

Primer reporte de *Fusarium graminearum* causando tizón foliar y marchitez en ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) en Guerrero, México

First report of *Fusarium graminearum* causing leaf blight and wilt in sesame (*Sesamum indicum* L.) in Guerrero, Mexico

Carlos Alberto Adame-Montaña¹ , Teolincacihuatl Romero-Rosales^{1*} ,
Antonio Hernández-Polito¹ , Evert Villanueva-Sánchez² , Natividad Delfina Herrera-Castro¹ ,
Héctor Ramón Segura-Pacheco¹ 

¹ Universidad Autónoma de Guerrero, Maestría en Ciencias Agropecuarias y Gestión Local, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Ambientales, km 2.5 carretera Iguala-Tuxpan, 40101, Iguala de la Independencia, Guerrero, México.

² Universidad Autónoma Chapingo, Laboratorio Nacional de Investigación y Servicio Agroalimentario y Forestal, Edificio Efraim Hernández Xolocotzi, km 38.5 carretera México-Texcoco, 56230, Chapingo, Estado de México, México.

*Autor para correspondencia: 18029@uagro.mx

Fecha de recepción:
14 de enero de 2025

Fecha de aceptación:
17 de octubre de 2025

Disponible en línea:
24 de marzo de 2026

Este es un artículo en acceso abierto que se distribuye de acuerdo a los términos de la licencia Creative Commons.



**Reconocimiento-
NoComercial-
CompartirIgual 4.0
Internacional
(CC BY-NC-SA 4.0)**

Cómo citar:

Adame-Montaña, C., Romero-Rosales, T., Hernández-Polito, A., Villanueva-Sánchez, E., Herrera-Castro, N. D., & Segura-Pacheco, H. R. (2026). Primer reporte de *Fusarium graminearum* causando tizón foliar y marchitez en ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) en Guerrero, México. *Acta Agrícola y Pecuaria*, 12, e0121016. <https://doi.org/10.30973/aap/2026.12.0121016>

RESUMEN

El ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) es un cultivo oleaginoso importante en regiones tropicales y subtropicales del mundo. En México se siembran aproximadamente 70,000 ha anualmente, siendo Guerrero la segunda entidad con mayor superficie cultivada. En 2023, se observaron síntomas de tizón foliar y marchitez en plantas de ajonjolí en Guerrero, México. Los síntomas iniciaron como pequeñas manchas oscuras en la lámina foliar que posteriormente se expandieron y coalescieron, provocando tizón generalizado, defoliación y marchitez de las plantas. El patógeno se aisló a partir de tejidos sintomáticos mediante incubación en cámaras húmedas y obtención de cultivos monospóricos en medio papa dextrosa agar. Las pruebas de patogenicidad en plantas sanas reprodujeron los síntomas y cumplieron con los postulados de Koch. La identificación se realizó mediante caracterización morfológica y análisis filogenético de secuencias parciales de los genes TEF1, actina y β -tubulina. El análisis filogenético ubicó al aislamiento dentro del clado *Fusarium graminearum* con alto soporte. Este constituye el primer reporte de *F. graminearum* causando tizón foliar y marchitez en ajonjolí en Guerrero, México.

PALABRAS CLAVE

Mancha foliar, marchitez, identificación molecular, análisis filogenético.

ABSTRACT

Sesame (*Sesamum indicum* L.) is an important oilseed crop grown in tropical and subtropical regions worldwide. In Mexico, approximately 70,000 ha are cultivated annually, with Guerrero ranking as the second largest producing state. In 2023, symptoms of leaf blight and wilt were observed on sesame plants in experimental plots in Guerrero, Mexico. Symptoms began as small dark spots on leaves that expanded and coalesced, resulting in extensive blight, defoliation, and plant wilting. Symptomatic tissues were collected and incubated in moist chambers, and mono-spore cultures were obtained on potato dextrose agar. Pathogenicity tests on healthy 30-day-old plants reproduced the symptoms and fulfilled Koch's postulates. The pathogen was identified through morphological characterization and phylogenetic analyses of partial sequences of the TEF1, actin, and β -tubulin genes. Phylogenetic analysis placed the isolate within the *Fusarium graminearum* clade with strong support. This study represents the first report of *F. graminearum* causing leaf blight and wilt of sesame in Guerrero, Mexico.

KEYWORDS

Leaf spot, wilt, molecular identification, phylogenetic analysis.

El ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) es un cultivo que se desarrolla en diversas zonas tropicales y subtropicales de todo el mundo (Laurentin & Karlovsky, 2006). En México, el ajonjolí es uno de los principales cultivos de oleaginosas, con alrededor de 70,000 ha sembradas cada año. Guerrero representa la segunda entidad con mayor superficie cultivada, solamente después de Sinaloa (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, 2023). Entre los patógenos fúngicos reportados en este cultivo, se encuentran *Cercospora sesami*, *Fusarium oxysporum*, *Alternaria sesami*, *Podosphaera xanthii*, *Sclerotinia sclerotium*; las bacterias fitopatógenas *Pseudomonas syringae* pv. *Sesami*, *Xanthomonas campestris* pv. *Sesami*; además de fitoplasmas asociados a síntomas de filodias (Enikuomehin, 2005; Firdous et al., 2009; Guleria & Kumar, 2006; Ikten et al., 2014; Iqbal et al., 2018; Jyothi et al., 2011; Laurentin & Karlovsky, 2006; Sujatha et al., 2015).

En 2023, en parcelas experimentales establecidas para evaluar el rendimiento de diversas variedades de ajonjolí del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, ubicado en Iguala

de la Independencia, Guerrero, México (18° 20' 53" N, 99° 30' 25" O; 750 msnm), se observaron síntomas de tizón y marchitez que no habían sido descritos ni estudiados previamente. Esto motivó la identificación del agente causal de la enfermedad. Los síntomas inician como puntos pequeños oscuros en la lámina foliar que se desarrollan en manchas aisladas, frecuentemente limitadas por nervaduras. Estas manchas coalescen, formando un tizón generalizado en toda la lámina foliar. La enfermedad progresa con defoliación y marchitez generalizada (Figura 1).

Mediante un muestreo sistemático, se recolectó material vegetal (hojas) con síntomas típicos. El material biológico se lavó con agua y jabón, se desinfectó con etanol al 75 % e hipoclorito de sodio al 1 % por 30 segundos y se enjuagó tres veces con agua destilada estéril. En condiciones de asepsia, se colocaron fragmentos de material vegetal sobre portaobjetos en cajas Petri con papel absorbente humedecido para formar cámaras húmedas, las cuales se incubaron por cinco días a 23 ± 2 °C y un fotoperiodo de 12:12 (luz: oscuridad).



Figura 1. Daño foliar característico del tizón foliar del ajonjolí (*S. indicum*) asociado con *Fusarium graminearum* en diferentes etapas.

Para obtener el aislamiento monospórico, se usó la técnica descrita por Fracchia et al. (2001). El material en las cámaras húmedas se inspeccionó al microscopio para localizar acérvulos con conidios, los cuales se tomaron con una aguja de disección y se colocaron en una alícuota de agua destilada estéril para formar una suspensión. Con un asa bacteriológica, se realizó el estriado en medio papa dextrosa agar (PDA, 36 g*L⁻¹), incubando por cinco días a 23 ± 2 °C.

Se transfirieron discos miceliales del borde de una colonia monospórica de cinco días de edad en crecimiento activo a nuevas placas con medio PDA y se incubaron por 10 días a 23 ± 2 °C. Se preparó una suspensión de conidios (1 × 10⁵ conidios/mL) para inocular 10 plantas sanas de 30 días de edad, desarrolladas en un vivero bajo condiciones controladas. Se utilizó el método de inoculación por gota sin herida, aplicando 30 µL de la suspensión en el centro de cinco hojas por planta. Las plantas control fueron inoculadas con agua destilada.

Las plantas se cubrieron con bolsas de polietileno durante dos días y se mantuvieron en un vivero con malla sombra al 70 %, a temperatura ambiente y luz natural por 10 días. Posteriormente, se observó el desarrollo de lesiones típicas en las hojas inoculadas. El patógeno se aisló para cumplir con los postulados de Koch y se identificó por medio de análisis morfológico y molecular.

