in water. *Journal of Fungi*, 7(10). <https://doi.org/10.3390/jof7100796>
- Uma, S., Karthic, R., Kalpana, S., & Backiyarani, S. (2023). Evaluation of temporary immersion bioreactors for in vitro micropropagation of banana (*Musa* spp.) and genetic fidelity assessment using flow cytometry and simple-sequence repeat markers. *South African Journal of Botany*, 157. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2023.04.006>
- Upasani, M. L., Gurjar, G. S., Kadoo, N. Y., & Gupta, V. S. (2016). Dynamics of colonization and expression of pathogenicity related genes in *Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceri* during chickpea vascular wilt disease progression. *PLoS ONE*, 11(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156490>
- Uppala, S., & Zhou, X. G. (2018). Field efficacy of fungicides for management of sheath blight and narrow brown leaf spot of rice. *Crop Protection*, 104. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2017.10.017>
- Usman, S., Ge, X., Xu, Y., Qin, Q., Xie, J., Wang, B., Jin, C., & Fang, W. (2023). Loss of Phosphomannose Isomerase Impairs Growth, Perturbs Cell Wall Integrity, and Reduces Virulence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* on Banana Plants. *Journal of Fungi*, 9(4). <https://doi.org/10.3390/jof9040478>
- van Dam, P., Fokkens, L., Ayukawa, Y., van der Gragt, M., ter Horst, A., Brankovics, B., Houterman, P. M., Arie, T., & Rep, M. (2017). A mobile pathogenicity

- chromosome in *Fusarium oxysporum* for infection of multiple cucurbit species. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-07995-y>
- Vangalis, V., Knop, M., Typas, M. A., & Papaioannou, I. A. (2021). Establishment of conidial fusion in the asexual fungus *Verticillium dahliae* as a useful system for the study of non-sexual genetic interactions. *Current Genetics*, 67(3). <https://doi.org/10.1007/s00294-021-01157-4>
- Vangalis, V., Markakis, E. A., Knop, M., Pietro, A. di, Typas, M. A., & Papaioannou, I. A. (2023). Components of TOR and MAP kinase signaling control chemotropism and pathogenicity in the fungal pathogen *Verticillium dahliae*. *Microbiological Research*, 271. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2023.127361>
- Vanilla Diseases. (2018). In *Handbook of Vanilla Science and Technology*. <https://doi.org/10.1002/9781119377320.ch2>
- Vela-Corcía, D., Romero, D., de Vicente, A., & Pérez-García, A. (2018). Analysis of β -tubulin-carbendazim interaction reveals that binding site for MBC fungicides does not include residues involved in fungicide resistance. *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-25336-5>
- Verma, S., Modgil, M., & Patidar, S. (2021). In vitro screening of apple rootstock MM106 somaclones with *Phytophthora cactorum* culture filtrate. *Journal of Plant Pathology*, 103(1). <https://doi.org/10.1007/s42161-020-00722-z>
- Villa, F., Cappitelli, F., Cortesi, P., & Kunova, A. (2017). Fungal biofilms: Targets for the development of novel strategies in plant disease management. *Frontiers in Microbiology*, 8(APR). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00654>
- Villanueva-Viramontes, S., Hernández-Apolinar, M., Carnevali Fernández-Concha, G., Dorantes-Euán, A., Dzib, G. R., & Martínez-Castillo, J. (2017). Wild *Vanilla planifolia* and its relatives in the Mexican Yucatan Peninsula: Systematic analyses with ISSR and ITS. *Botanical Sciences*, 95(2). <https://doi.org/10.17129/botsci.668>

