



Scientia Agropecuaria

Web page: <http://revistas.unitru.edu.pe/index.php/scientiaagrop>

Facultad de Ciencias
Agropecuarias

Universidad Nacional de
Trujillo

REVIEW



Fusarium spp. in corn crops: Identification, geographic distribution, symptoms, mycotoxins, disease cycle, control, and current and future challenges

Fusarium spp. en el cultivo de maíz: Identificación, distribución geográfica, sintomatología, micotoxinas, ciclo de la enfermedad, control, y desafíos actuales y futuros

Jonathan Alexander Solórzano-Solórzano^{1, 2 *} ; Sergio Miguel Vélez Zambrano^{2, 4} ;
Jefferson Bertin Vélez Olmedo^{3, 4} 

¹ Maestría en Sanidad Vegetal, Facultad de Posgrado, Universidad Técnica de Manabí, Portoviejo, Manabí, Ecuador.

² Carrera de Ingeniería Agrícola, Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López (MFL), Calceta, Campus Politécnico El Limón, Ecuador.

³ Laboratorio de Fitopatología, Departamento de Ciencias Agronómicas, Facultad de Ingeniería Agronómica, Universidad Técnica de Manabí, Portoviejo 130105, Ecuador.

⁴ Departamento de Fitopatología, Universidade de Brasília, Brasília, Brasil.

* Corresponding author: asolorzano770@gmail.com (J. A. Solórzano-Solórzano).

Received: 14 June 2024. Accepted: 9 September 2024. Published: 28 September 2024.

Abstract

Corn ear rot caused by species of the *Fusarium* genus is one of the many problems faced by producers worldwide due to its wide geographical distribution, leading to various diseases such as stalk, root, and ear rot. The identification of the pathogen can be carried out through morphological and molecular techniques, with the latter being necessary for species-level identification. Additionally, the pathogen can produce mycotoxins such as Deoxynivalenol (DON), Zearalenone (ZEA), and Fumonisin (FB), which contaminate the grain, posing a risk to both human and animal health. It has been reported that the pathogen can survive in crop residues, entering the plant through the roots, often via wounds caused by insects or agricultural practices. Once inside the roots, the phytopathogen colonizes the xylem vessels and is transported through the plant's vascular system, spreading systemically within the plant, colonizing the stalk and other vascular tissues, and eventually reaching the ear. The introduction of resistant cultivars, crop residue management, irrigation, and biological control of diseases are key strategies in agricultural practices to reduce the incidence and spread of diseases caused by *Fusarium*. However, current and future challenges include the increasing resistance of strains, distribution, and methods for pathogen identification.

Keywords: corn ear rot; *Fusarium*; corn; mycotoxins.

Resumen

La pudrición de mazorca de maíz ocasionada por especies del género *Fusarium* es uno de los varios problemas que enfrentan los productores a nivel mundial debido a su amplia distribución geográfica, ocasionando varias enfermedades como pudrición de tallo, raíz y mazorca. La identificación del patógeno se realiza a través de técnicas morfológicas y moleculares, siendo la última necesaria para identificación a nivel de especies. Además, el patógeno tiene la capacidad de producir micotoxinas como Deoxinivalenol (DON), Zearalenona (ZEA) y Fumonisin (FB) las cuales contaminan el grano llegando a representar un riesgo tanto para la salud humana como animal. Esta reportado que el patógeno puede llegar a sobrevivir en los restos del cultivo ingresando a la planta a través de las raíces, a menudo por heridas causadas por insectos o prácticas de cultivo, una vez dentro de las raíces, el fitopatógeno coloniza los vasos del xilema y se transporta a través del sistema vascular de la planta, transportándose sistémicamente dentro de la misma, colonizando el tallo y otros tejidos vasculares llegando así a la mazorca. El uso de cultivares resistentes, el manejo de residuos de cultivos, riego y control biológico de enfermedades son alternativas enmarcadas en las prácticas agrícolas para disminuir la incidencia y propagación de enfermedades causadas por *Fusarium*. Sin embargo, los desafíos actuales y futuros incluyen la creciente resistencia de los hongos y el impacto del cambio climático en la distribución y severidad de las enfermedades.

Palabras clave: pudrición de mazorca; *Fusarium*; maíz; micotoxinas.

DOI: <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2024.040>

Cite this article:

Solórzano-Solórzano, J. A., Vélez Zambrano, S. M., & Vélez Olmedo, J. B. (2024). *Fusarium* spp. en el cultivo de maíz: Identificación, distribución geográfica, sintomatología, micotoxinas, ciclo de la enfermedad, control, y desafíos actuales y futuros. *Scientia Agropecuaria*, 15(4), 537-556.

1. Introducción

El maíz (*Zea mays* L.) es el cereal más cultivado a nivel mundial (Duan et al., 2020; Otegui et al., 2021), la mayor parte de la producción se destina a la alimentación humana y animal (Covic et al., 2018; Xu et al., 2023a). Actualmente, la superficie de producción a nivel global se estima en 1,16 billones de Toneladas, Estados Unidos se sitúa como el principal productor seguido de China y el tercer puesto lo ocupa China Continental (FAOSTAT, 2024), si bien maíz tiene sus orígenes hace aproximadamente 10.000 años en Mesoamérica, evolucionando a partir del teocintle silvestre (*Zea perennis*) y desempeñando un papel crucial en el inicio de la agricultura formal y el crecimiento de las antiguas culturas (García & Serna, 2019; Teixeira & Guimarães, 2021). De entre los problemas fitosanitarios, una de las principales preocupaciones en la producción de maíz es la pudrición de mazorca causada por el hongo *Fusarium* spp., la cual es una enfermedad presente a nivel mundial (Ding et al., 2024; Wen et al., 2021) que reduce la calidad de semillas y reduce el volumen del rendimiento de granos (Fallahi et al., 2021; Ferrigo et al., 2020; Sarmiento-Villamil et al., 2020; Stagnati et al., 2020). Además de lo anterior, una de las consecuencias de la presencia de este fitopatógeno es la producción y acumulación de micotoxinas en los granos afectados (Qin et al., 2020; Machado et al., 2022; Wen et al., 2021), que cuando consumidos tiene diversos efectos perjudiciales, tanto para la salud humana como animal (Bennett et al., 2023; Ferrigo et al., 2020; Ding et al., 2024; Ma et al., 2022). Es fundamental comprender de forma más detallada la biología *Fusarium* spp. y su interacción con sus hospedantes, dada la grave amenaza que representan para las diferentes plantas cultivadas incluyendo al maíz (Blacutt et al., 2018). La relevancia y el impacto de *Fusarium* spp., es debido a, que pertenecen un grupo de fitopatógeno diseminados a nivel mundial y que poseen un amplio rango de hospedantes (Aoki et al., 2014; Leslie & Summerell, 2006), implicando una amenaza a la seguridad alimentaria a nivel global (Blacutt et al., 2018).

Por lo tanto, el objetivo de esta revisión es explorar temas relacionados con el fitopatógeno y la enfermedad, abordando aspectos como la etiología, sintomatología, micotoxinas producidas y afectaciones a la salud, ciclo de la enfermedad, interacción planta patógeno y tipos de control del patógeno con el fin de proporcionar información relevante sobre la situación actual del fitopatógeno, el cual es crucial para mitigar estas afectaciones y asegurar la sostenibilidad de la producción de maíz a nivel global. Las principales bases de datos que se

emplearon en esta revisión fueron FUSARIOID-ID, The American Phytopathological Society (APS), Science Direct, SpringerLink y Frontiers, las palabras claves empleadas para facilitar la búsqueda de información fueron: genomic of *Fusarium*, grain rot, corn rot, *Fusarium* disease management, el idioma utilizado para la búsqueda de información fue el Inglés con la finalidad de obtener resultados relevantes y actualizados sobre estos temas en estas bases de datos.

2. El género *Fusarium*

Fusarium (Sordariomycetes: Hypocreales: Nectriaceae) es un género que comprende más de 1500 especies (Leslie & Summerell, 2006), fue descrito por primera vez por Link (1809) y desde entonces ha sido considerado un patógeno relevante y de gran impacto para la humanidad. Durante los últimos 100 años, ha llamado la atención de los científicos a medida que se hizo evidente el alcance de su diversidad de especies y el impacto en la agricultura y la salud humana (Aoki et al., 2014; Blacutt et al., 2018; Crous et al., 2021).

Después de un período inicial de descubrimiento y catalogación por parte de los naturalistas del siglo XIX, su taxonomía se convirtió en el objetivo de la investigación de una amplia gama de científicos, lo que resultó en el surgimiento de distintas "escuelas" que promovieron diferentes enfoques taxonómicos para los organismos similares a *Fusarium* (Crous et al., 2021; Han et al., 2023), incluso recientemente se estableció una base de datos, Fusarioid-ID, con nombres precisos para especies y géneros de taxones de fusarioides justamente siguiendo una de las escuelas que hace estudios relacionados al género en cuestión (Crous et al., 2021).

En condiciones de laboratorio las colonias de *Fusarium* desarrolladas en PDA e incubadas a 24 °C llegan a alcanzar 90 mm de diámetro después de 7 días, desarrollando micelios de color rosado vináceo (Figura 1) a pálido lúteo en el centro de la colonia, con abundante micelio aéreo, denso, lanoso a algodonoso (Lombard, Van Doorn, et al., 2019). Para el estudio de estructuras de interés taxonómico, lo adecuado es establecer colonias en agar nutritivo sintético (SNA) con hojas de clavel e incubadas bajo luz negra (Du et al., 2020; Duan et al., 2019), de esta forma se obtienen microconidias que se forman abundantemente en cabezas falsas o en otras (de acuerdo con cada especie) en el micelio aéreo, que surgen en monofíalidas y polifíalidas, de forma septadas, con presencia de Clamidosporas solitarias e intercalares y en algunos casos ausencia de las mismas (Crous et al., 2019; Dharanendra et al., 2020; He et al., 2024; Hsuan et al., 2011; Lombard et al., 2019; Yilmaz et al., 2021).

En el caso del complejo de *F. graminearum* los macroconidios son delgados y ligeramente curvados con cinco a seis septados, no se observan microconidias, pero sí clamidosporas presentes en forma singular (Okello et al., 2019). Por otro lado el complejo *F. fujikuroi* las colonias crecen rápidamente con abundantes hifas aéreas de color rosa a violeta, se forman esporodoquios en el agar Hojas de Clavel (CLA) y los conidióforos aéreos se ramifican escasamente, a menudo de forma alternativa u opuesta, y terminan con hasta tres fiáldas verticiladas, los macroconidios son abundantes, falcados a rectos, de tres a cinco septados, con una célula del pie distinta, las microconidias producidas en polifiáldas y agregadas en las cabezas son unicelulares, ovoides o elipsoidales (Tahat et al., 2022).

Los esporodoquios se llegan a formar en la superficie de las hojas de clavel, las mismas que son cubiertos con micelio aéreo, ocasionalmente formados en la superficie de agar hoja de clavel (CLA) o agar papa dextrosa (PDA). Macroconidios de 3 a 5 septos, observados solo en esporodoquios (Crous et al., 2019; Han et al., 2023; Zhang, 2021; Leslie & Summerell, 2006; Lombard et al., 2022; Suriani et al., 2021; Wang et al., 2019; Xia et al., 2019).

3. Identificación morfológica y molecular

La información molecular constituye una importante herramienta de investigación especialmente en la micología (Nilsson et al., 2012), por lo cual se necesita realizar un buen diagnóstico para la correcta documentación de los patógenos causantes de enfermedades en un cultivo. Para lograr una correcta identificación se requieren de una combinación de técnicas morfológicas y moleculares que permita identificarlos de forma precisa (Summerell, 2019). De este modo, a lo largo del tiempo se han explorado muchos genes codificadores de proteínas con fines taxonómicos y de identificación de especies del género *Fusarium* (Crous et al., 2021;

Harish et al., 2023; Hsuan et al., 2011; Jabłońska et al., 2020).

Para la identificación molecular de especies de *Fusarium*, se pueden utilizar varios marcadores moleculares (Tabla 1) (Crous et al., 2021), los más utilizados son Translation elongation factor 1-alpha (tef1) (Fallahi et al., 2021; Jiang et al., 2022a; Shang et al., 2020; Varela et al., 2013; Villani et al., 2016) y RNA polymerase second largest subunit (rpb2) (Mezzalama et al., 2021; Shan et al., 2016; Cao et al., 2021) ambos ofrecen un alto poder discriminatorio y están bien representados en las bases de datos públicas, tef1 es el marcador de identificación de primera elección, debido a la amplia resolución que posee para la identificación de especies, en cuanto a rpb2 permite una mayor discriminación entre especies que están estrechamente relacionadas (Crous et al., 2021) En la actualidad se utilizan de dos a tres marcadores (Zhang et al., 2021; Duan et al., 2019; Du et al., 2020), en el caso de los marcadores Beta-tubulin (*tub2*), Calmodulin (*CaM*) y RNA polymerase largest subunit (*rpb1*) estos tienen aplicabilidad variable dependiendo del género o complejo de especies en donde se vayan a emplear (Al-Hatmi et al., 2019; O'Donnell et al., 2000a).

Comúnmente el algoritmo más utilizado para la identificación preliminar de hongos mediante marcadores de ADN es el Basic Local Alignment Search Tool BLAST (herramienta de búsqueda de alineación local básica), disponible en el sitio web GenBank del The National Center for Biotechnology Information (NCBI) (Du et al., 2020; Duan et al., 2019; Varela et al., 2013; Wang et al., 2019; Wang et al., 2013; Zhang et al., 2014b), llegando a ser considerado un método rápido y de gran utilidad en el que se puede analizar una gran cantidad de información, pero sus resultados deben analizarse con cuidado dada la presencia de una alta proporción de cepas mal identificadas y secuencias de baja calidad que deben ser filtradas (Crous et al., 2021).



Figura 1. Características morfo-culturales de *Fusarium* spp. A) colonia rosa-vinásea en placas de Petri en medio Papa Dextrosa Agar (PDA). B) Formación de monofialidas y C) microconidios formados en agar hoja de clavel (CLA).