Se realizó un análisis molecular con base en secuencias de regiones del ADN específicas; la extracción de ADN para la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación de productos se realizó de acuerdo con la metodología propuesta por Rojas-Martínez et al. (2016). El análisis filogenético de los aislamientos obtenidos se realizó mediante amplificación por PCR del ADNr de la secuencia parcial del gen que codifica el factor de elongación 1-alfa (TEF1) que se realizó con los cebadores TEF-F (5'-ATGGTAAGGARGACAAGAC-3') y TEF-R (5'-GGARGTACCAGTSATCATGTT-3') como lo describen Lee et al. (2010) y O'Donnell et al. (1998), actina (ACT) con los cebadores ACT-F (ATGTGCAAGGCCGGTTCGC) y ACT-R (TACGAGTCCTTCTGGCCAT) y el gen parcial de la *b*-tubulina con los cebadores TUB-F (5'-AACATGCGTGAGATTGTAAGT-3') y TUB-R (5'-TCTGGATGTTGTTGGAATCC-3') (O'Donnell & Cigelnik, 1997). Cada producto de PCR se purificó con ExoSAP-IT (Affymetrix, Santa Clara, Estados Unidos) y se determinó su secuencia de nucleótidos (Macrogen Inc., Seoul, Korea).

Las secuencias de ambas cadenas de ADN obtenidas de los aislados fúngicos se ensamblaron y recortaron con el *software* BioEdit v7.0.5 para crear secuencias consenso. En la reconstrucción filogenética por inferencia bayesiana, se incluyeron 25 secuencias de referencia relacionadas de especies de *Fusarium* con el objetivo de asignar a géneros las cepas obtenidas en este estudio. Las secuencias de consenso se compilaron en un solo archivo y luego se alinearon múltiples secuencias utilizando el algoritmo MUSCLE incluido en el *software* MEGA 7 (Edgar, 2004; Kumar et al., 2016). Los procedimientos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana se implementaron utilizando el *software* MrBayes con el modelo evolutivo GTR + gamma + posiciones invariantes (Ronquist et al., 2012). De acuerdo con las instrucciones, el primer 25 % de los árboles generados se descartó como fase de quemado en cada análisis, y se determinaron probabilidades posteriores para los árboles restantes. La desviación estándar de las frecuencias divididas se detuvo cuando el valor fue < 0.01. El árbol final se visualizó con el *software* FigTree v.1.4.4. Las secuencias obtenidas en este estudio se depositaron y compararon con las depositadas en la base de datos GenBank del National Center for Biotechnology Information (s. f.).

El aislamiento se caracterizó morfológicamente, con ayuda de las claves ilustradas de Barnett y Hunter (1998), Booth (1977), Gerlach y Nirenberg (1982), además de Leslie y Summerell (2008). Las características macro y microscópicas que se tomaron en cuenta fueron el color de colonia, textura, presencia de micelio aéreo y anillos concéntricos, además de forma, color y tamaño de los conidios, fiálides, así como el tipo de cuerpo fructífero y apresorios. Las estructuras se observaron bajo un microscopio óptico (Olympus® CX23, Evident Scientific, Tokio, Japón) a 40X y 100X de aumento.

Se recuperó un aislado de *Fusarium* spp. de plantas de ajonjolí provenientes de Guerrero, México, con síntomas de tizón foliar y marchitez. Se estudiaron para dilucidar su identidad con base en características filogenéticas y morfológicas. Para confirmar los postulados de Koch, se observaron múltiples manchas en desarrollo, muchas de ellas limitadas por las nervaduras. Estas manchas aumentaron de tamaño, destruyendo los tejidos hasta formar un tizón en las hojas inoculadas. El patógeno se aisló nuevamente del material vegetal con síntomas y se identificó morfológicamente. La infección avanzó hasta cubrir aproximadamente el 50 % de la lámina foliar (Figura 1).