- Vives-Peris, V., de Ollas, C., Gómez-Cadenas, A., & Pérez-Clemente, R. M. (2020). Root exudates: from plant to rhizosphere and beyond. In *Plant Cell Reports* (Vol. 39, Issue 1). <https://doi.org/10.1007/s00299-019-02447-5>
- Wallace, J. G., Zhang, X., Beyene, Y., Semagn, K., Olsen, M., Prasanna, B. M., & Buckler, E. S. (2016). Genome-wide association for plant height and flowering time across 15 tropical maize populations under managed drought stress and well-watered conditions in Sub-Saharan Africa. *Crop Science*, 56(5). <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0632>
- Wang, D., Peng, C., Zheng, X., Chang, L., Xu, B., & Tong, Z. (2020). Secretome analysis of the banana fusarium wilt fungi foc r1 and foc tr4 reveals a new effector OASTL required for full pathogenicity of foc tr4 in banana. *Biomolecules*, 10(10). <https://doi.org/10.3390/biom10101430>
- Wang, L., Mogg, C., Walkowiak, S., Joshi, M., & Subramaniam, R. (2014). Characterization of NADPH oxidase genes NoxA and NoxB in *Fusarium graminearum*. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 36(1). <https://doi.org/10.1080/07060661.2013.868370>
- Wang, Q., Pokhrel, A., & Coleman, J. J. (2021). The Extracellular Superoxide Dismutase Sod5 From *Fusarium oxysporum* Is Localized in Response to External Stimuli and Contributes to Fungal Pathogenicity. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.608861>
- Wang, T., Xu, Y., Zhao, Y., Liang, X., Liu, S., Zhang, Y., Kang, Z., Chen, D., & Zheng, L. (2023). Systemic screening of *Fusarium oxysporum* candidate effectors reveals FoSSP17 that suppresses plant immunity and contributes to virulence. *Phytopathology Research*, 5(1). <https://doi.org/10.1186/s42483-023-00198-6>
- Wang, Y. F., Hao, F. M., Zhou, H. H., Chen, J. B., Su, H. C., Yang, F., Cai, Y. Y., Li, G. L., Zhang, M., & Zhou, F. (2022). Exploring Potential Mechanisms of Fludioxonil Resistance in *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*. *Journal of Fungi*, 8(8). <https://doi.org/10.3390/jof8080839>

- Wang, Y., Zhang, X., Wang, T., Zhou, S., Liang, X., Xie, C., Kang, Z., Chen, D., & Zheng, L. (2022). The Small Secreted Protein FoSsp1 Elicits Plant Defenses and Negatively Regulates Pathogenesis in *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc4). *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.873451>
- Warman, N. M., & Aitken, E. A. B. (2018). The movement of *fusarium oxysporum* f.sp. *Cubense* (sub-tropical race 4) in susceptible cultivars of banana. *Frontiers in Plant Science*, 871. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01748>
- Watteyn, C., Fremout, T., Karremans, A. P., Huarcaya, R. P., Azofeifa Bolaños, J. B., Reubens, B., & Muys, B. (2020). Vanilla distribution modeling for conservation and sustainable cultivation in a joint land sparing/sharing concept. *Ecosphere*, 11(3). <https://doi.org/10.1002/ecs2.3056>
- Wei, C., Wen, C., Zhang, Y., Du, H., Zhong, R., Guan, Z., Wang, M., Qin, Y., Wang, F., Song, L., & Zhao, Y. (2023). The FomYjeF Protein Influences the Sporulation and Virulence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *momordicae*. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(8). <https://doi.org/10.3390/ijms24087260>
- Widinugraheni, S., Niño-Sánchez, J., van der Does, H. C., van Dam, P., García-Bastidas, F. A., Subandiyah, S., Meijer, H. J. G., Kistler, H. C., Kema, G. H. J., & Rep, M. (2018). A SIX1 homolog in *Fusarium oxysporum* f.sp. *Cubense* tropical race 4 contributes to virulence towards Cavendish banana. *PLoS ONE*, 13(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205896>
- Wraith, J., & Pickering, C. (2018). Quantifying anthropogenic threats to orchids using the IUCN Red List. *Ambio*, 47(3). <https://doi.org/10.1007/s13280-017-0964-0>
- Wu, H. S., Yin, X. M., Liu, D. Y., Ling, N., Bao, W., Ying, R. R., Zhu, Y. Y., Guo, S. W., & Shen, Q. R. (2008). Effect of fungal fusaric acid on the root and leaf physiology of watermelon (*Citrullus lanatus*) seedlings. *Plant and Soil*, 308(1–2). <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9627-z>