Tabla 1

Marcadores moleculares recomendados para la amplificación de fragmentos de ADN de hongos del género *Fusarium*. Tabla obtenida y modificada Crous et al. (2021)

| Nombre | Nombre | Dirección | Sequence (5'→3') | Referencia |
|--|-----------------------|-----------|----------------------------|---------------------------|
| Beta-tubulin (tub2) | T1 | Forward | AACATGCGTGAGATTGTAAGT | (O'Donnell et al., 1998) |
| | TUB-2Fd ² | Forward | GTBCACCCTYCARACCGGYCARTG | (Woudenberg et al., 2009) |
| | TUB4RD | Reverse | CCRGAYTGRCCRAARACRAAGTTGTC | (Woudenberg et al., 2009) |
| Calmodulin (CaM) | CAL-228f | Forward | GAGTTCAAGGAGGCCTTCTCCC | (Carbone & Kohn, 1999) |
| | CAL-CL1 ² | Forward | GARTWCAAGGAGGCCTTCTC | (O'Donnell et al., 2000a) |
| | CAL-CL2A ² | Reverse | TTTTTGCATCATGAGTTGGAC | (O'Donnell et al., 2000b) |
| | CAL-2Rd | Reverse | TGRTCNGCCTCDCGGATCATCTC | (Quaedvlieg et al., 2011) |
| RNA polymerase largest subunit (rpb1) | Fa | Forward | CAYAARGARTCYATGATGGGWC | (O'Donnell et al., 2010) |
| | F7 | Forward | CRACACAGAAGAGTTTGAAGG | (O'Donnell et al., 2010) |
| | F8 ¹ | Forward | TTCTCCACGCCATGGCTGGTTCG | (O'Donnell et al., 2010) |
| | F6 ¹ | Forward | CTGCTGGTGGTATCATTACCG | (O'Donnell et al., 2010) |
| | R8 | Reverse | CAATGAGACCTTCTCGACCAGC | (O'Donnell et al., 2010) |
| | R9 | Reverse | TCARGCCCATGCCGAGAGTTGTC | (O'Donnell et al., 2010) |
| RNA polymerase second largest subunit (rpb2) | G2R ¹ | Reverse | GTCATYTGDTGDGCGGYTCDCC | (O'Donnell et al., 2010) |
| | RPB2-5f2 | Forward | GGGGWGAYCAGAAGAAGGC | (Sung et al., 2007) |
| | fRPB2-7cf | Forward | ATGGGYAARCAAGCYATGGG | (Liu et al., 1999) |
| | fRPB2-7cr | Reverse | CCCATRGCCTTYTRCCCAT | (Liu et al., 1999) |
| Translation elongation factor 1-alpha (tef1) | RPB2-11ar | Reverse | GCRTGGATCTTRTCRSACC | (Liu et al., 1999) |
| | EF-1 | Forward | ATGGGTAAGGARGACAAGAC | (O'Donnell et al., 1998) |
| | EF-2 | Reverse | GGARGTACCAGTSATCATG | (O'Donnell et al., 1998) |
| | EF1-F2 | Forward | TCATCGGCCACGTCGAC | (Boutigny et al., 2019) |
| | EF1-R3 | Reverse | TACCAGCCTCGAACTCACCC | (Boutigny et al., 2019) |

4. Distribución geográfica

Se ha documentado que *Fusarium* spp. tiene una distribución global, excepto en la Antártida (Ejaz et al., 2023), por lo general se lo encuentra principalmente en áreas templadas cálidas o subtropicales (Backhouse y Burgess, 2002), su distribución va desde el continente africano en donde *F. culmorum* se la ha reportado como la especie más abundante (Fakhfakh et al., 2011), de igual forma, también sea reportado su presencia en la India y en China (Dharanendra et al., 2020; Harish et al., 2023; Yu et al., 2017). Mientras en América del Sur se ha registrado la presencia de *Fusarium verticillioides* apenas en Brazil (Silva et al., 2017).

En el caso del Complejo de especies de *Fusarium graminearum* (FGSC) se encuentra ampliamente distribuido a nivel mundial (Hao et al., 2017), se ha reportado en 14 países de cuatro continentes, donde causan afectaciones en el cultivo de maíz, específicamente las especies más predominantes son *F. graminearum*, *F. asiaticum* y *F. boothii* (Del Ponte et al., 2022). Las especies del complejo *Fusarium fujikuroi* (FFSC) (Tabla 2) suelen estar involucradas en enfermedades devastadoras, especialmente *F. proliferatum* y *F. verticillioides*, son productoras de micotoxinas en todo el mundo (Wigmann et al., 2019).

Sintomatología

Las infecciones ocasionadas por *Fusarium* spp pueden ocurrir durante el desarrollo del cultivo, provocando diferentes enfermedades en los órganos

vegetativos y generativos de la planta (Oldenburg et al., 2017). Cuando afecta raíces, una clara característica de la afección de *Fusarium* es el poco crecimiento del sistema radical con un adhirimiento de hifas cerca de las raíces (Zhang et al., 2023). Posterior a esto se hacen presentes lesiones necróticas, de color marrón y varían desde pequeñas lesiones alargadas a grandes fusionadas y en varios casos, todas las raíces son afectadas (Broders et al., 2007; Okello et al., 2019) llegando a provocar una reducción en el crecimiento de las plántulas de maíz (Lamprecht et al., 2011).

Cuando la infección ocurre en el tallo, ocurre una necrosis interna de color marrón oscuro, las cuales se hacen visibles entre 10 a 14 días después de la inoculación (DDI) (Shan et al., 2016), a los 30 DDI, los tallos se tornan suaves y huecos (Xia et al., 2021; Zhang et al., 2021). Otra afección clave es el secado de las hojas inferiores lo cual da lugar a una marchitez prematura, los entrenudos inferiores se vuelven de color marrón y los tallos se tornan blandos y débiles, lo que provoca el acame de la planta en casos severos (Dharanendra et al., 2020; Han et al., 2021; Xia et al., 2021).

Uno de los signos más evidente es el marchitamiento de las hojas cerca de la mazorca infectada (Figura 2A), estas pueden presentar una decoloración amarillenta llegando a manifestar una necrosis en los bordes de la hoja, luego en la mazorca se logra observar la presencia de moho color rosado a rojizo que con frecuencia empieza a desarrollarse en la punta (Figura 2B, C), cuando las mazorcas son

infectadas prematuramente por el patógeno estas se pudren por completo formando peritecios sobre las vainas y el pedúnculo de la mazorca, los grupos de granos que están distribuidos al azar en la mazorca son cubiertos por un micelio de color rosado o rojizo, sobre todo cerca de la parte superior de la mazorca (Agrios, 2005, Robertson et al., 2011; Tahat et al., 2022).

En mazorca, en condiciones controladas, los primeros síntomas pueden verse luego de 7 días después de la inoculación (DDI) (Mohd Zainudin et al., 2017) los síntomas van desde una decoloración en el grano hasta granos cubiertos de moho blanco, rosado o salmón (Duan et al., 2019), luego, 20 días DDI se observa pudrición de la mazorca por *Fusarium* (moho blanco o rosado) (Zhang et al., 2014; Jiang et al., 2022b).

Tabla 2

A continuación, las especies relacionadas a la pudrición de mazorca en maíz a nivel global

| Clado | Especies de fusarium | Autores | Lugar de identificación | |
|------------------------------|----------------------------------|------------------------------|------------------------------|-----------|
| <i>fujikuroi</i> | <i>Fusarium verticillioides</i> | (Tahat et al., 2022) | Jordania | |
| | | (Afolabi et al., 2007) | Nigeria | |
| | | (Stumpf et al., 2013) | Brazil | |
| | | (Silva et al., 2017) | Brazil | |
| | | (Arata et al., 2024) | Argentina | |
| | | (Terna et al., 2024) | Malasia | |
| | | (Brito et al., 2024) | Argentina | |
| | | (Arata et al., 2024) | Argentina | |
| | | (Bennett et al., 2023) | Estados Unidos | |
| | | (Zila et al., 2014) | Estados Unidos | |
| | | (Maschietto et al., 2017) | Italia | |
| | | (Pfordt et al., 2020) | Alemania | |
| | | (Jabłońska et al., 2020) | Polonia | |
| | | (Krnjaja et al., 2022) | Serbia | |
| (Mesterhazy et al., 2022) | Hungria | | | |
| (Santiago et al., 2020) | España | | | |
| <i>Fusarium fujikuroi</i> | (Duan et al., 2020) | China | | |
| <i>Fusarium andiyazi</i> | (Zhang et al., 2014) | China | | |
| | (Terna et al., 2024) | Malasia | | |
| <i>Fusarium kyushuense</i> | (Wang et al., 2013) | China | | |
| <i>Fusarium temperatum</i> | (Zhang et al., 2014) | China | | |
| | (Jabłońska et al., 2020) | Polonia | | |
| | (Pfordt et al., 2020) | Alemania | | |
| <i>Fusarium miscanthi</i> | (Shang et al., 2020) | China | | |
| <i>Fusarium concentricum</i> | (Du et al., 2020) | China | | |
| <i>Fusarium subglutinans</i> | (Jabłońska et al., 2020) | Polonia | | |
| <i>Graminearum</i> | <i>Fusarium graminearum</i> | (Wang et al., 2021) | China | |
| | | (Kuhnem et al., 2016) | Brazil | |
| | | (Stumpf et al., 2013) | Brazil | |
| | | (Kuhnem et al., 2015) | Estados Unidos | |
| | | (Arata et al., 2024) | Argentina | |
| | | (Arata et al., 2024) | Argentina | |
| | | (Pfordt et al., 2020) | Alemania | |
| | | (Gaikpa et al., 2021) | Alemania | |
| | | (Krnjaja et al., 2022) | Serbia | |
| | | (Mesterhazy et al., 2022) | Hungria | |
| | | (Boutigny et al., 2011) | South Africa | |
| | | (Crippin et al., 2020) | Canada | |
| | | (Lee et al., 2016) | South Korea | |
| | | (Shala et al., 2013) | Kosovo | |
| | | <i>Fusarium boothii</i> | (Sampietro et al., 2011) | Argentina |
| | | | (Desjardins & Proctor, 2011) | Nepal |
| | | (Boutigny et al., 2011) | South Africa | |
| | | (Lee et al., 2016) | South Korea | |
| | <i>Fusarium meridionale</i> | (Sampietro et al., 2011) | Argentina | |
| | | (Desjardins & Proctor, 2011) | Nepal | |
| | | (Cumagun et al., 2024) | Filipinas | |
| | <i>Fusarium asiaticum</i> | (Jiang et al., 2022b) | China | |
| | | (Lee et al., 2016) | South Korea | |
| <i>Fusarium vorosii</i> | (Lee et al., 2016) | South Korea | | |
| <i>Sambucinum</i> | <i>Fusarium sporotrichioides</i> | (Wang et al., 2019) | China | |

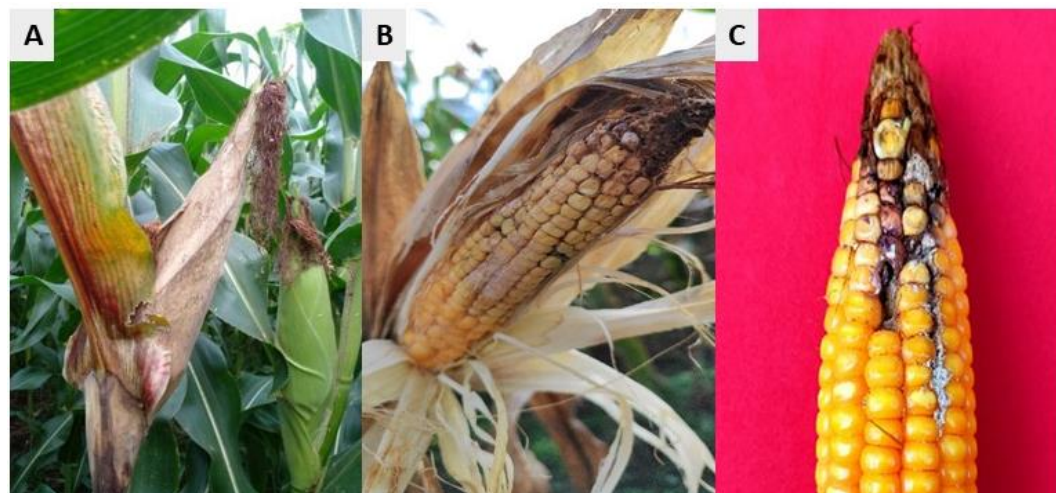


Figura 2. Síntomas de pudrición de mazorcas causadas por *Fusarium* sp en condiciones de campo. A) Marchitez y decoloración de la hoja adyacente a la inserción de la mazorca y. B) granos afectados en mazorca y desarrollo de micelio y esporas en mazorcas. C) Síntomas en granos en mazorca inoculada artificialmente.

Curiosamente en un estudio desarrollado por **Duncan & Howard (2010)** se determinó que el patógeno ingresa a través del canal estilar, cuando este está abierto y se propaga extracelularmente sobre el grano a través de la región de la nucela, ingresando esporádicamente al pericarpio y llenando las células del mesocarpio, las hifas se propagan dentro del pericarpio de una célula a otra a través de fosas, colonizando filas de células huésped al crecer hacia arriba y hacia abajo en el núcleo en un patrón radial lo cual procede al desarrollo de síntomas macroscópicos, dando lugar a un patrón (signo) de estallido estelar se desarrolla posteriormente, y reflejando así la colonización, cuando existe una disolución extensa de las paredes gruesas de las células del pericarpio.

5. Micotoxinas

El maíz un alimento básico en varios países de Centro y Sudamérica como México, Guatemala, Ecuador y Perú, sin embargo, bajo diferentes condiciones es común encontrar maíz contaminado con varias micotoxinas (**Carvajal, 2022; Odjo et al., 2022**), entre las que resaltan las fumonisinas (FB), deoxinivalenol (DON) y la zearalenona (ZEA) todas producidas por *Fusarium* spp. Las micotoxinas son metabolitos secundarios producidas por hongos de diferentes especies (**Coppock & Dziwenka, 2019; Wyatt & Henry, 1993**), que pueden contaminar los productos agrícolas en el campo y/o durante su almacenamiento (**Streit et al., 2012; Vandicke et al., 2019**), si bien estas pueden entrar en el suministro de alimentos directamente (contaminación de granos y productos almacenados) o indirectamente (uso de ingredientes contaminados en productos alimenticios tanto para humanos como animales)

(**Bianchini & Bullerman, 2014**), y en consecuencia de ello afectar a los órganos del cuerpo e incluso causando cáncer en humanos y animales (**Coppock & Dziwenka, 2019; Xu et al., 2023b**). Los granos de maíz contaminados con DON (**Tabla 3**) poseen un menor valor nutricional y económico (**Sun et al., 2023**), al ser una micotoxina producida principalmente por *Fusarium* spp. es altamente tóxico y de amplia diseminación (**Abdel-Wahhab & El-Nekeety, 2021; Liu et al., 2023**), en concentraciones bajas, puede provocar trastornos gastrointestinales así como metabólicos en animales (**Djouina et al., 2023**), en humanos y, en concentraciones elevadas, puede desencadenar cambios patológicos en el organismo (**Chen et al., 2023**). Por otra parte se ha documentado que el uso de Imágenes hiperespectrales del infrarrojo (NIR-HSI) podría ser un método factible para monitorear el DON en granos individuales y eliminar los granos altamente contaminados antes de su entrada a la cadena alimentaria (**Shen et al., 2022; Vicens-Sans et al., 2024**).

Al igual que la contaminación con DON, la contaminación con ZEA representa una amenaza para la seguridad alimentaria (**Qu et al., 2023**), es una micotoxina de lactona resorcílica fenólica (**Figura 3**) producida por varias especies de *Fusarium* (**Gupta et al., 2022**), se la relaciona al daño del tracto gastrointestinal, los órganos inmunológicos, el hígado y el sistema reproductivo (**Cai et al., 2024; Li et al., 2024**), para contrarrestar los efectos se ha evidenciado que la aplicación de la peroxidasa de la cáscara de soja (SHP) en diversas matrices alimentarias se obtiene entre 54% y 85% de degradación ZEN situándolo como un biocatalizador económico y renovable para degradar el ZEN en los alimentos (**Guo et al., 2024**).

En el caso de las FB, al ser consumidas, pueden causar enfermedades graves en animales tales como la leucoencefalomalacia en caballos y edema pulmonar en los cerdos (Gelderblom et al., 2001; Thiel et al., 1991; Voss et al., 2001). Además de lo anterior, están relacionadas a enfermedades cancerígenas en humanos (Blacutt et al., 2018; Moonjely et al., 2023; Zhang et al., 2022).