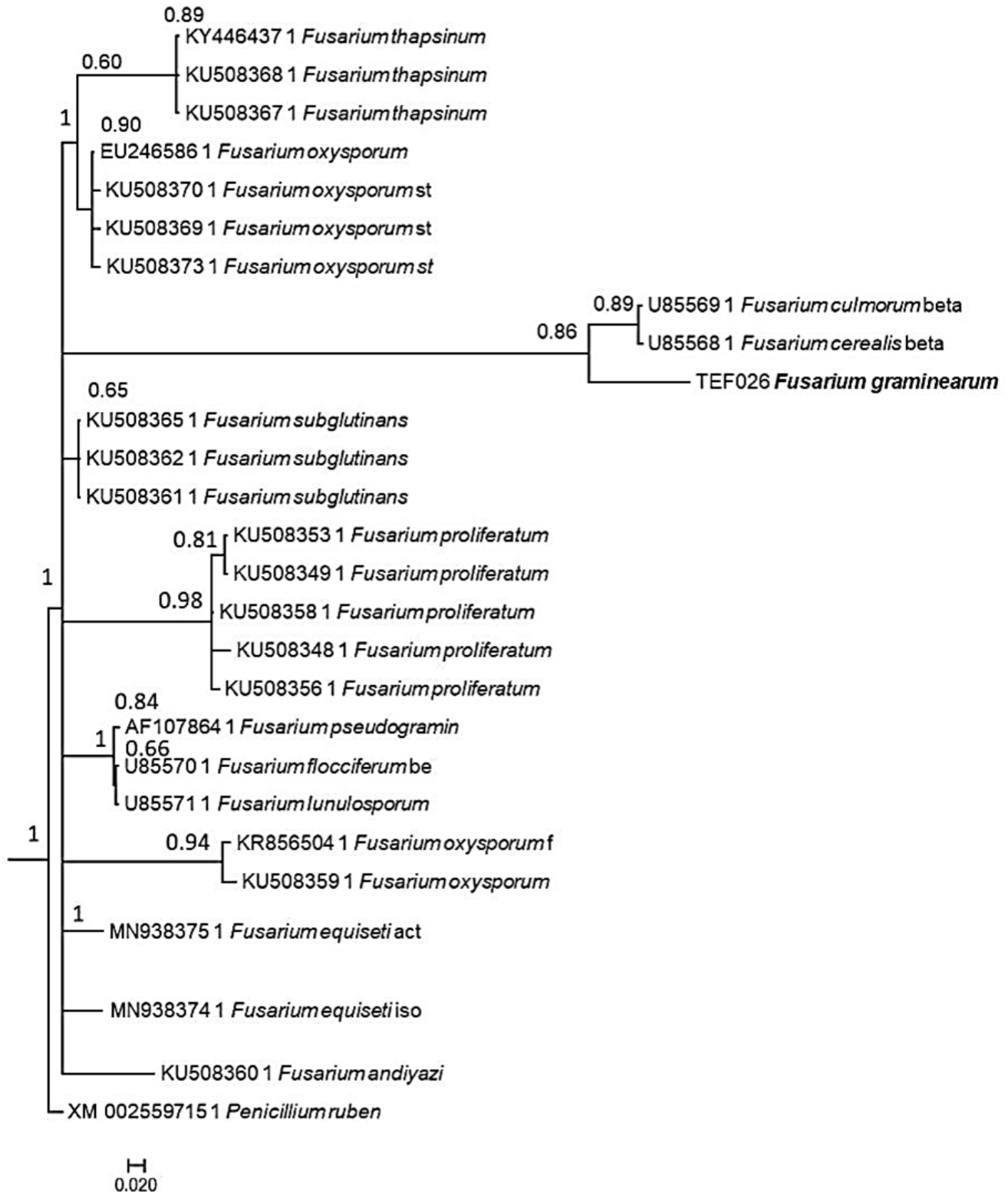


Figura 2. Árbol filogenético construido mediante inferencia bayesiana del complejo de especies de *Fusarium* sp. con secuencias concatenadas de la región de los genes que codifican el factor de elongación 1-alfa (TEF1), actina (Act) y el gen parcial de la *b*-tubulina (*tub*). *Penicillium ruben* cepa XM 0025597151 se incluyó como grupo externo. La barra inferior (0.02) indica sustituciones por sitio.

Todos los aislamientos fueron similares en las pruebas morfológicas y de patogenicidad. El análisis filogenético se realizó con secuencias de un alineamiento génico combinado de 551 pb. Se ejecutó un árbol filogenético construido con inferencia bayesiana hasta un millón de generaciones con una desviación estándar final de 0.009362. El árbol de consenso obtenido para el análisis bayesiano mostró que el aislamiento obtenido en este estudio se agrupó con el clado *Fusarium graminearum* y se diferenció de los aislamientos de referencia. *Fusarium graminearum* se separó de las especies más cercanamente relacionadas (*F. cerealis* y *F. culmorum*) con un 100 % de confianza (Figura 2).

La mayoría de las características morfológicas observadas coincidieron con las propias de *F. graminearum*. En medio PDA, todos los aislamientos manifestaron un crecimiento de colonias de color marrón oscuro que, al madurar, se tornaron de gris a gris oscuro; algunos cultivos presentaron pigmentos rojizos. Presentaron abundante micelio algodonoso color blanquecino a gris claro; se observaron macroconidios alargados y delgados de paredes gruesas con curvas poco pronunciadas que típicamente poseen de tres a cinco células delimitadas por septos. Los macroconidios constan de una célula apical alargada, una célula del pie pedicelada y una a cuatro células intercalares. No pudieron observarse clamidosporas ni microconidios; sin embargo, sí pudo observarse la presencia de peritecios (Figura 3) (Durán & Mancheno, 2021; Hernandez Nopsa et al., 2014; Seong et al., 2008).