- Xi, J., Shao, J., Wang, Y., Wang, X., Yang, H., Zhang, X., & Xiong, D. (2019). Acute toxicity of triflumizole to freshwater green algae *Chlorella vulgaris*. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 158. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2019.05.002>
- Xiang, D., Huang, Y., Li, L., Zhao, M., & Liang, B. (2023). Effects of combinations of arbuscular mycorrhizal fungal species on tomato growth and *Fusarium* wilt control. *Biological Control*, 186. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2023.105353>
- Xiao, J., Zhang, Y., Yang, K., Tang, Y., Wei, L., Liu, E., & Liang, Z. (2022). Protein kinase Ime2 is associated with mycelial growth, conidiation, osmoregulation, and pathogenicity in *Fusarium oxysporum*. *Archives of Microbiology*, 204(8). <https://doi.org/10.1007/s00203-022-02964-0>
- Xiong, X., Gao, Y., Wang, J., Wang, H., Lou, J., Bi, Y., Yan, Y., Li, D., & Song, F. (2023). Palmitoyl Transferase FonPAT2-Catalyzed Palmitoylation of the FonAP-2 Complex Is Essential for Growth, Development, Stress Response, and Virulence in *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Microbiology Spectrum*, 11(1). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03861-22>
- Xue, J., Sun, L., Xu, H., Gu, Y., & Lei, P. (2023). *Bacillus atrophaeus* NX-12 Utilizes Exosmotic Glycerol from *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum* for Fengycin Production. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 71(28). <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c01276>
- Yadeta, K. A., & Thomma, B. P. H. J. (2013). The xylem as battleground for plant hosts and vascular wilt pathogens. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 4, Issue APR). <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00097>
- Yan, T., Zhou, X., Li, J., Li, G., Zhao, Y., Wang, H., Li, H., Nie, Y., & Li, Y. (2022). FoCupin1, a Cupin_1 domain-containing protein, is necessary for the virulence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* tropical race 4. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1001540>

- Yang, C., Sun, J., Wu, Z., Jiang, M., Li, D., Wang, X., Zhou, C., Liu, X., Ren, Z., Wang, J., Sun, M., Sun, W., & Gao, J. (2023). FoRSR1 Is Important for Conidiation, Fusaric Acid Production, and Pathogenicity in *Fusarium oxysporum* f. sp. *ginseng*. *Phytopathology*, 113(7). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-10-22-0372-R>
- Yang, Y., An, B., Guo, Y., Luo, H., He, C., & Wang, Q. (2023). A Novel Effector, FSE1, Regulates the Pathogenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 to Banana by Targeting the MYB Transcription Factor MaEFM-Like. *Journal of Fungi*, 9(4). <https://doi.org/10.3390/jof9040472>
- Yang, Y., Huang, P., Ma, Y., Jiang, R., Jiang, C., & Wang, G. (2022). Insights into intracellular signaling network in *Fusarium* species. In *International Journal of Biological Macromolecules* (Vol. 222). <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2022.09.211>
- Yassin, M. T., Mostafa, A. A. F., Al-Askar, A. A., Sayed, S. R. M., & Rady, A. M. (2021). Antagonistic activity of *Trichoderma harzianum* and *Trichoderma viride* strains against some fusarial pathogens causing stalk rot disease of maize, in vitro. *Journal of King Saud University - Science*, 33(3). <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2021.101363>
- Yuan, H. X., Xiong, Y., & Guan, K. L. (2013). Nutrient Sensing, Metabolism, and Cell Growth Control. In *Molecular Cell* (Vol. 49, Issue 3). <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2013.01.019>
- Zandyavari, N., Sulaiman, M. A., & Hassanzadeh, N. (2024). Molecular characterization and biocontrol potential of *Trichoderma* spp. against *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* in carnation. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 34(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-023-00765-1>
- Zehra, A., Meena, M., Dubey, M. K., Aamir, M., & Upadhyay, R. S. (2017). Synergistic effects of plant defense elicitors and *Trichoderma harzianum* on enhanced induction of antioxidant defense system in tomato against

Fusarium wilt disease. Botanical Studies, 58(1).
<https://doi.org/10.1186/s40529-017-0198-2>

Zhai, Y., Shao, Z., Cai, M., Zheng, L., Li, G., Huang, D., Cheng, W., Thomashow, L. S., Weller, D. M., Yu, Z., & Zhang, J. (2018). Multiple modes of nematode control by volatiles of *Pseudomonas putida* 1A00316 from Antarctic soil against *Meloidogyne incognita*. *Frontiers in Microbiology*, 9(FEB).
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00253>

Zhang, C., Liu, Z., Yang, Y., Ma, Q., Zheng, Y., Xu, C., Gao, X., Gao, W., Huang, Z., & Liu, X. (2024). Characterization of *Fusarium* species causing soybean root rot in Heilongjiang, China, and mechanism underlying the differences in sensitivity to DMI fungicides. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 200.
<https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2024.105828>