6. Ciclo de la enfermedad

Está documentado que las esporas del patógeno pueden sobrevivir en residuos del cultivo por hasta 630 días ya sea en la superficie del suelo o en los tallos enterrados, a una profundidad de hasta 30 cm (Cotten & Munkvold, 1998). El establecimiento de cultivos en suelos contaminados con *Fusarium* afecta la tasa de germinación, velocidad de emergencia de plántulas y la altura y el peso de las plantas emergidas (Gaige et al., 2020; Machado et al., 2013; Stagnati et al., 2020), si bien en algunos casos las plántulas no llegan a desarrollar síntomas visibles de la enfermedad, haciendo pensar que se tratan de plantas sanas, no obstante, existe la posibilidad

de que sean plantas con infección endofítica asintomática (Stagnati et al., 2019). La formación de esporas asexuales, promueve la infección secundaria en campo e influenciada por condiciones ambientales favorables con temperaturas óptimas que van de entre 20 a 30 °C y una humedad relativa (RH) mayor al 90% (Brauer et al., 2020; Doohan et al., 2003; Lanubile et al., 2017), cuando las condiciones son las ideales, el *Fusarium* en estado endofítico se puede expandir de forma agresiva hacia raíces y mesocotilos, llegando a invadir el tallo a través del sistema vascular logrando así a una pudrición de tallo (Blacutt et al., 2018), por otro lado, los daños mecánicos por la alimentación de insectos y herramientas también se convierten en vías de infección para el desarrollo de la pudrición en el tallo y de mazorca por parte de *Fusarium* (Sobek & Munkvold, 1999; Blacutt et al., 2018; Qincheng et al., 2023; Scarpino et al., 2015). Otra vía de infección son los estomas y tricomas de las hojas estructuras de las que se ha demostrado son una puerta de ingreso para *Fusarium*, de esta forma se abre la posibilidad de una transmisión por medio del aire (Nguyen et al., 2016b, 2016a).

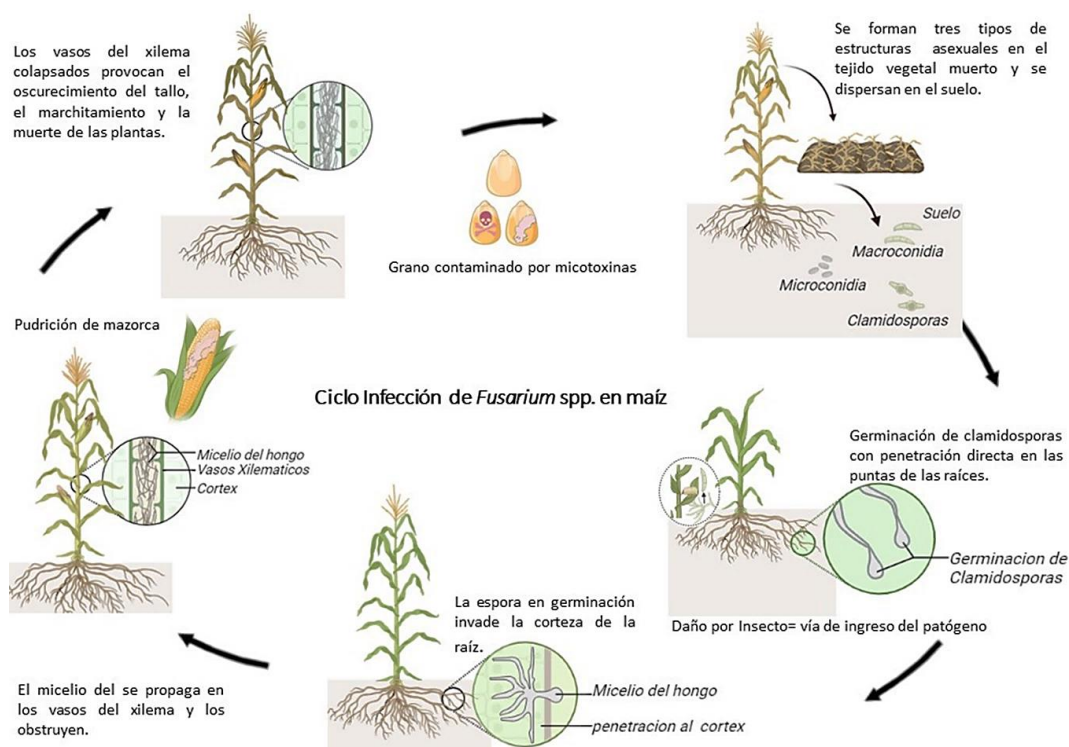


Figura 3. *Fusarium* spp. Están presentes en el suelo en forma de micelio o esporas (clamidosporas), el hongo ingresa a la planta a través de las raíces, a menudo por heridas causadas por insectos o prácticas de cultivo. Una vez dentro de las raíces, el fitopatogeno coloniza los vasos del xilema y se transporta a través del sistema vascular de la planta, transportándose sistémicamente dentro de la misma, colonizando el tallo y otros tejidos vasculares. El patógeno llega a la mazorca a través de los vasos conductores que conectan el tallo con la mazorca, también se pueden infectar directamente la mazorca a través de la seda (estigmas) o heridas en la mazorca, los signos incluyen decoloración y pudrición de granos, con desarrollo de micelio y esporulación en la mazorca de color rosado a rojizo. El patógeno produce micotoxinas como fumonisinas, zearalenona y deoxinevanol contaminando los granos representando un riesgo significativo para la salud humana y animal, afectando la seguridad alimentaria. Las esporas del patógeno pueden sobrevivir en los restos de la cosecha sirviendo como fuente de inóculo infectando nuevamente las plantas jóvenes, reiniciando el ciclo de infección.

Tabla 3

Principales Micotoxinas producidas por *Fusarium* spp, control en pos cosecha y efectos en la salud

| Micotoxinas reportadas | Estructura química | Actividad* y Efecto** | Referencia |
|------------------------|--------------------|---|------------------------------|
| Deoxivalenol (DON) | C15H20O6 | Inhibidores de crecimientos (La bacilomicina D)** | (Sun et al., 2023) |
| | | Uso de Sorbentes (arcilla beidellita)** | (Oladele et al., 2024) |
| | | Fungicidas (Metconazol)** | (Barro et al., 2023) |
| | | Vómitos* | (Yu et al., 2023) |
| | | Lesiones hepáticas* | (Jiang et al., 2024) |
| | | Lesiones gastrointestinales* | (Yu et al., 2023) |
| zearalenona (ZEA) | C18H22O5 | Estrategias físicas y biológicas** | (André et al., 2024) |
| | | Efectos disruptores endocrinos* | (Pierzgalski et al., 2021) |
| | | Desequilibrio hormonal* | (Molina-Molina et al., 2014) |
| Fumonisin (FB) | C34H59NO15 | Procesamiento hidrotérmico** | (Massarolo et al., 2020) |
| | | Clasificación Simple** | (Matumba et al., 2015) |
| | | Irradiación gamma** | (Aziz et al., 2007) |
| | | Cáncer de esófago* | (Yu et al., 2021) |
| | | Cáncer primario de hígado* | (Khan et al., 2018) |
| | | Cáncer primario de hígado* | (Abdul & Marnewick, 2023) |

La infección de la mazorca también puede surgir a partir de una infección sistémica (Odjo et al., 2022), es decir, una vez iniciada la infección sea esta ocasionada por la transmisión por medio de semilla o por suelo contaminado (Figura 3) (Gaige et al., 2020; Jiang et al., 2020), el patógeno se propaga al interior del hospedante, desde las raíces hasta el tallo y en una instancia final pudiendo infectar la mazorca y sus granos (Munkvold et al., 1997; Oren et al., 2003), después de la cosecha, el hongo puede sobrevivir en los residuos de las plantas, proporcionando inóculo para un ciclo de infección posterior (Xu et al., 2023).

7. Interacción planta patógeno

Las plantas han desarrollado vías de defensa para poder hacerle frente a los patógenos microbianos (Jones & Dangl, 2006), sin embargo, estos secretan un gran arsenal de moléculas como efectores proteicos, pequeños ARN, con el fin de romper la barrera inmunológica (Rampersad, 2020), como respuesta, las plantas generan patrones moleculares específicos para lograr defenderse contra los patógenos (Figura 4) (Yu et al., 2017), según el tipo de efectores secretados en las células del huésped estos socavan la inmunidad innata, facilitando la adquisición de nutrientes para su crecimiento y proliferación in planta (Rampersad, 2020; Zhang et al., 2014), a continuación se destacan varias investigaciones en donde se han estudiado efectores producidos por *Fusarium* y como las plantas responden con sus mecanismos de resistencia.

Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici (Fo) puede adquirir a través de la Transferencia Horizontal de Cromosomas (HCT) nuevos genes que podrían aumentar la virulencia de este patógeno jugando un papel importante en la interacción planta patógeno (Ma et al., 2010), en relación a una revisión

realizada por Epstein et al. (2022) en donde destaca los aspectos biológicos de *F. oxysporum* f. sp. *apii* (Foa) raza 4 y *F. oxysporum* f. sp. *coriandrii* (Foci), menciona que estos genotipos estrechamente relacionados son somáticamente compatibles, la raza 4 de Foa, forma tubos de anastomosis conidiales (CAT), aumentando la probabilidad de recombinación parasexual, generando nuevos patotipos, Foa y Foci podrían realizar transferencia nuclear y posteriormente HCT y esto podría conducir al desarrollo de genotipos más agresivos.

Por otro lado, se ha demostrado que *Fusarium* emplean proteínas que inducen a la muerte celular (CDIP) con la finalidad de facilitar la invasión del tejido vegetal durante la infección (Sabnam et al., 2023), en el caso de FoSsp1 la cual es una proteína efectora producida por este fitopatógeno, es un posible inductor que regula negativamente la conidiogénesis y la patogenicidad en *F. oxysporum* f. sp. *ubense* raza 4 (Foc4) (Wang et al., 2022). Yue et al. (2022) descubrieron que la sobreexpresión de un gen *SILecRK1* mejora la resistencia de las plantas de tomate a *F. oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* (FORL) al activar la expresión de genes relacionados con la respuesta inmunitaria, se sabe que las quinasas similares a receptores de lectina (LecRK) desempeñan funciones críticas en las respuestas defensivas y la inmunidad en huéspedes son fundamentales. Además, Qi et al. (2021) identificaron el gen *TaWAK-6D*, una quinasa asociada a la pared de la membrana plasmática (WAK), que es un gen codificante ubicado en el cromosoma 6D, regula positivamente la expresión de una serie de genes relacionados con la defensa, incluidos *TaMPK3*, *TaERF3*, *TaPR1*, *TaChitinase3*, *TaChitinase4* y *Tadefensin* y, en consecuencia, contribuye positivamente a la resistencia a *F. pseudograminearum*.

8. Manejo de la enfermedad

El uso de cultivares resistentes, el manejo de residuos de cultivos, riego y control biológico de enfermedades son alternativas enmarcadas en las prácticas agrícolas las cuales han sido eficientes para disminuir la incidencia y propagación de enfermedades causadas por *Fusarium* (Chen et al., 2022; Fernando et al., 2021; McMullen et al., 2012; Wegulo et al., 2015). Nos centramos en los enfoques de un manejo integrado (Tabla 4) para el control de la pudrición de mazorca, incluidas prácticas de control biológico, botánico, genético y químico, para lo cual se empelaron artículos donde hayan abordado su manejo en el cultivo de maíz.

A. Control biológico

La aplicación de agentes de control biológico, es una opción para disminuir la incidencia de infección por hongos y la contaminación del grano de forma considerable (Babu et al., 2022; Galletti et al., 2020), protegiendo así las plantas contra fitopatógenos resultando en mejores desempeños en términos de crecimiento y rendimiento (Olowe et al., 2018), recientemente se ha demostrado el potencial antagonístico de *Euphorbia antiquorum* L., donde se reveló que esta bacteria restringe el crecimiento micelial a través de metabolitos orgánicos volátiles (volatile organic metabolites - VOMs), tanto in vitro como en invernadero de *Fusarium verticillioides* Schwabe, 1839 todas las cepas analizadas produjeron enzimas extracelulares que promueven el crecimiento de las plantas, como ácido indolacético (AIA), amoníaco, sideróforos y fosfato solubilizado suprimiendo sustancialmente la incidencia y la gravedad de la pudrición de la mazorca (Dinango et al., 2022), de igual forma el uso *Bacillus amyloliquefaciens* Fukomoto 1943 MQ01 mostró un potencial significativo en el control biológico del tizon en trigo causado por *F. graminearum* y la reducción de los niveles de ZEN en el grano, debido a la producción de una proteína conformada por quitina y subtilisina los cuales son posibles péptidos antifúngicos producidos por *B. amyloliquefaciens* MQ01 (Xu et al., 2021). Otro claro ejemplo es el uso de la miriocina derivada de *Isaria sinclairii* Lloyd, 1923 exhibiendo excelentes actividades inhibitoras sobre el crecimiento micelial y la germinación de esporas de *F. graminearum* (Shao et al., 2021).

B. Control botánico

Estudios in vitro han demostrado que los extractos de plantas de hoja de betel *Piper betle* L., hoja de clavo *Syzygium aromaticum* L. y galanga *Alpinia galanga* L. tienen capacidades inhibitoras sobre el

crecimiento de micelial de *F. verticillioides* mientras la aplicación combinada de *B. subtilis* y el extracto de hoja de betel reduce consistentemente la incidencia de *F. verticillioides* tanto en los tallos como en las mazorcas (Suriani et al., 2021), además el uso de productos botánicos como extractos acuosos de harina de semillas de mostaza blanca (*Sinapis alba*) (Mostaza amarilla pura (PYM) y Tillecur (Ti)), así como agallas chinas molidas (*Galla chinensis*) (CG), empleando una concentración del 2% (peso/vol), PYM y Ti inhiben completamente el crecimiento del micelio de *F. graminearum* in vitro mientras que al 1%, CG se reduce el crecimiento entre un 65% a 83%, mientras PYM y Ti reducen la germinación de conidios y ascosporas al 2% (peso/vol), CG solo es eficaz para reducir la germinación de conidios, además utilizando cromatografía líquida (LC) con detección de matriz de diodos, se cuantifico el componente principal de glucosinolato sinalbina de PYM y Ti, se utilizó espectrometría de masas de tiempo de vuelo LC para demostrar que la matriz bioactiva de CG contiene diferentes galotaninos, así como ácidos gálico y tánico los cuales podrían emplearse como posibles mecanismos antifúngicos sobre *F. graminearum* (Drakopoulos et al., 2019). Por otra parte, el lantadeno A (ácido 22-angeloiloxi-9-hidroxi-3-oxo-olean-12-en-28-oico) y el ácido boswélico (ácido 11-ceto- β -boswélico), obtenidos de la arvense Lantana cámara L, exhiben una actividad antifúngica significativa contra *F. subglutinans*, *F. proliferatum*, *F. solani*, *F. graminearum* y *F. semitectum* con una concentración inhibitora mínima (CMI) menor o igual a 0,63 mg/ml mientras el ácido boswélico exhibió una fuerte actividad (CIM = 0,63 mg/ml) contra *F. subglutinans* y *F. semitectum* en términos de toxicidad hacia las células Raw 264.7, el lantadeno A y el ácido boswélico registraron valores de concentración inhibitora media máxima de 84,2 μ g/mL y 186,6 μ g/mL, respectivamente tanto el lantadeno A como el ácido boswélico no tuvieron efectos fitotóxicos contra la germinación de las semillas de maíz y longitud de las raíces de las plántulas, el lantadeno A y el ácido boswélico tienen un gran potencial para ser investigados más a fondo como fungicidas naturales (biopesticidas) para controlar las enfermedades ocasionadas por *Fusarium* (Seepe et al., 2022).

C. Control genético

En general, las accesiones utilizadas en los programas de mejoramiento de maíz carecen de germoplasma con resistencia a la pudrición de la mazorca (Wen et al., 2021).