Este es el primer reporte de *Fusarium graminearum* causando tizón foliar y marchitez en ajonjolí en Guerrero, México. La identificación y el entendimiento de este patógeno es fundamental para el desarrollo de estrategias de manejo que prevengan pérdidas significativas en el cultivo de ajonjolí en la región.

AGRADECIMIENTOS

El estudio fue financiado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (proyecto 134-2024): "Fortalecimiento del poder y las capacidades de las mujeres campesinas que construyen la soberanía agroalimentaria de la zona rural de Acapulco, Guerrero". Agradeceimiento especial a Iván Gallardo Bernal (Maestría en Tecnologías de la Información de la Universidad Autónoma de Guerrero) por la digitalización de la imagen de la progresión de la enfermedad.

LITERATURA CITADA

- Barnett, H. L., & Hunter, B. B. (1998). *Illustrated Genera of Imperfect Fungi*. The American Phytopathological Society.
- Booth, C. (1977). *Fusarium. Laboratory Guide to the Identification of the Major Species*. Commonwealth Mycological Institute.
- Durán, M. L., & Mancheno, M. (2021). Actividad antifúngica de compuestos fenólicos de tara (*Caesalpinia spinosa*) frente a *Fusarium graminearum*. *Revista de*

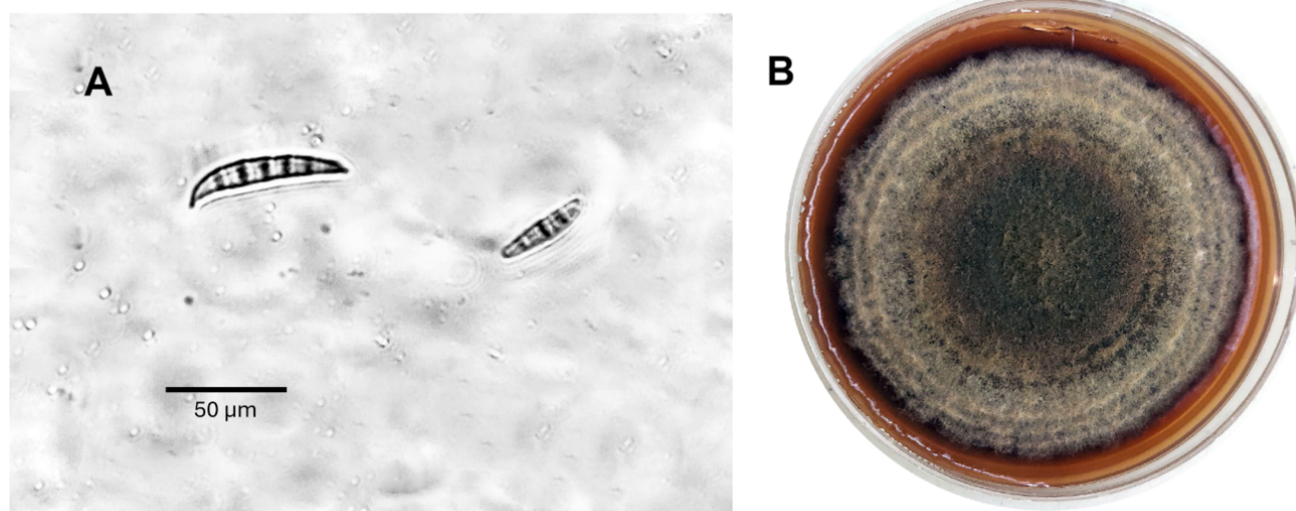


Figura 3. Características culturales y morfológicas de *Fusarium graminearum*. Macroconidios (A) y cultivo en medio PDA (B).