Zhang, H., Xu, Z., Guo, K., Huo, Y., He, G., Sun, H., Guan, Y., Xu, N., Yang, W., & Sun, G. (2020). Toxic effects of heavy metal Cd and Zn on chlorophyll, carotenoid metabolism and photosynthetic function in tobacco leaves revealed by physiological and proteomics analysis. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 202. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.110856>

Zhang, L., Yan, J., Fu, Z., Shi, W., Ninkuu, V., Li, G., Yang, X., & Zeng, H. (2021). FoEG1, a secreted glycoside hydrolase family 12 protein from *Fusarium oxysporum*, triggers cell death and modulates plant immunity. *Molecular Plant Pathology*, 22(5). <https://doi.org/10.1111/mpp.13041>

Zhang, N., Lv, F., Qiu, F., Han, D., Xu, Y., & Liang, W. (2023). Pathogenic fungi neutralize plant-derived ROS via SrpK1 deacetylation. *The EMBO Journal*, 42(9). <https://doi.org/10.15252/embj.2022112634>

Zhang, N., Song, L., Xu, Y., Pei, X., Luisi, B. F., & Liang, W. (2021). The decrotonylase FoSir5 facilitates mitochondrial metabolic state switching in conidial germination of *Fusarium oxysporum*. *ELife*, 10.
<https://doi.org/10.7554/eLife.75583>

- Zhang, X., Huang, H., Wu, B., Xie, J., Viljoen, A., Wang, W., Mostert, D., Xie, Y., Fu, G., Xiang, D., Lyu, S., Liu, S., & Li, C. (2021). The m35 metalloprotease effector focm35_1 is required for full virulence of fusarium oxysporum f. Sp. cubense tropical race 4. *Pathogens*, 10(6). <https://doi.org/10.3390/pathogens10060670>
- Zhao, B., He, D., Gao, S., Zhang, Y., & Wang, L. (2022). Hypothetical protein FoDbp40 influences the growth and virulence of Fusarium oxysporum by regulating the expression of isocitrate lyase. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1050637>
- Zhao, J., Wang, Z., Jiao, R., Wan, Q., Wang, L., Li, L., Yang, Y., & Munir, S. (2024). P-hydroxybenzoic acid positively affect the Fusarium oxysporum to stimulate root rot in Panax notoginseng. *Journal of Ginseng Research*, 48(2). <https://doi.org/10.1016/j.jgr.2023.11.005>
- Zhao, Y., Zhang, A., Wang, X., Tao, K., Jin, H., & Hou, T. (2022). Novel Pyrazole Carboxamide Containing a Diarylamine Scaffold Potentially Targeting Fungal Succinate Dehydrogenase: Antifungal Activity and Mechanism of Action. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 70(42). <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.2c00748>
- Zheng, B., Yan, L., Liang, W., & Yang, Q. (2019). Paralogous Cyp51s mediate the differential sensitivity of Fusarium oxysporum to sterol demethylation inhibitors. *Pest Management Science*, 75(2). <https://doi.org/10.1002/ps.5127>
- Zhou, X., Huang, W., Kong, W., Ye, H., Dong, Y., & Casa, R. (2017). Assessment of leaf carotenoids content with a new carotenoid index: Development and validation on experimental and model data. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 57. <https://doi.org/10.1016/j.jag.2016.12.005>
- Zhou, Y., Xu, J., Zhu, Y., Duan, Y., & Zhou, M. (2016). Mechanism of action of the benzimidazole fungicide on Fusarium graminearum: Interfering with

polymerization of monomeric tubulin but not polymerized microtubule. *Phytopathology*, 106(8). <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-15-0186-R>

Zhu, C., Farré, G., Zanga, D., Lloveras, J., Michelena, A., Ferrio, J. P., Voltas, J., Slafer, G., Savin, R., Albajes, R., Eizaguirre, M., Lopez, C., Cantero-Martínez, C., Díaz-Gómez, J., Nogareda, C., Moreno, J. A., Angulo, E., Estany, J., Pena, R. N., ... Christou, P. (2018). High-carotenoid maize: development of plant biotechnology prototypes for human and animal health and nutrition. In *Phytochemistry Reviews* (Vol. 17, Issue 2). <https://doi.org/10.1007/s11101-017-9506-4>

Zhu, Y., Shao, Y., Li, L., Zhao, L., Zhang, M., & Dong, C. (2022). The plant growth-promoting endophytic *Fusarium oxysporum* GG22 enhances *Rehmannia glutinosa* secondary metabolites accumulation. *Industrial Crops and Products*, 182. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2022.114881>