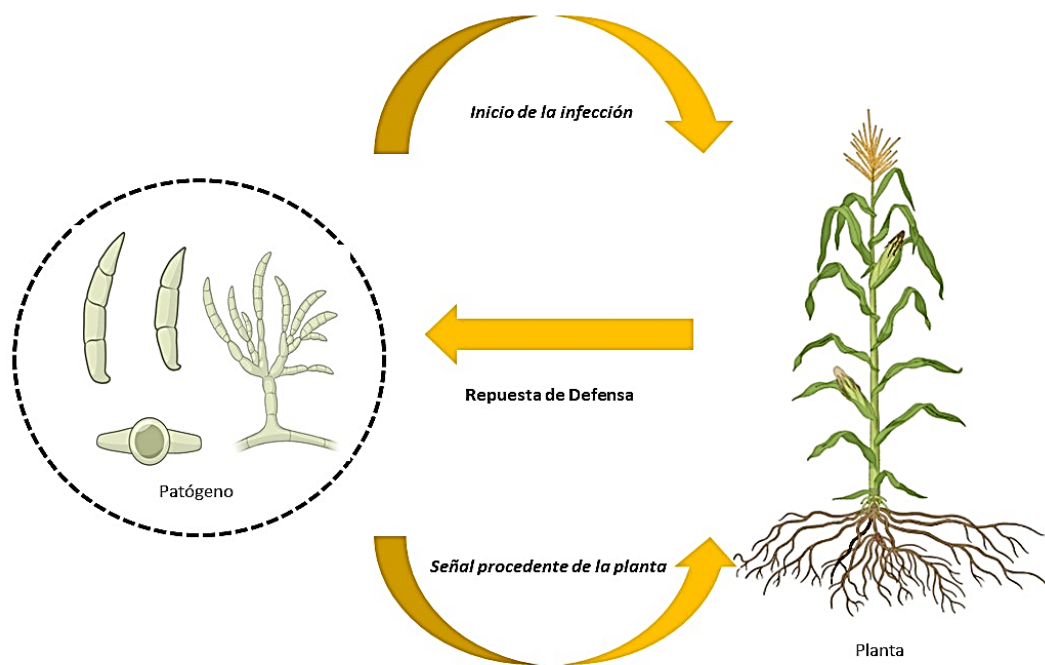


Figura 4. Esquema Interacción planta patógeno.

Entonces, uno de los enfoques del mejoramiento genético de maíz es la investigación basada en genotipos con resistencia a la pudrición de la mazorca por fusarium (Venturini et al., 2016). Más reciente, gracias al avance de la biotecnología se ha podido identificar conjuntos de genes candidatos con resistencia a *Fusarium* en etapa de plántula (Stagnati et al., 2019), en contraste en un estudio realizado por (Ma et al., 2022) se caracterizaron dieciocho líneas endogámicas con alta resistencia a *F. verticillioides* dicha resistencia transmitidas por semillas, las cuales podrían emplearse como fuentes potenciales de germoplasma para el mejoramiento genético, además se detectaron seis quantitative trait loci (QTLs) con alta heredabilidad en múltiples entornos en los cromosomas 3, 4, 6 y 10, entre los que se encontraba un QTLs importante, *qISFR4-1* ubicado en el cromosoma 4 en el intervalo 12922609-13418025, *qISFR4-1* lo cual podría explicar el 16,63% de la varianza fenotípica total, los distintos perfiles de expresión de ocho genes candidatos en *qISFR4-1* entre las líneas endogámicas BT-1 y N6 sugirieron sus funciones reguladoras fundamentales en la resistencia de *F. verticillioides* transmitida por semillas. Reflejándose en una disminución de síntesis de fumonisinas (Ponce et al., 2020). En el caso de genotipos altamente resistentes, se puede observar una baja severidad de la enfermedad y una baja contaminación por toxinas (Mesterházy et al., 2012). Además de lo anterior, el estudio de líneas endogámicas ha demostrado una

resistencia consistentemente a la pudrición de mazorcas y las afectaciones en tallos, lo que sería un gran aporte a los programas de mejoramiento (Rose et al., 2016).

En un estudio realizado por Zhang et al. (2023) se determinó que las líneas endogámicas de maíz resistente tratadas con *F. graminearum* exhiben actividades elevadas de catalasa, fenilalanina amoniaco-liasa, polifenol oxidasa y superóxido dismutasa, además de lo anterior, también identificaron 153 genes relacionados con resistencia a enfermedades mediante análisis del transcriptoma, las vías de señalización de la proteína quinasa activada por mitógenos y de los peroxisomas regulan principalmente el mecanismo de resistencia de las líneas endogámicas de maíz a la infección por *F. graminearum*, estas dos vías podrían desempeñar un papel importante en el mecanismo de resistencia a las enfermedades.

D. Control químico

En una investigación realizada por Duan et al. (2018) en ensayos realizados en campo se demostró que el epoxiconazol aumenta eficazmente el control del Tinzon de Espiga causada por *Fusarium graminearum* (FHB) logrando controlar cepas resistentes a carbendazim y fenamacril, determinando que el rendimiento de grano y los niveles de DON se correlacionaron significativamente entre sí, sugiriendo que la clasificación visual de la enfermedad puede usarse como un indicador del rendimiento

de granos y la contaminación por micotoxinas, mientras tanto, la frecuencia de alelos resistentes a carbendazim en poblaciones de *F. graminearum* se redujo drásticamente después de las aplicaciones de epoxiconazol. Por otro lado el uso de fungicidas como Azoxistrobina el cual es un inhibidor externo de quinona (Qol) tal como menciona **Duan et al. (2020)** inhibe el crecimiento de micelio y germinación de esporas, además, los Qol pueden inducir la fragmentación de las mitocondrias, alterando la homeostasis de la dinámica mitocondrial, inhibiendo así la producción de ATP en *F. graminearum* los resultados demuestran firmemente que las Qol tienen potencial para controlar la FHB en el trigo causada por *F. graminearum*.

También se ha investigado que *F. graminearum* muestra sensibilidad in vitro con pidflumetofeno (<0,1 µg/ml) lo cual podría significar que este fungicida sería un valioso insumo de rotación o mezcla para reducir el riesgo de resistencia a fungicidas y controlar el tizón de la espiga por *Fusarium* en el campo, en última instancia, el resultado de esta medición de sensibilidad inicial demuestra que las poblaciones de *F. graminearum* son sensibles al pidflumetofeno in vitro tanto para el crecimiento del micelio como para la germinación de esporas (**Breunig & Chilvers, 2021; Hou et al., 2017; Sun et al., 2024**). Sin embargo, es probable que el uso incorrecto de fungicidas genere resistencia como es

el caso *F. asiaticum* que muestra resistencia a la fungicida JS399-19 y para prevenirla lo más recomendable es que los agricultores deben usar fungicidas que tenga un modo de acción diferente ya sea rotativamente o en mezcla (**Chen et al., 2011**), existen reportes en donde 6 de 104 cepas de *F. graminearum* se han vuelto resistentes, mediante adaptación al fungicida conllevando un riesgo de moderado a alto a desarrollar resistencia al ciclobutrifluram (**Miao et al., 2024**).

9. Desafíos actuales y futuros

En la actualidad la pudrición de mazorca en maíz es causada por diferentes especies del género *Fusarium*, lo cual representa un desafío muy significativo en la agricultura a nivel mundial (**Du et al., 2020; Duan et al., 2020; Shang et al., 2020; Tahat et al., 2022**). En un contexto más actualizado, los agricultores tienen que hacer frente a varias dificultades como la identificación temprana de la enfermedad, implementación de estrategias de control acompañada de los métodos convencionales disponibles a su alcance. Según **Ejaz et al. (2023)** prevén que el cambio climático tendrá un impacto significativo en la distribución geográfica de varios patógenos incluido *Fusarium*. Siendo considerado uno de los géneros micotoxigénicos más importante en varias zonas climáticas del mundo, amenazando salud humana y animal (**Yao et al., 2020**).

Tabla 4
Alternativas de control para *Fusarium* spp causante de la pudrición de mazorca en maíz

| | Microorganismo | Cepas | Referencia |
|-------------------|--|--|---|
| Control Biológico | <i>E. antiquorum</i> | <i>F. verticillioides</i> | |
| | <i>B.amyloliquefaciens</i> | <i>F. graminearum</i> | (Dinango et al., 2022) |
| | <i>B. amyloliquefaciens</i> | - | (Shao et al., 2021) |
| | <i>I. sinclairii</i> | - | |
| Control Botánico | Extractos aplicados | Cepas | Referencia |
| | <ul style="list-style-type: none"> • Extractos de hoja de betel • hoja de clavo • galanga | <i>F. verticillioides</i> | (Suriani et al., 2021) |
| | Aplicación de extratos acuosos acuosos: | | |
| | <ul style="list-style-type: none"> • harina de semillas de mostaza blanca • Tillecur • agallas chinas molidas | <i>F. graminearum</i> | (Drakopoulos et al., 2019) |
| | lantadeno A y el ácido boswélico, obtenidos de la arvense <i>Lantana cámara</i> exhiben una actividad antifúngica | <i>F.subglutinans</i> <i>F. proliferatum</i> <i>F.solani</i> <i>F.graminearum</i> <i>F. semitectum</i> | (Seepe et al., 2022) |
| Control genético | Estudios | Cepas | Referencia |
| | Líneas endogámicas con alta resistencia | <i>F. graminearum</i> | (Ma et al., 2022) (Mesterházy et al., 2012) (Rose et al., 2016). |
| Control químico | Fungicida | Cepas | Referencia |
| | Pidflumetofeno | <i>F. graminearum</i> | (Hou et al., 2017) |
| | Epoxiconazol | <i>F. graminearum</i> | (Duan et al., 2018) |
| | Cianoacrilato | <i>F. verticillioides</i> | (Chen et al., 2012) |
| | Azoxistrobina | <i>F. graminearum</i> | (Duan et al., 2020) |

Con un enfoque a futuro el principal desafío es el desarrollo de tecnologías sostenibles para el manejo de *Fusarium* spp, esto incluye la biotecnología y la edición genética. El avance de la biotecnología es posible la identificación de genes de resistencia que pueden servir en el manejo de enfermedades causadas por *Fusarium* spp. (Stagnati et al., 2019; Ma et al., 2022; Ponce et al., 2020), incluso mostrando resistencia en la semilla reflejándose así una disminución en la síntesis de micotoxinas.

Por otro lado, Miedaner et al. (2020) y Poland & Rutkoski (2016), agregan que, la identificación, localización y selección de genes de resistencia, con la ayuda de estos datos genómicos es posible el mejoramiento para la introgresión de recursos genéticos y para la mejora dentro de materiales de élite. Y es que ha es a través del *genome-wide association study* (GWAS) es que se pueden identificar *single-nucleotide polymorphisms* (SNPs) los cuales son asociados a la resistencia a pudrición de la mazorca por *Fusarium* con lo cual se prevé que las plantas de maíz en un futuro inicien respuestas inmunes tempranas a la pudrición de la mazorca por *Fusarium* principalmente regulando el equilibrio crecimiento-defensa y promoviendo la biosíntesis de compuestos de defensa (Yao et al., 2020).

Desde un enfoque biológico Tian et al. (2022) sostienen que mediante métodos microbianos y enzimáticos es posible la eliminación de micotoxinas como DON pero es necesario la combinación de herramientas computacionales con enfoques multiómicos para el descubrimiento de nuevas enzimas, lo que podría proporcionar una nueva base para futuras investigaciones sobre eliminación de micotoxinas.

Comprender la base genética y los mecanismos moleculares que controlan la resistencia de las plantas de maíz a *Fusarium* es un requisito clave para desarrollar variedades e híbridos de maíz con resistencia mejorada, empleando herramientas modernas como Secuenciamiento de última generación (NGS), se pueden identificar marcadores significativos en genes candidatos asociados con la resistencia a *Fusarium* en plantas de maíz (Bocianowski, 2024). Con la acogida de NGS la cual ha ganado un gran impulso, ya que ha permitido el descubrimiento de una multitud de factores de patogenicidad y virulencia de *Fusarium* (Rauwane et al., 2020). En el caso del análisis del transcriptoma basado en NGS permite de forma más completa, rápida y eficiente comprender la composición genética, estudiando los perfiles de expresión de ARN y el mecanismo de señalización entre plantas y fitopatógenos (Sharma et al., 2024).

10. Conclusiones

La pudrición de mazorca en el cultivo de maíz es una enfermedad de gran importancia, debido a las pérdidas en rendimiento que ocasiona, amenazado así la seguridad alimentaria mundial y por las micotoxinas que genera las cuales son perjudiciales para salud tanto de humanos como animales. La adecuada identificación, de las especies de *Fusarium* se la debe realizar con base a un abordaje morfológico y molecular con las regiones genéticas (*tef1*, *rpb2*, *tub2*, *CaM* y *rpb1*) acordes para cada caso, además de lo anterior se hace énfasis que, debido a, la sobre posición de caracteres morfológicos (especies genéticamente diferentes pero con características morfológicas similares) de las diferentes especies, es mandatorio el abordaje molecular para la correcta identificación de las mismas (Crous et al., 2021). En maíz, las especies de *Fusarium* pueden afectar, desde la raíz hasta las partes aéreas incluyendo tallos y mazorcas, en este sentido las condiciones ambientales tales como temperaturas adecuadas (20 a 30 °C) y alta humedad relativa (sobre 90%) (Brauer et al., 2020), juegan un papel fundamental en el desarrollo y prevalencia de la enfermedad, considerando también, que el grado de sensibilidad de los materiales (híbridos y/o variedades) juegan un rol importantísimo en la incidencia y severidad de los síntomas y que a su vez también se ve reflejado en la producción y cantidad de micotoxinas en los granos afectados y en consecuencia de ello la potencial afectación en la salud de los consumidores. Por muchos años, el manejo y control de *Fusarium* spp., ha sido enfocado por diferentes aristas, principalmente bajo condiciones de laboratorio y en algunos casos bajo condiciones de invernadero, condiciones en las cuales se han conseguido resultados razonablemente satisfactorios en cuanto a control biológico, botánico e incluso químico se refiere, sin embargo, en la mayoría de los casos anteriores, los ensayos no llegan a nivel de campo lo que dificulta conocer si en estas condiciones es viable o no el uso de estas alternativas en forma individual o en combinación de estrategias, adicionalmente a lo anterior, es bien conocido que en la mayoría de los casos no siempre los buenos resultados obtenidos bajo condiciones de laboratorio o de invernadero, son plasmados bajo condiciones de campo. Hasta ahora, el control genético (independientemente de la estrategia utilizada) se ve como una herramienta crucial (aunque no siempre disponible) en el efectivo control de enfermedades. En maíz, por los resultados obtenidos, existe la posibilidad de un adecuado manejo y/o control *Fusarium* spp., por medio de la resistencia genética, en este caso, un mejor entendimiento de

la interacción planta – patógeno es crucial en el entendimiento de las bases moleculares de la interacción que nos permita discernir el camino adecuado en la búsqueda de genes de resistencia y desarrollo de material de siembra con resistencia y/o tolerancia a *Fusarium* spp. En general, se necesita de un enfoque de manejo integrado de cultivo que incluya todas las herramientas disponibles que van desde la selección y preparación del terreno, la nutrición y bioestimulación de plantas, la selección adecuada del material de siembra (en el mercado existen unos más sensibles que otros), adecuado monitoreo y manejo de plagas y enfermedades, etc., todo lo anterior con el objetivo de reducir las pérdidas por causa de la enfermedad, recalcando que por sí sola, la probabilidad de que alguna metodología de manejo y control de la enfermedad sea eficiente es muy baja.




Contribución de los autores

J. A. Solórzano-Solórzano: Investigation, Writing – original draft, Visualization. **S. M. Vélez Zambrano:** Investigation, Writing – review & editing, Supervision. **J. B. Vélez Olmedo:** Investigation, Supervision, Writing – review & editing.