- Investigación Agraria y Ambiental*, 12(1), 39-50. <https://doi.org/10.22490/21456453.3755>
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5), 1792-1797. <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- Enikuomehin, O. A. (2005). *Cercospora* leaf spot disease management in sesame (*Sesamum indicum* L.) with plant extracts. *Journal of Tropical Agriculture*, 43, 19-23.
- Firdous, S. S., Asghar, R., Ul-Haque, M. I., Waheed, A., Afzal, S. N., & Mirza, M. Y. (2009). Pathogenesis of *Pseudomonas syringae* pv. *sesami* associated with sesame (*Sesamum indicum* L.) bacterial leaf spot. *Pakistan Journal Botany*, 41(2), 927-934.
- Fracchia, S., Menendez, A., Godeas, A., & Ocampo, J. A. (2001). A method to obtain monosporic cultures of arbuscular mycorrhizal fungi. *Soil Biology and Biochemistry*, 33(9), 1283-1285. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(01\)00014-1](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(01)00014-1)
- Gerlach, W., & Nirenberg, H. (1982). *The Genus Fusarium: a Pictorial Atlas*. Biologische Bundesanstalt für Land-und Forstwirtschaft.
- Guleria, S., & Kumar, A. (2006). *Azadirachta indica* leaf extract induces resistance in sesame against *Alternaria* leaf spot disease. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 5(2), 81-86.
- Hernandez Nopsa, J. F., Wegulo, S. N., Panthi, A., Hallen-Adams, H. E., Harris, S. D., & Baenziger, P. S. (2014). Characterization of Nebraska isolates of *Fusarium graminearum* causing head blight of wheat. *Crop Science*, 54(1), 310-317. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.04.0229>
- Ikten, C., Catal, M., Yol, E., Ustun, R., Furat, S., Toker, C., & Uzun, B. (2014). Molecular identification, characterization and transmission of phytoplasmas associated with sesame phyllody in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*, 139, 217-229. <https://doi.org/10.1007/s10658-014-0384-y>
- Iqbal, A., Pati, P. K., Akhtar, R., Begum, T., & Dasgupta, T. (2018). Diversity in sesame accessions. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 11(5), 725-731. <https://doi.org/10.30954/0974-1712.10.2018.3>
- Jyothi, B., Ansari, N. A., Vijay, Y., Anuradha, G., Sarkar, A., Sudhakar, R., & Siddiq, E. A. (2011). Assessment of resistance to *Fusarium* wilt disease in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm. *Australasian Plant Pathology*, 40(5), 471-475. <https://doi.org/10.1007/s13313-011-0070-x>
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Laurentin, H. E., & Karlovsky, P. (2006). Genetic relationship and diversity in a sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using amplified fragment length polymorphism (AFLP). *BMC genetics*, 7(1), 10. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-10>
- Lee, S. H., Lee, J., Nam, Y. J., Lee, S., Ryu, J. G., & Lee, T. (2010). Population structure of *Fusarium graminearum* from maize and rice in 2009 in Korea. *Plant Pathology Journal*, 26(4), 321-327. <https://doi.org/10.5423/PPJ.2010.26.4.321>
- Leslie, J. F., & Summerell, B. A. (2008). *The Fusarium Laboratory Manual*. John Wiley & Sons.
- National Center for Biotechnology Information. (S. f.). Resource List (A-Z). *National Library of Medicine*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- O'Donnell, K., & Cigelnik, E. (1997). Two divergent intragenomic rDNA ITS2 types within a monophyletic lineage of the fungus *Fusarium* are nonorthologous. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 7(1), 103-116. <https://doi.org/10.1006/mpev.1996.0376>
- 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*, 95(5), 2044-2049. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.5.2044>
- Rojas-Martínez, R. I., Camacho-Tapia, M., Zavaleta-Mejía, E., & Levy, J. (2016). First report of the presence of haplotypes A and B of *Candidatus Liberibacter solanacearum* in chili (*Capsicum annum* L.) in the central region of Mexico. *Journal of Plant Pathology*, 98(1), 111-115.
- Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A., & Huelsenbeck, J. P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3), 539-542. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- Seong, K.-Y., Zhao, X., Xu, J.-R., Güldener, U., & Kistler, H. C. (2008). Conidial germination in the filamentous fungus *Fusarium graminearum*. *Fungal Genetics and Biology*, 45(4), 389-399. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2007.09.002>

- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (2023). *Anuario estadístico de la producción agrícola*. SIAP. https://nube.agricultura.gob.mx/cierre_agricola/
- Sujatha, M., Soni, P. K., & Jawaharlal, J. (2015). Identification of *Podosphaera xanthii* causing powdery mildew on sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of Oilseeds Research*, 32(2), 183-185. <https://doi.org/10.56739/jor.v32i1.141940>