Conflictos de Interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

ORCID

J. A. Solórzano-Solórzano  <https://orcid.org/0000-0001-8829-5509>
 S. M. Vélez Zambrano  <https://orcid.org/0000-0003-3785-7457>
 J. B. Vélez Olmedo  <https://orcid.org/0000-0002-6761-7684>

Referencias bibliográficas

- Abdel-Wahhab, M. A., & El-Nekeety, A. A. (2021). Mycotoxin deoxynivalenol and oxidative stress: Role of silymarin and inulin protection. *Toxicology*, 457–467. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819092-0.00045-5>
- Abdul, N. S., & Marnewick, J. L. (2023). Fumonisin B1 disrupts mitochondrial function in oxidatively poised HepG2 liver cells by disrupting oxidative phosphorylation complexes and potential participation of lincRNA-p21. *Toxicon*, 225, 107057. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2023.107057>
- Afolabi, C. G., Ojiambo, P. S., Ekpo, E. J. A., Menkir, A., & Bandyopadhyay, R. (2007). Evaluation of Maize Inbred Lines for Resistance to Fusarium Ear Rot and Fumonisin Accumulation in Grain in Tropical Africa. *Plant Disease*, 91(3), 279–286. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-3-0279>
- Agrios, G. N. (2005). *Plant pathology* (A. Press (ed.)).
- Al-Hatmi, A.M.S.; Sandoval-Denis, M.; Nabet, C.; Ahmed, S.A.; Demar, M.; Normand, A.-C.; de Hoog, G. S. (2019). Fusarium volatile, a new potential pathogen from a human respiratory sample A.M.S. *Fungal Systematics and Evolution*, 4(september), 119–129.
- André, A., Hecht, K., Mischler, S., Stäheli, L., Kerhanaj, F., Buller, R., Kinner, M., Freimüller Leischfeld, S., Chetschik, I., Miescher Schwenninger, S., & Müller, N. (2024). A new physical and biological strategy to reduce the content of zearalenone in infected wheat kernels: the effect of cold needle perforation, microorganisms, and purified enzyme. *Food Research International*, 186, 114364. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.114364>
- Aoki, T., O'Donnell, K., & Geiser, D. M. (2014). Systematics of key phytopathogenic *Fusarium* species: Current status and future challenges. *Journal of General Plant Pathology*, 80(3), 189–201. <https://doi.org/10.1007/s10327-014-0509-3>
- Arata, A. F., Martínez, M., Castellari, C., Cristos, D., Pesquero, N. V., & Dinolfo, M. I. (2024). Impact of *Fusarium* spp. on different maize commercial hybrids: disease evaluation and mycotoxin contamination. *Fungal Biology*, 128(6), 1983–1991. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.funbio.2024.07.008>
- Arata, A. F., Martínez, M., Pesquero, N. V., Cristos, D., & Dinolfo, M. I. (2024). Contamination of *Fusarium* spp. and mycotoxins at different ear physiological stages of maize in Argentina. *International Journal of Food Microbiology*, 410, 110493. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110493>
- Aziz, N. H., El-Far, F. M., Shahin, A. A. M., & Roushy, S. M. (2007). Control of *Fusarium* moulds and fumonisin B1 in seeds by gamma-irradiation. *Food Control*, 18(11), 1337–1342. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2005.12.013>
- Babu, A., Pandey, A. K., Deka, B., Kumhar, K. C., Sarkar, S., Bordoloi, M., & Mani, S. (2022). Molecular characterization and functional properties of deep-soil-inhabiting actinobacteria for combating *Fusarium* dieback disease in tea crop. *Biological Control*, 174, 105027. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2022.105027>
- Backhouse, D., & Burgess, L. W. (2002). Climatic analysis of the distribution of *Fusarium graminearum*, *F. pseudograminearum* and *F. culmorum* on cereals in Australia. *Australasian Plant Pathology*, 31(4), 321–327. <https://doi.org/10.1071/AP02026>
- Barro, J. P., Santana, F. M., Tibola, C. S., Machado, F. J., Schipanski, C. A., Chagas, D. F., Guterres, C. W., Casarotto, G., Capitano, C. G., Dallagnol, L. J., Kuhnem, P., Feksa, H. R., Venancio, W. S., & Del Ponte, E. M. (2023). Comparison of single- or multi-active ingredient fungicides for controlling *Fusarium* head blight and deoxynivalenol in Brazilian wheat. *Crop Protection*, 174, 106402. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.cropro.2023.106402>
- Bennett, J. S., Isakeit, T., Borrego, E. J., Odvody, G., Murray, S., & Kolomiets, M. V. (2023). Identification of naturally occurring atoxigenic strains of *Fusarium verticillioides* and their potential as biocontrol agents of mycotoxins and ear rot pathogens of maize. *Crop Protection*, 167, 106197. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2023.106197>
- Bianchini, A., & Bullerman, L. B. (2014). MYCOTOXINS | Classification. *Encyclopedia of Food Microbiology: Second Edition*, 854–861. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00230-5>
- Blacutt, A. A., Gold, S. E., Voss, K. A., Gao, M., & Glenn, A. E. (2018). *Fusarium verticillioides*: Advancements in understanding the toxicity, virulence, and niche adaptations of a model mycotoxigenic pathogen of maize. *Phytopathology*, 108(3), 312–326. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-17-0203-RVW>
- Bocianowski, J. (2024). Using NGS Technology and Association Mapping to Identify Candidate Genes Associated with *Fusarium* Stalk Rot Resistance. *Genes*, 15(1). <https://doi.org/10.3390/genes15010106>
- Boutigny, A.-L., Ward, T. J., Van Coller, G. J., Flett, B., Lamprecht, S. C., O'Donnell, K., & Viljoen, A. (2011). Analysis of the *Fusarium graminearum* species complex from wheat, barley and maize in South Africa provides evidence of species-specific differences in host preference. *Fungal Genetics and Biology*, 48(9), 914–920. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.fgb.2011.05.005>
- Boutigny, A. L., Gautier, A., Basler, R., Dauthieux, F., Leite, S., Valade, R., Aguayo, J., loos, R., & Laval, V. (2019). Metabarcoding targeting the EF1 alpha region to assess fusarium diversity on cereals. *PLoS ONE*, 14(1), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207988>
- Brauer, E. K., Subramaniam, R., & Harris, L. J. (2020). Regulation and dynamics of gene expression during the life cycle of *Fusarium graminearum*. *Phytopathology*, 110(8), 1368–1374. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-20-0080-IA>
- Breunig, M., & Chilvers, M. I. (2021). Baseline sensitivity of *Fusarium graminearum* from wheat , corn , dry bean and soybean to pydiflumetofen in Michigan , USA. *Crop Protection*, 140(June 2020), 105419. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105419>
- Brito, V. D., Achimón, F., Zunino, M. P., & Pizzolitto, R. P. (2024). Control

- of *Fusarium verticillioides* in maize stored in silo bags with 1-octyn-3-ol. *Journal of Stored Products Research*, 106, 102279. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102279>
- Broders, K. D., Lipps, P. E., Paul, P. A., & Dorrance, A. E. (2007). Evaluation of *Fusarium graminearum* Associated with Corn and Soybean Seed and Seedling Disease in Ohio. *Plant Disease*, 91(9), 1155–1160. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-9-1155>
- Cai, P., Liu, S., Tu, Y., & Shan, T. (2024). Toxicity, biodegradation, and nutritional intervention mechanism of zearalenone. *Science of The Total Environment*, 911, 168648. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168648>
- Cao, Y. Y., Zhang, J., Han, S. B., Xia, L. K., Ma, J., Wang, L. F., Li, H. Y., Yang, L. R., Sun, S. L., Zhu, Z. D., & Duan, C. X. (2021). First Report of Maize Stalk Rot Caused by *Fusarium kyushuense* in China. *Plant Disease*, 105(11), 3759. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-20-2342-PDN>
- Carbone, I., & Kohn, L. M. (1999). A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. *Mycologia*, 91(3), 553–556. <https://doi.org/10.1080/00275514.1999.12061051>
- Carvajal, M. (2022). Mycotoxin challenges in maize production and possible control methods in the 21st century. *Journal of Cereal Science*, 103, 103293. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103293>
- Chen, A. hai, Islam, T., & Ma, Z. hua. (2022). An integrated pest management program for managing fusarium head blight disease in cereals. *Journal of Integrative Agriculture*, 21(12), 3434–3444. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.08.053>
- Chen, J., Zhang, X., He, Z., Xiong, D., & Long, M. (2023). Damage on intestinal barrier function and Microbial detoxification of deoxynivalenol: A review. *Journal of Integrative Agriculture*. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2023.11.038>
- Chen, Y., Huang, T. T., Chen, C. J., Hou, Y. P., Zhang, A. F., Wang, W. X., Gao, T. C., & Zhou, M. G. (2012). Sensitivity of *Fusarium verticillioides* isolates from rice to a novel cyanoacrylate fungicide. *Crop Protection*, 39, 106–109. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2012.03.016>
- Chen, Y., Wang, W. xiang, Zhang, A. fang, Gu, C. yan, Zhou, M. guo, & Gao, T. chun. (2011). Activity of the Fungicide JS399-19 Against *Fusarium* Head Blight of Wheat and the Risk of Resistance. *Agricultural Sciences in China*, 10(12), 1906–1913. [https://doi.org/10.1016/S1671-2927\(11\)60191-0](https://doi.org/10.1016/S1671-2927(11)60191-0)
- Coppock, R. W., & Dziwenka, M. M. (2019). Mycotoxins. *Biomarkers in Toxicology*, 615–626. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814655-2.00036-0>
- Cotten, T. K., & Munkvold, G. P. (1998). Survival of *Fusarium moniliforme*, *F. proliferatum*, and *F. subglutinans* in maize stalk residue. *Phytopathology*, 88(6), 550–555. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1998.88.6.550>
- Covic, N., Terefe, B., & Baye, K. (2018). Maize contribution to food and nutrition security and leveraging opportunities for sustainability, nutrition and health outcomes. In *Encyclopedia of Food Security and Sustainability* (Vol. 3). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.21539-4>
- Crippin, T., V. Lima, Renaud, J.B. Schaafsma, A. W., & Sumarah, M. W. (2020). *Fusarium graminearum* populations from maize and wheat in Ontario, Canada. *World Mycotoxin Journal*, 13 (3), 355–366. <https://doi.org/10.3920/WMJ2019.2532>
- Crous, P. W., Lombard, L., Sandoval-Denis, M., Seifert, K. A., Schroers, H.-J., Chaverri, P., Gené, J., Guarro, J., Hirooka, Y., Bensch, K., Kema, G. H. J., Lamprecht, S. C., Cai, L., Rossman, A. Y., Stadler, M., Summerbell, R. C., Taylor, J. W., Ploch, S., Visagie, C. M., ... Thines, M. (2021). *Fusarium*: more than a node or a foot-shaped basal cell. *Studies in Mycology*, 98, 100116. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2021.100116>
- Crous, P. W., Wingfield, M. J., Lombard, L., Roets, F., Swart, W. J., & Alvarado, P. (2019). *Fungal Planet description sheets: 951 – 1041*. 223–425.
- Cumagun, C. J. R., Garcia, R. E. C., & Pilot, R. (2024). First report of *Fusarium meridionale* causing ear rot of maize in the Philippines. *New Disease Reports*, 49(1), 10–12. <https://doi.org/10.1002/ndr.12251>
- Del Ponte, E. M., Moreira, G. M., Ward, T. J., O'Donnell, K., Nicolli, C. P., Machado, F. J., Duffeck, M. R., Alves, K. S., Tessmann, D. J., Waalwijk, C., van der Lee, T., Zhang, H., Chulze, S. N., Stenglein, S. A., Pan, D., Vero, S., Vaillancourt, L. J., Schmale, D. G., Esker, P. D., ... Lee, T. (2022). *Fusarium graminearum* Species Complex: A Bibliographic Analysis and Web-Accessible Database for Global Mapping of Species and Trichothecene Toxin Chemotypes. *Phytopathology*, 112(4), 741–751. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-21-0277-RVW>
- Desjardins, A. E., & Proctor, R. H. (2011). Genetic diversity and trichothecene chemotypes of the *Fusarium graminearum* clade isolated from maize in Nepal and identification of a putative new lineage. *Fungal Biology*, 115(1), 38–48. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.funbio.2010.10.002>
- Dharanendra Swamy, S., Mahadevakumar, S., Hemareddy, H. B., Amruthesh, K. N., Mamatha, S., Kurjeti, S. G., Swapnil, R., Vasantha Kumar, T., & Lakshmidivi, N. (2020). First report of *Fusarium equiseti*—the incitant of post flowering stalkrot of maize (*Zea mays* L.) in India. *Crop Protection*, 129, 105035. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.105035>
- Dinango, V. N., Eke, P., Youmbi, P., Kepngop Kouokap, L. R., Toghuo Kouipou, R. M., Tamghe, G. G., Nguemngang Mabou, L. C., Wakam, L. N., & Boyom, F. F. (2022). Endophytic bacteria derived from the desert-spurge (*Euphorbia antiquorum* L.) suppress *Fusarium verticillioides*, the causative agent of maize ear and root rot. *Rhizosphere*, 23, 100562. <https://doi.org/10.1016/j.rhisp.2022.100562>
- Ding, Y., Ma, N., Haseeb, H. A., Dai, Z., Zhang, J., & Guo, W. (2024). Genome-wide transcriptome analysis of toxigenic *Fusarium verticillioides* in response to variation of temperature and water activity on maize kernels. *International Journal of Food Microbiology*, 410, 110494. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110494>
- Djouina, M., Waxin, C., Caboche, S., Lecoite, K., Steimle, A., Beury, D., Desai, M. S., Hot, D., Dubuquoy, L., Launay, D., Vignal, C., & Body-Malapel, M. (2023). Low dose dietary contamination with deoxynivalenol mycotoxin exacerbates enteritis and colorectal cancer in mice. *Science of the Total Environment*, 900(June). <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.165722>
- Doohan, F. M., Brennan, J., & Cooke, B. M. (2003). Influence of climatic factors on *Fusarium* species pathogenic to cereals. *European Journal of Plant Pathology*, 109(7), 755–768. <https://doi.org/10.1023/A:1026090626994>
- Drakopoulos, D., Luz, C., Torrijos, R., Meca, G., Weber, P., Bänziger, I., Voegele, R. T., Six, J., & Vogelgsang, S. (2019). Use of Botanicals to Suppress Different Stages of the Life Cycle of *Fusarium graminearum*. *Phytopathology*, 109(12), 2116–2123. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-19-0205-R>
- Du, Q., Duan, C. X., Li, S. C., Tang, Z. L., & Luo, J. Y. (2020). First Report of Maize Ear Rot Caused by *Fusarium concentricum* in China. *Plant Disease*, 104(5), 1539. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-19-1515-PDN>
- Duan, C. X., Du, Q., Tang, Z. L., Li, S. C., & Wang, B. B. (2019). First Report of Maize Ear Rot Caused by *Fusarium sacchari* in China. *Plant Disease*, 103(10), 2674. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-19-0829-PDN>
- Duan, C. X., Wang, B. B., Sun, F. F., Yang, Z. H., Zhu, Z. D., & Wang, X. M. (2020). Occurrence of maize ear rot caused by *Fusarium fujikuroi* in China. *Plant Disease*, 104(2), 587. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-19-0154-PDN>
- Duan, Y., Lu, F., Zhou, Z., Zhao, H., Zhang, J., Mao, Y., Li, M., Wang, J., & Zhou, M. (2020). Quinone outside inhibitors affect DON biosynthesis, mitochondrial structure and toxosome formation in *Fusarium graminearum*. *Journal of Hazardous Materials*, 398, 122908. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.122908>
- Duan, Y., Xiao, X., Li, T., Chen, W., Wang, J., Fraaije, B. A., & Zhou, M. (2018). Impact of epoxiconazole on *Fusarium* head blight control, grain yield and deoxynivalenol accumulation in wheat. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 152, 138–147. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2018.09.012>

- Duncan, K. E., & Howard, R. J. (2010). Biology of maize kernel infection by *Fusarium verticillioides*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 23(1), 6–16. <https://doi.org/10.1094/MPMI-23-1-0006>
- Ejaz, M. R., Jaoua, S., Ahmadi, M., & Shabani, F. (2023). An examination of how climate change could affect the future spread of *Fusarium* spp. around the world, using correlative models to model the changes. *Environmental Technology and Innovation*, 31, 103177. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2023.103177>
- Epstein, L., Kaur, S., & Henry, P. M. (2022). The Emergence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *apii* Race 4 and *Fusarium oxysporum* f. sp. *coriandrii* Highlights Major Obstacles Facing Agricultural Production in Coastal California in a Warming Climate: A Case Study. *Frontiers in Plant Science*, 13(June), 1–11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.921516>
- Fakhfakh, M. M., Yahyaoui, A., Rezzoui, S., Elias, E. M., & Daaloul, A. (2011). Identification and pathogenicity assessment of *Fusarium* spp. sampled from durum wheat fields in Tunisia. *African Journal of Biotechnology*, 10(34), 6529–6539. <https://doi.org/10.5897/AJB10.2453>
- Fallahi, M., Somma, S., Javan-Nikkhah, M., Saremi, H., Stea, G., Masiello, M., Logrieco, A. F., & Moretti, A. (2021). Genetic structure of *Fusarium verticillioides* populations from maize in Iran. *Fungal Genetics and Biology*, 156(July), 103613. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2021.103613>
- FAOSTAT (Bases de datos y conjuntos de datos estadísticos de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación). (2024). *Cultivos y productos de ganadería*.
- Fernando, W. G. D., Oghenekaro, A. O., Tucker, J. R., & Badea, A. (2021). Building on a foundation: advances in epidemiology, resistance breeding, and forecasting research for reducing the impact of fusarium head blight in wheat and barley. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 43(4), 495–526. <https://doi.org/10.1080/07060661.2020.1861102>
- Ferrigo, D., Mondin, M., Ladurner, E., Fiorentini, F., Causin, R., & Raiola, A. (2020). Effect of seed biopriming with *Trichoderma harzianum* strain INAT11 on *Fusarium* ear rot and *Gibberella* ear rot diseases. *Biological Control*, 147(January), 104286. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2020.104286>
- Gaige, A. R., Todd, T., & Stack, J. P. (2020). Interspecific Competition for Colonization of Maize Plants between *Fusarium proliferatum* and *Fusarium verticillioides*. *Plant Disease*, 104(8), 2102–2110. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-19-1964-RE>
- Gaikpa, D. S., Kessel, B., Presterl, T., Ouzunova, M., Galiano-Carneiro, A. L., Mayer, M., Melchinger, A. E., Schön, C. C., & Miedaner, T. (2021). Exploiting genetic diversity in two European maize landraces for improving *Gibberella* ear rot resistance using genomic tools. *Theoretical and Applied Genetics*, 134(3), 793–805. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03731-9>
- Galletti, S., Paris, R., & Cianchetta, S. (2020). Selected isolates of *Trichoderma gamsii* induce different pathways of systemic resistance in maize upon *Fusarium verticillioides* challenge. *Microbiological Research*, 233(December 2019), 126406. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2019.126406>
- García, S., & Serna, S. (2019). Corn history and culture. *Corn: Chemistry and Technology*, 3rd Edition, 1–18. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-811971-6.00001-2>
- Gelderblom, W. C. A., Abel, S., Smuts, C. M., Marnewick, J., Marasas, W. F. O., Lemmer, E. R., & Ramjiak, D. (2001). *Fumonisin-Induced Hepatocarcinogenesis: Mechanisms Related to Cancer Initiation and Promotion*. 109(April 2000), 291–300.
- Guo, Y., Tang, Y., Zhang, L., Liu, Y., Ma, Q., & Zhao, L. (2024). Enzymatic characterization and application of soybean hull peroxidase as an efficient and renewable biocatalyst for degradation of zearalenone. *International Journal of Biological Macromolecules*, 260, 129664. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.129664>
- Gupta, R. C., Doss, R. B., Lall, R., Srivastava, A., & Sinha, A. (2022). Trichothecenes and zearalenone. *Reproductive and Developmental Toxicology*, 1003–1016. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89773-0-00049-7>
- Han, S. B., Cao, Y. Y., Zhang, J., Wang, J., Zhang, L. L., Chen, Y. H., Ku, L. X., & Duan, C. X. (2021). First Report of *Fusarium cf. longipes* Associated with Maize Stalk Rot in China. *Plant Disease*, 106(3), 1064. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-21-1149-PDN>
- Han, S. L., Wang, M. M., Ma, Z. Y., Raza, M., Zhao, P., Liang, J. M., Gao, M., Li, Y. J., Wang, J. W., Hu, D. M., & Cai, L. (2023). *Fusarium* diversity associated with diseased cereals in China, with an updated phylogenomic assessment of the genus. *Studies in Mycology*, 104, 87–148. <https://doi.org/10.3114/sim.2022.104.02>
- Hao, J. J., Xie, S. N., Sun, J., Yang, G. Q., Liu, J. Z., Xu, F., Ru, Y. Y., & Song, Y. L. (2017). Analysis of *Fusarium graminearum* species complex from wheat–maize rotation regions in Henan (China). *Plant Disease*, 101(5), 720–725. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-16-0912-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(March), 1–16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1121781>
- He, J., Li, D. W., Cui, W. L., Zhu, L. H., & Huang, L. (2024). Morphological and phylogenetic analyses reveal three new species of *Fusarium* (Hypocreales, Nectriaceae) associated with leaf blight on *Cunninghamia lanceolata* in China. *Mycology*, 101, 45–80. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.101.113128>
- Hou, Y. P., Mao, X. W., Wang, J. X., Zhan, S. W., & Zhou, M. G. (2017). Sensitivity of *Fusarium asiaticum* to a novel succinate dehydrogenase inhibitor fungicide pydiflumetofen. *Crop Protection*, 96, 237–244. <https://doi.org/10.1016/J.CROPRO.2017.02.011>
- Hsuan, H. M., Salleh, B., & Zakaria, L. (2011). Molecular identification of *Fusarium* species in *Gibberella fujikuroi* species complex from rice, sugarcane and maize from Peninsular Malaysia. *International Journal of Molecular Sciences*, 12(10), 6722–6732. <https://doi.org/10.3390/ijms12106722>
- J. Zhang, Y. Y., Cao, S. B., Han, L. K., Xia, Z. D., Zhu, C. X., Duan, M. N., Zhang, L. R., Yang, and H. Y. L. (2021). First Report of *Fusarium thapsinum* Causing Maize Stalk Rot in China. *Plant Disease*, 106(6), 1–2. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-20-2469-PDN>
- Jablórska, E., Piątek, K., Wit, M., Mirzwa-Mróz, E., & Wakuliński, W. (2020). Molecular diversity of the *Fusarium fujikuroi* species complex from maize. *European Journal of Plant Pathology*, 158(4), 859–877. <https://doi.org/10.1007/s10658-020-02121-7>
- Jiang, B., Wang, D., Zhou, J., Cai, J., Jiang, J., Wang, L., & Li, Y. (2022). First Report of Corn Ear Rot Caused by *Fusarium asiaticum* in China. *Plant Disease*, 107(4), 1243. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-22-1934-PDN>
- Jiang, H., Ma, L. G., Qi, K., Zhang, Y. L., Zhang, B., Ma, G. P., & Qi, J. S. (2022). First Report of Maize Seedling Blight Caused by *Fusarium pseudograminearum* in China. *Plant Disease*, 106(9), 2519. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-22-0099-PDN>
- Jiang, J., Zhou, X., Chen, H., Wang, X., Ruan, Y., Liu, X., & Ma, J. (2024). 18β-Glycyrrhetic acid protects against deoxynivalenol-induced liver injury via modulating ferritinophagy and mitochondrial quality control. *Journal of Hazardous Materials*, 471, 134319. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.134319>
- Jiang, W., Han, W., Wang, R., Li, Y., Hu, G., Yang, J., Jiang, D., Han, W., Wang, M., & Li, G. (2020). Development of an Inoculation Technique for Rapidly Evaluating Maize Inbred Lines for Resistance to Stalk Rot caused by *Fusarium* spp. in the Field. *Plant Disease*, 105(9), 2306–2313. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-20-2016-SR>
- Jones, J. D. G., & Dangl, J. L. (2006). The plant immune system. *Nature*, 444(7117), 323–329. <https://doi.org/10.1038/nature05286>
- Khan, R. B., Phulokdaree, A., & Chaturgoon, A. A. (2018). Fumonisin B1 induces oxidative stress in oesophageal (SNO) cancer cells. *Toxicol*, 141, 104–111. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.toxicol.2017.12.041>
- Krnjaja, V., Mandić, V., Bijelić, Z., Stanković, S., Obradović, A., Caro

- Petrović, V., & Gogić, M. (2022). Influence of Sowing Time on Fusarium and Fumonisin Contamination of Maize Grains and Yield Component Traits. *Agriculture (Switzerland)*, 12(7), 1–11. <https://doi.org/10.3390/agriculture12071042>
- Kuhnem, P. R., Del Ponte, E. M., Dong, Y., & Bergstrom, G. C. (2015). Fusarium graminearum isolates from wheat and maize in New York show similar range of aggressiveness and toxigenicity in cross-species pathogenicity tests. *Phytopathology*, 105(4), 441–448. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-14-0208-R>
- Kuhnem, P. R., Ward, T. J., Silva, C. N., Spolti, P., Ciliato, M. L., Tessmann, D. J., & Del Ponte, E. M. (2016). Composition and toxigenic potential of the Fusarium graminearum species complex from maize ears, stalks and stubble in Brazil. *Plant Pathology*, 65(7), 1185–1191. <https://doi.org/10.1111/ppa.12497>
- Lamprecht, S. C., Tewoldemedhin, Y. T., Botha, W. J., & Calitz, F. J. (2011). Fusarium graminearum Species Complex Associated with Maize Crowns and Roots in the KwaZulu-Natal Province of South Africa. *Plant Disease*, 95(9), 1153–1158. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-11-0083>
- Lanubile, A., Maschietto, V., Borrelli, V. M., Stagnati, L., Logrieco, A. F., & Marocco, A. (2017). *Molecular Basis of Resistance to Fusarium Ear Rot in Maize*. 8(October), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01774>
- Lee, T., Paek, J. S., Lee, K. A., Lee, S., Choi, J. H., Ham, H., Hong, S. K., & Ryu, J. G. (2016). Occurrence of toxigenic fusarium vorosii among small grain cereals in Korea. *Plant Pathology Journal*, 32(5), 407–413. <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.05.2016.0123>
- Leslie, J. F., & Summerell, B. A. (2006). The Fusarium Laboratory Manual. In *The Fusarium Laboratory Manual*. <https://doi.org/10.1002/9780470278376>
- Li, X., Wang, Z., & Yang, B. (2024). Identification of the hub genes linked to zearalenone-induced hepatotoxicity in broiler chickens. *Environmental Research*, 246, 118094. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2023.118094>
- Link, H. F. (1809). Observations in ordines plantarum naturales. *Dissertatio 1 Ma*, 3, 1–42.
- Liu, Y. J., Whelen, S., & Hall, B. D. (1999). Phylogenetic relationships among ascomycetes: Evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular Biology and Evolution*, 16(12), 1799–1808. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026092>
- Liu, Y., Xu, L., Shi, Z., Wang, R., Liu, Y., Gong, Y., Tian, Y., Kang, X., Sun, X., & Wang, Y. (2023). Identification of an Acinetobacter pittii acyltransferase involved in transformation of deoxynivalenol to 3-acetyl-deoxynivalenol by transcriptomic analysis. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 263(April), 115395. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.115395>
- Lombard, L., Sandoval-Denis, M., Lamprecht, S. C., & Crous, P. W. (2019). Epitypification of Fusarium oxysporum – Clearing the taxonomic chaos. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43, 1–47. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.01>
- Lombard, L., Van Doorn, R., & Crous, P. W. (2019). Neotypification of Fusarium chlamydosporum - A reappraisal of a clinically important species complex. *Fungal Systematics and Evolution*, 4(December), 183–200. <https://doi.org/10.3114/fuse.2019.04.10>
- Lombard, L., van Doorn, R., Groenewald, J. Z., Tessema, T., Kuramae, E. E., Etolo, D. W., Raaijmakers, J. M., & Crous, P. W. (2022). Fusarium diversity associated with the Sorghum-Striga interaction in Ethiopia. *Fungal Systematics and Evolution*, 10(December), 177–215. <https://doi.org/10.3114/fuse.2022.10.08>
- Ma, L., Does, H. C. Van Der, Borkovich, K. A., Coleman, J. J., Pietro, A. Di, Dufresne, M., Freitag, M., Grabherr, M., Henrissat, B., Antoniw, J., Baker, S. E., Bluhm, B. H., Breakspear, A., Brown, D. W., Butchko, R. A. E., Chapman, S., Coulson, R., Coutinho, P. M., Danchin, E. G. J., ... Rep, M. (2010). *Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in Fusarium*. 464(March). <https://doi.org/10.1038/nature08850>
- Ma, P., Li, H., Liu, E., He, K., Song, Y., Dong, C., Wang, Z., Zhang, X., Zhou, Z., Xu, Y., Wu, J., & Zhang, H. (2022). Evaluation and Identification of Resistance Lines and QTLs of Maize to Seedborne Fusarium verticillioides. *Plant Disease*, 106(8), 2066–2073. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-21-2247-RE>
- Machado, F. J., de Barros, A. V., McMaster, N., Schmale, D. G., Vaillancourt, L. J., & Del Ponte, E. M. (2022). Aggressiveness and Mycotoxin Production by Fusarium meridionale Compared with F. graminearum on Maize Ears and Stalks in the Field. *Phytopathology*, 112(2), 271–277. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-21-0149-R>
- Machado, J. da C., Machado, A. Q., Pozza, E. A., Machado, C. F., & Zancan, W. L. A. (2013). Inoculum potential of Fusarium verticillioides and performance of maize seeds. *Tropical Plant Pathology*, 38(3), 213–217. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762013000300005>
- Maschietto, V., Colombi, C., Pirona, R., Pea, G., Strozzi, F., Marocco, A., Rossini, L., & Lanubile, A. (2017). QTL mapping and candidate genes for resistance to Fusarium ear rot and fumonisin contamination in maize. *BMC Plant Biology*, 17(1), 1–21. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-0970-1>
- Massarolo, K. C., Ferreira, C. F. J., Collazzo, C. C., Bianchini, A., Kupski, L., & Badiale-Furlong, E. (2020). Resistant starch and hydrothermal treatment of cornmeal: Factors in aflatoxins and fumonisin B1 reduction and bioaccessibility. *Food Control*, 114, 107274. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107274>
- Matumba, L., Van Poucke, C., Njumbe Ediage, E., Jacobs, B., & De Saeger, S. (2015). Effectiveness of hand sorting, flotation/washing, dehulling and combinations thereof on the decontamination of mycotoxin-contaminated white maize. *Food Additives & Contaminants: Part A*, 32(6), 960–969. <https://doi.org/10.1080/19440049.2015.1029535>
- McMullen, M., Bergstrom, G., De Wolf, E., Dill-Macky, R., Hershman, D., Shaner, G., & Van Sanford, D. (2012). Fusarium Head Blight Disease Cycle, Symptoms, and Impact on Grain Yield and Quality Frequency and Magnitude of Epidemics Since 1997. *Plant Disease*, 96(12), 1712–1728.
- Mesterházy, Á., Lemmens, M., & Reid, L. M. (2012). Breeding for resistance to ear rots caused by Fusarium spp. in maize - A review. *Plant Breeding*, 131(1), 1–19. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2011.01936.x>
- Mesterházy, A., Szieberth, D., Toldine, E. T., Nagy, Z., Szabó, B., Herczig, B., Bors, I., & Tóth, B. (2022). Updating the Methodology of Identifying Maize Hybrids Resistant to Ear Rot Pathogens and Their Toxins—Artificial Inoculation Tests for Kernel Resistance to Fusarium graminearum, F. verticillioides and Aspergillus flavus. *Journal of Fungi*, 8(3), 1–31. <https://doi.org/10.3390/jof8030293>
- Mezzalama, M., Guarnaccia, V., Martino, I., Tabone, G., & Gullino, M. L. (2021). First Report of Fusarium commune Causing Root and Crown Rot on Maize in Italy. *Plant Disease*, 105(12), 4156. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-21-0075-PDN>
- Miao, J., Li, Y., Hu, S., Li, G., Gao, X., Dai, T., & Liu, X. (2024). Resistance risk, resistance mechanism and the effect on DON production of a new SDHI fungicide cyclobutrifuram in Fusarium graminearum. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 105795. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2024.105795>
- Miedaner, T., Boeven, A. L. G. C., Gaikpa, D. S., Kistner, M. B., & Grote, C. P. (2020). Genomics-assisted breeding for quantitative disease resistances in small-grain cereals and maize. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(24), 1–22. <https://doi.org/10.3390/ijms21249717>
- Mohd Zainudin, N. A. I., Hamzah, F. A., Kusai, N. A., Zambri, N. S., & Salleh, S. (2017). Characterization and pathogenicity of Fusarium proliferatum and Fusarium verticillioides, causal agents of fusarium ear rot of corn. *Turkish Journal of Biology*, 41(1), 220–230. <https://doi.org/10.3906/biy-1606-25>
- Molina-Molina, J.-M., Real, M., Jimenez-Diaz, I., Belhassen, H., Hedhili, A., Torné, P., Fernández, M. F., & Olea, N. (2014). Assessment of estrogenic and anti-androgenic activities of the mycotoxin zearalenone and its metabolites using in vitro receptor-specific bioassays. *Food and Chemical Toxicology*, 74, 233–239. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.fct.2014.10.008>
- Moonjely, S., Ebert, M., Paton-Glassbrook, D., Noel, Z. A., Roze, L., Shay, R., Watkins, T., & Trail, F. (2023). Update on the state of research

- to manage Fusarium head blight. *Fungal Genetics and Biology*, 169(May), 103829. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2023.103829>
- Munkvold, G. P., McGee, D. C., & Carlton, W. M. (1997). Importance of different pathways for maize kernel infection by Fusarium moniliforme. *Phytopathology*, 87(2), 209–217. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1997.87.2.209>
- Nguyen, T. T. X., Dehne, H. W., & Steiner, U. (2016a). Histopathological assessment of the infection of maize leaves by Fusarium graminearum, F. proliferatum, and F. verticillioides. *Fungal Biology*, 120(9), 1094–1104. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2016.05.013>
- Nguyen, T. T. X., Dehne, H. W., & Steiner, U. (2016b). Maize leaf trichomes represent an entry point of infection for Fusarium species. *Fungal Biology*, 120(8), 895–903. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2016.05.014>
- Nilsson, R. H., Tedersoo, L., Abarenkov, K., Ryberg, M., Kristiansson, E., Hartmann, M., Schoch, C. L., Nylander, J. A. A., Bergsten, J., Porter, T. M., Jumpponen, A., Vaishampayan, P., Ovaskainen, O., Hallenberg, N., Bengtsson-Palme, J., Eriksson, K. M., Larsson, K.-H., Larsson, E., & Kõljalg, U. (2012). Five simple guidelines for establishing basic authenticity and reliability of newly generated fungal ITS sequences. *MycKeys*, 4, 37–63. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.4.3606>
- O'Donnell, K., Kistler, H. C., Tacke, B. K., & Casper, H. H. (2000). Gene genealogies reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of Fusarium graminearum, the fungus causing wheat scab. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(14), 7905–7910. <https://doi.org/10.1073/pnas.130193297>
- O'Donnell, K., Kistler, H. C., Cigelnik, E., & Ploetz, R. C. (1998). Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: Concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95(5), 2044–2049. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.5.2044>
- O'Donnell, K., Nirenberg, H. I., Aoki, T., & Cigelnik, E. (2000). A multigene phylogeny of the Gibberella fujikuroi species complex. *Mycoscience*, 41, 61–78.
- O'Donnell, K., Sutton, D. A., Rinaldi, M. G., Sarver, B. A. J., Balajee, S. A., Schroers, H. J., Summerbell, R. C., Robert, V. A. R. G., Crous, P. W., Zhang, N., Aoki, T., Jung, K., Park, J., Lee, Y. H., Kang, S., Park, B., & Geiser, D. M. (2010). Internet-accessible DNA sequence database for identifying fusaria from human and animal infections. *Journal of Clinical Microbiology*, 48(10), 3708–3718. <https://doi.org/10.1128/JCM.00989-10>
- Odjo, S., Alakonya, A. E., Rosales-Nolasco, A., Molina, A. L., Muñoz, C., & Palacios-Rojas, N. (2022). Occurrence and postharvest strategies to help mitigate aflatoxins and fumonisins in maize and their co-exposure to consumers in Mexico and Central America. *Food Control*, 138, 108968. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.108968>
- Okello, P. N., Petrović, K., Kontz, B., & Mathew, F. M. (2019). Eight Species of Fusarium Cause Root Rot of Corn (Zea mays) in South Dakota. *Plant Health Progress*, 20(1), 38–43. <https://doi.org/10.1094/PHP-11-18-0075-RS>
- Oladele, J. O., Wang, M., Rivenbark, K. J., & Phillips, T. D. (2024). Application and efficacy of beidelite clay for the adsorption and detoxification of deoxynivalenol (vomitoxin). *Emerging Contaminants*, 10(4), 100390. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.emcon.2024.100390>
- Oldenburg, E., Höppner, F., Ellner, F., & Weinert, J. (2017). Fusarium diseases of maize associated with mycotoxin contamination of agricultural products intended to be used for food and feed. *Mycotoxin Research*, 33(3), 167–182. <https://doi.org/10.1007/s12550-017-0277-y>
- Olwe, O. M., Olawuyi, O. J., Sobowale, A. A., & Odebo, A. C. (2018). Role of arbuscular mycorrhizal fungi as biocontrol agents against Fusarium verticillioides causing ear rot of Zea mays L. (Maize). *Current Plant Biology*, 15(October), 30–37. <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2018.11.005>
- Oren, L., Ezrati, S., Cohen, D., & Sharon, A. (2003). Early events in the Fusarium verticillioides-maize interaction characterized by using a green fluorescent protein-expressing transgenic isolate. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(3), 1695–1701. <https://doi.org/10.1128/AEM.69.3.1695-1701.2003>
- Otegui, M. E., Cirilo, A. G., Uhart, S. A., & Andrade, F. H. (2021). Maize. *Crop Physiology Case Histories for Major Crops*, 2–43. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819194-1.00001-3>
- Pfordt, A., Romero, L. R., Schiwiek, S., Karlovsky, P., & von Tiedemann, A. (2020). Impact of environmental conditions and agronomic practices on the prevalence of fusarium species associated with ear-and stalk rot in maize. *Pathogens*, 9(3), 1–17. <https://doi.org/10.3390/pathogens9030236>
- Pierzgalski, A., Bryła, M., Kanabus, J., Modrzewska, M., & Podolska, G. (2021). Updated review of the toxicity of selected Fusarium toxins and their modified forms. *Toxins*, 13(11). <https://doi.org/10.3390/toxins13110768>
- Poland, J., & Rutkoski, J. (2016). Advances and Challenges in Genomic Selection for Disease Resistance. *Annual Review of Phytopathology*, 54, 79–98. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080615-100056>
- Ponce-García, N., Ortiz-Islas, S., García-Lara, S., & Serna-Saldivar, S. O. (2020). Physical and chemical parameters, Fusarium verticillioides growth and fumonisin production in kernels of nine maize genotypes. *Journal of Cereal Science*, 96, 103128. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2020.103128>
- Qi, H., Guo, F., Lv, L., Zhu, X., Zhang, L., Yu, J., Wei, X., & Zhang, Z. (2021). The Wheat Wall-Associated Receptor-Like Kinase TaWAK-6D Mediates Broad Resistance to Two Fungal Pathogens Fusarium pseudograminearum and Rhizoctonia cerealis. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2021.758196>
- Qin, P. W., Xu, J., Jiang, Y., Hu, L., Van Der Lee, T., Waalwijk, C., Zhang, W. M., & Xu, X. D. (2020). Survey for toxigenic fusarium species on maize kernels in China. *World Mycotoxin Journal*, 13(2), 213–223. <https://doi.org/10.3920/WMJ.2019.2516>
- Qincheng Li, Jie Shi, Chaolong Huang, Jingfei Guo, Kanglai He, Z. W. (2023). Asian Corn Borer (Ostrinia furnacalis) Infestation Increases Fusarium verticillioides Infection and Fumonisin Contamination in Maize and Reduces the Yield. *Plant Disease*, 107(0191–2917). <https://doi.org/https://doi.org/10.1094/PDIS-03-22-0584-RE>
- Qu, M., Tian, S., Yu, H., Liu, D., Zhang, C., He, Y., & Cheng, F. (2023). Single-kernel classification of deoxynivalenol and zearalenone contaminated maize based on visible light imaging under ultraviolet light excitation combined with polarized light imaging. *Food Control*, 144, 109354. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.109354>
- Quaedvlieg, W., Kema, G. H. J., Groenewald, J. Z., Verkley, G. J. M., Seifbarghi, S., Razavi, M., Mirzadi Gohari, A., Mehrabi, R., & Crous, P. W. (2011). Zymoseptoria gen. nov.: A new genus to accommodate Septoria-like species occurring on graminicolous hosts. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 26, 57–69. <https://doi.org/10.3767/003158511X571841>
- Rampersad, S. N. (2020). *Pathogenomics and Management of Fusarium Diseases in Plants*. i.
- Rauwane, M. E., Ogugua, U. V., Kalu, C. M., Ledwaba, L. K., Woldeamay, A. A., & Ntushelo, K. (2020). Pathogenicity and virulence factors of Fusarium graminearum including factors discovered using next generation sequencing technologies and proteomics. *Microorganisms*, 8(2). <https://doi.org/10.3390/microorganisms8020305>
- Robertson, A. E., Munkvold, G. P., Hurlbush, C. R., & Enslin, S. (2011). Effects of natural hail damage on ear rots, mycotoxins, and grain quality characteristics of corn. *Agronomy Journal*, 103(1), 193–199. <https://doi.org/10.2134/agronj2010.0276>
- Rose, L. J., Mouton, M., Beukes, I., Flett, B. C., Van Der Vyver, C., & Viljoen, A. (2016). Multi-environment evaluation of maize inbred lines for resistance to fusarium ear rot and fumonisins. *Plant Disease*, 100(10), 2134–2144. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-15-1360-RE>
- Sabnam, N., Hussain, A., & Saha, P. (2023). The secret password: Cell

- death-inducing proteins in filamentous phytopathogens - As versatile tools to develop disease-resistant crops. *Microbial Pathogenesis*, *183*, 106276. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.micpath.2023.106276>
- Sampietro, D. A., Díaz, C. G., Gonzalez, V., Vattuone, M. A., Ploper, L. D., Catalan, C. A. N., & Ward, T. J. (2011). Species diversity and toxigenic potential of *Fusarium graminearum* complex isolates from maize fields in northwest Argentina. *International Journal of Food Microbiology*, *145*(1), 359–364. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2010.12.021>
- Santiago, R., Cao, A., Malvar, R. A., & Butrón, A. (2020). Genomics of maize resistance to fusarium ear rot and fumonisin contamination. *Toxins*, *12*(7), 1–16. <https://doi.org/10.3390/toxins12070431>
- Sarmiento-Villamil, J. L., García-Pedrajas, N. E., Cañizares, M. C., & García-Pedrajas, M. D. (2020). Molecular Mechanisms Controlling the Disease Cycle in the Vascular Pathogen *Verticillium dahliae* Characterized through Forward Genetics and Transcriptomics. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, *33*(6), 825–841. <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-19-0228-R>
- Scarpino, V., Reyneri, A., Vanara, F., Scopel, C., Causin, R., & Blandino, M. (2015). Relationship between European Corn Borer injury, *Fusarium proliferatum* and *F. subglutinans* infection and moniliformin contamination in maize. *Field Crops Research*, *183*, 69–78. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.07.014>
- Seepe, H. A., Raphoko, L., Amoo, S. O., & Nxumalo, W. (2022). Lantadene A and boswellic acid isolated from the leaves of *Lantana camara* L. have the potential to control phytopathogenic *Fusarium* species. *Heliyon*, *8*(12), e12216. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e12216>
- Shala-Mayrhofer, V., Varga, E., Marjakaj, R., Berthiller, F., Musolli, A., Berisha, D., Kelmendi, B., & Lemmens, M. (2013). Investigations on *Fusarium* spp. and their mycotoxins causing *Fusarium* ear rot of maize in Kosovo. *Food Additives & Contaminants: Part B*, *6*(4), 237–243. <https://doi.org/10.1080/19393210.2013.804885>
- Shan, L. Y., Cui, W. Y., Zhang, D. D., Zhang, J., Ma, N. N., Bao, Y. M., Dai, X. F., & Guo, W. (2016). First Report of *Fusarium brachygybosum* Causing Maize Stalk Rot in China. *Plant Disease*, *101*(5), 837. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-16-1465-PDN>
- Shang, G., Yu, H., Yang, J., Zeng, Z., & Hu, Z. (2020). First Report of *Fusarium miscanthi* Causing Ear Rot on Maize in China. *Plant Disease*, *105*(5), 1565. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-20-2182-PDN>
- Shao, J., Pei, Z., Jing, H., Wang, L., Jiang, C., Du, X., Jiang, C., Lou, Z., & Wang, H. (2021). Antifungal activity of myriocin against *Fusarium graminearum* and its inhibitory effect on deoxynivalenol production in wheat grains. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, *114*, 101635. <https://doi.org/10.1016/J.PMPP.2021.101635>
- Sharma, P., Thakur, M., Chauhan, A., & Kamal, S. (2024). Identification, classification and chromosomal mapping of *Fusarium* wilt-related R-genes in mutagenized ginger (*Zingiber officinale* Rosc.) through comparative transcriptome sequencing. *South African Journal of Botany*, *170*, 23–37. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.05.016>
- Shen, G., Cao, Y., Yin, X., Dong, F., Xu, J., Shi, J., & Lee, Y. W. (2022). Rapid and nondestructive quantification of deoxynivalenol in individual wheat kernels using near-infrared hyperspectral imaging and chemometrics. *Food Control*, *131*, 108420. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCONT.2021.108420>
- Silva, J. J., Viaro, H. P., Ferranti, L. S., Oliveira, A. L. M., Ferreira, J. M., Ruas, C. F., Ono, E. Y. S., & Fungaro, M. H. P. (2017). Genetic structure of *Fusarium verticillioides* populations and occurrence of fumonisins in maize grown in Southern Brazil. *Crop Protection*, *99*, 160–167. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2017.05.020>
- Sobek, E. A., & Munkvold, G. P. (1999). European corn borer (Lepidoptera: Pyralidae) larvae as vectors of *Fusarium moniliforme*, causing kernel rot and symptomless infection of maize kernels. *Journal of Economic Entomology*, *92*(3), 503–509. <https://doi.org/10.1093/jee/92.3.503>
- Stagnati, L., Lanubile, A., Samayoa, L. F., Bragalanti, M., Giomi, P., Busconi, M., Holland, J. B., & Marocco, A. (2019). A genome wide association study reveals markers and genes associated with resistance to fusarium verticillioides infection of seedlings in a maize diversity panel. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, *9*(2), 571–579. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200916>
- Stagnati, L., Rahjoo, V., Samayoa, L. F., Holland, J. B., Borrelli, V. M. G., Busconi, M., Lanubile, A., & Marocco, A. (2020). A genome-wide association study to understand the effect of *Fusarium verticillioides* infection on seedlings of a maize diversity panel. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, *10*(4), 1685–1696. <https://doi.org/10.1534/g3.119.400987>
- Streit, E., Schatzmayr, G., Tassis, P., Tzika, E., Marin, D., Taranu, I., Tabuc, C., Nicolau, A., Aprodou, I., Puel, O., & Oswald, I. P. (2012). Current situation of mycotoxin contamination and co-occurrence in animal feed focus on Europe. *Toxins*, *4*(10), 788–809. <https://doi.org/10.3390/toxins4100788>
- Stumpf, R., dos Santos, J., Gomes, L. B., Silva, C. N., Tessmann, D. J., Ferreira, F. D., Machinski, M., & Del Ponte, E. M. (2013). *Fusarium* species and fumonisins associated with maize kernels produced in Rio Grande do Sul State for the 2008/09 and 2009/10 growing seasons. *Brazilian Journal of Microbiology*, *44*(1), 89–95. <https://doi.org/10.1590/S1517-83822013000100012>
- Summerell, B. A. (2019). Resolving *Fusarium*: Current Status of the Genus. *Annual Review of Phytopathology*, *57*, 323–339. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-082718-100204>
- Sun, J., Zhou, Y., Lu, Z., & Lu, Y. (2023). Bacillomycin D with calcium propionate effectively inhibited microbial growth and reduced deoxynivalenol on maize kernels during storage. *Journal of Stored Products Research*, *101*, 102070. <https://doi.org/10.1016/J.JSPR.2022.102070>
- Sun, Y., Wang, K., Yang, B., Yang, J., Liu, B., Chen, X., Liu, W., & Chen, Y. (2024). Anti-fungal activity of a novel succinate dehydrogenase inhibitor pydiflumetofen against *Bipolaris maydis*. *Crop Protection*, *178*, 106570. <https://doi.org/10.1016/J.CROPRO.2023.106570>
- Sung, G. H., Sung, J. M., Hywel-Jones, N. L., & Spatafora, J. W. (2007). A multi-gene phylogeny of Clavicipitaceae (Ascomycota, Fungi): Identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *44*(3), 1204–1223. <https://doi.org/10.1016/J.YMPEV.2007.03.011>
- Suriani, Sebayang, A., Mirsam, H., Pakki, S., Azrai, M., & Muis, A. (2021). Control of *Fusarium verticillioides* on corn with a combination of *Bacillus subtilis* TM3 formulation and botanical pesticides. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *28*(12), 7000–7005. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.07.083>
- Tahat, M. M., Aldakil, H. A., Alananbeh, K. M., & Salem, N. M. (2022). First Report of *Fusarium verticillioides* Causing *Fusarium* Ear Rot of Corn in Jordan. *Plant Disease*, *107*(5), 1632. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-22-1807-PDN>
- Teixeira, F. F., & Guimarães, C. T. (2021). Maize Genetic Resources and Pre-Breeding. *Wild Germplasm for Genetic Improvement in Crop Plants*, 81–99. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-822137-2.00005-9>
- Terna, P. T., Mohamed Nor, N. M. I., Azuddin, N. F., & Zakaria, L. (2024). Molecular identification and pathogenicity of endophytic fungi from corn ears. *Scientific Reports*, *14*(1), 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-68428-1>
- Thiel, P. G., Shephard, G. S., Sydenham, E. W., Marasas, W. F., Nelson, P. E., & Wilson, T. M. (1991). Levels of *Fumonisin B 1* and *B 2* in Feeds Associated with Confirmed Cases of Equine Leukoencephalomalacia. 109–111.
- Tian, Y., Zhang, D., Cai, P., Lin, H., Ying, H., Hu, Q.-N., & Wu, A. (2022). Elimination of *Fusarium* mycotoxin deoxynivalenol (DON) via microbial and enzymatic strategies: Current status and future perspectives. *Trends in Food Science & Technology*, *124*, 96–107. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tifs.2022.04.002>
- Vandicke, J., De Visschere, K., Croubels, S., De Saeger, S., Audenaert, K., & Haesaert, G. (2019). Mycotoxins in flanders' fields: Occurrence and correlations with fusarium species in whole-plant harvested maize. *Microorganisms*, *7*(11), 1–21. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7110571>

- Varela, C. P., Casal, O. A., Padin, M. C., Martínez, V. F., Osés, M. J. S., Scaufflaire, J., Munaut, F., Castro, M. J. B., & Vázquez, J. P. M. (2013). First Report of Fusarium temperature Causing Seedling Blight and Stalk Rot on Maize in Spain. *Plant Disease*, 97(9), 1252. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-13-0167-PDN>
- Venturini, G., Babazadeh, L., Casati, P., Pili, R., Salomoni, D., & Toffolatti, S. L. (2016). Assessing pigmented pericarp of maize kernels as possible source of resistance to fusarium ear rot, Fusarium spp. infection and fumonisin accumulation. *International Journal of Food Microbiology*, 227, 56–62. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.03.022>
- Vicens-Sans, A., Pascari, X., Molino, F., Ramos, A. J., & Marín, S. (2024). Near infrared hyperspectral imaging as a sorting tool for deoxynivalenol reduction in wheat batches. *Food Research International*, 178(December 2023), 113984. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.113984>
- Villani, A., Moretti, A., De Saeger, S., Han, Z., Di Mavungu, J. D., Soares, C. M. G., Proctor, R. H., Venâncio, A., Lima, N., Stea, G., Paciolla, C., Logrieco, A. F., & Susca, A. (2016). A polyphasic approach for characterization of a collection of cereal isolates of the Fusarium incarnatum-equiseti species complex. *International Journal of Food Microbiology*, 234, 24–35. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.06.023>
- Voss, K. A., Riley, R. T., Norred, W. P., Bacon, C. W., Meredith, F. I., Howard, P. C., Plattner, R. D., Collins, T. F. X., Hansen, D. K., & Porter, J. K. (2001). *An Overview of Rodent Toxicities: Liver and Kidney Effects of Fumonisin and Fusarium moniliforme Toxicology: Subchronic Effects*. 109(April 2000), 259–266.
- Wang, B. B., Guo, C., Sun, S. L., Zhu, Z. D., & Duan, C. X. (2019). First Report of Maize Ear Rot Caused by Fusarium sporotrichioides in China. *Plant Disease*, 104(2), 567. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-19-1669-PDN>
- Wang, J.-H., Li, H.-P., Zhang, J.-B., Wang, B.-T., & Liao, Y.-C. (2013). First Report of Fusarium Maize Ear Rot Caused by Fusarium kyushuense in China. *Plant Disease*, 98(2), 279. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-13-0558-PDN>
- Wang, M. M., Chen, Q., Diao, Y. Z., Duan, W. J., & Cai, L. (2019). Fusarium incarnatum-equiseti complex from China. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43, 70–89. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.03>
- Wang, W., Wang, B., Sun, X., Qi, X., Zhao, C., Chang, X., Khaskheli, M. I., & Gong, G. (2021). Symptoms and pathogens diversity of Corn Fusarium sheath rot in Sichuan Province, China. *Scientific Reports*, 11(1), 2–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82463-2>
- Wang, Y., Zhang, X., Wang, T., Zhou, S., Liang, X., & Xie, C. (2022). The Small Secreted Protein FoSsp1 Elicits Plant Defenses and Negatively Regulates Pathogenesis in Fusarium. 13(May), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.873451>
- Wegulo, S. N., Baenziger, P. S., Hernandez Nopsa, J., Bockus, W. W., & Hallen-Adams, H. (2015). Management of Fusarium head blight of wheat and barley. *Crop Protection*, 73, 100–107. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.02.025>
- Wen, J., Shen, Y., Xing, Y., Wang, Z., Han, S., Li, S., Yang, C., Hao, D., & Zhang, Y. (2021). QTL mapping of fusarium ear rot resistance in maize. *Plant Disease*, 105(3), 558–565. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-20-0411-RE>
- Wigmann, É. F., Behr, J., Vogel, R. F., & Niessen, L. (2019). MALDI-TOF MS fingerprinting for identification and differentiation of species within the Fusarium fujikuroi species complex. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103(13), 5323–5337. <https://doi.org/10.1007/s00253-019-09794-z>
- Woudenberg, J. H. C., Aveskamp, M. M., de Gruyter, J., Spiers, A. G., & Crous, P. W. (2009). Multiple Didymella teleomorphs are linked to the Phoma clematidina morphotype. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 22, 56–62. <https://doi.org/10.3767/003158509X427808>
- Wyatt, R. D., & Henry, M. H. (1993). A Review of Fumonisin Production by Fusarium moniliforme and Fumonisin Toxicosis in Animals. *Journal of Applied Poultry Research*, 2(2), 188–192. <https://doi.org/10.1093/japr/2.2.188>
- Xia, J. W., Sandoval-Denis, M., Crous, P. W., Zhang, X. G., & Lombard, L. (2019). Numbers to names – restyling the Fusarium incarnatum-equiseti species complex. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43, 186–221. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.05>
- Xia, L. K., Cao, Y. Y., Wang, J., Zhang, J., Han, S. B., Li, H. Y., & Duan, C. X. (2021). First Report of Fusarium culmorum Causing Maize Stalk Rot in China. *Plant Disease*, 106(5), 1521. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-21-1442-PDN>
- Xu, R., Shandilya, U. K., Yiannakouris, A., & Karrow, N. A. (2023). Traditional and emerging Fusarium mycotoxins disrupt homeostasis of bovine mammary cells by altering cell permeability and innate immune function. *Animal Nutrition*, 12, 388–397. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2022.10.007>
- Xu, S., Wang, Y., Hu, J., Chen, X., Qiu, Y., Shi, J., Wang, G., & Xu, J. (2021). Isolation and characterization of Bacillus amyloliquefaciens MQ01, a bifunctional biocontrol bacterium with antagonistic activity against Fusarium graminearum and biodegradation capacity of zearalenone. *Food Control*, 130(May), 108259. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2021.108259>
- Xu, Y., Zhang, Z., Lu, P., Li, R., Ma, P., Wu, J., Li, T., & Zhang, H. (2023). Increasing Fusarium verticillioides resistance in maize by genomics-assisted breeding: Methods, progress, and prospects. *Crop Journal*, 11(6), 1626–1641. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2023.07.004>
- Yao, L., Li, Y., Ma, C., Tong, L., Du, F., & Xu, M. (2020). Combined genome-wide association study and transcriptome analysis reveal candidate genes for resistance to Fusarium ear rot in maize. *Journal of Integrative Plant Biology*, 62(10), 1535–1551. <https://doi.org/10.1111/jipb.12911>
- Yilmaz, N., Sandoval-Denis, M., Lombard, L., Visagie, C. M., Wingfield, B. D., & Crous, P. W. (2021). Redefining species limits in the fusarium fujikuroi species complex. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 46, 129–162. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2021.46.05>
- Yu, C., Saravanakumar, K., Xia, H., Gao, J., Fu, K., Sun, J., Dou, K., & Chen, J. (2017). Occurrence and virulence of Fusarium spp. associated with stalk rot of maize in North-East China. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 98, 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.pmp.2016.12.004>
- Yu, C., Xu, H., Zhao, X., Litke, Q., Gong, J., Yang, C., & Liu, S. (2023). Developing sodium metabisulfite (SMBS)-containing Eudragit L100-55 microparticles for controlled intestinal release of SMBS to detoxify deoxynivalenol. *Food Bioscience*, 54, 102859. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.fbio.2023.102859>
- Yu, S., Jia, B., Liu, N., Yu, D., Zhang, S., & Wu, A. (2021). Fumonisin B1 triggers carcinogenesis via HDAC/P13K/Akt signalling pathway in human esophageal epithelial cells. *Science of The Total Environment*, 787, 147405. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.147405>
- Yu, X., Feng, B., He, P., & Shan, L. (2017). From Chaos to Harmony: Responses and Signaling upon Microbial Pattern Recognition. *Annual Review of Phytopathology*, 55, 109–137. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080516-035649>
- Yue, Z., Tian, Z.-J., Zhang, J.-W., Zhang, S.-W., Li, Y. D., & Wu, Z. M. (2022). Overexpression of Lectin Receptor-Like Kinase 1 in Tomato Confers Resistance to Fusarium. 13(February). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.836269>
- Zhang, H., Kim, M. S., Huang, J., Yan, H., Yang, T., Song, L., Yu, W., & Bo, W. (2022). Transcriptome analysis of maize pathogen Fusarium verticillioides revealed FvLcp1, a secreted protein with type-D fungal LysM and chitin-binding domains, that plays important roles in pathogenesis and mycotoxin production. *Microbiological Research*, 265(August), 127195. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127195>
- Zhang, H., Luo, W., Pan, Y., Xu, J., Xu, J. S., Chen, W. Q., & Feng, J. (2014a). First Report of Fusarium Ear Rot of Maize Caused by Fusarium andiyazi in China. *Plant Disease*, 98(10), 1428. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-14-0038-PDN>
- Zhang, H., Luo, W., Pan, Y., Xu, J., Xu, J. S., Chen, W. Q., & Feng, J.

- (2014b). First Report of *Fusarium temperatum* Causing Fusarium Ear Rot on Maize in Northern China. *Plant Disease*, 98(9), 1273. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-14-0124-PDN>
- Zhang, J., Cao, Y. Y., Han, S. B., Xia, L. K., Zhu, Z. D., Duan, C. X., Zhang, M. N., Yang, L. R., & Li, H. Y. (2021). First Report of *Fusarium thapsinum* Causing Maize Stalk Rot in China. *Plant Disease*, 105(9), 2722. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-20-2469-PDN>
- Zhang, L., Kars, I., Essenstam, B., Liebrand, T. W. H., Wagemakers, L., Elberse, J., Tagkalaki, P., Tjoitang, D., van den Ackerveken, G., & van Kan, J. A. L. (2014). Fungal Endopolygalacturonases Are Recognized as Microbe-Associated Molecular Patterns by the Arabidopsis Receptor-Like Protein RESPONSIVENESS TO BOTRYTIS POLYGALACTURONASES1. *Plant Physiology*, 164(1), 352–364. <https://doi.org/10.1104/pp.113.230698>
- Zhang, X., Zheng, S., Yu, M., Xu, C., Li, Y., Sun, L., Hu, G., Yang, J., & Qiu, X. (2023). Evaluation of Resistance Resources and Analysis of Resistance Mechanisms of Maize to Stalk Rot Caused by *Fusarium graminearum*. *Plant Disease*, PDIS-04-23-0825-RE. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-23-0825-RE>
- Zila, C. T., Ogut, F., Romay, M. C., Gardner, C. A., Buckler, E. S., & Holland, J. B. (2014). Genome-wide association study of Fusarium ear rot disease in the U.S.A. maize inbred line collection. *BMC Plant Biology*, 14(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12870-014-0372-6>