

REVISIÓN

El género *Neofusicoccum* un complejo fitosanitario emergente en la agricultura y silvicultura global: Taxonomía, epidemiología e impacto del cambio climático

The genus *Neofusicoccum*, an emerging phytosanitary complex in global agriculture and forestry: Taxonomy, epidemiology and the impact of climate change

Carlos Eulogio Belezaca-Pinargote¹, Brithany Michelle Belezaca-Pinargote¹, Lisbeth Yelitza Zambrano-Rodriguez¹, Paola Díaz-Navarrete²

¹ Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Quevedo, Ecuador.

² Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile.

*Autor para correspondencia: cbelezaca@uteq.edu.ec

Carlos Eulogio Belezaca-Pinargote, Autor 1

Docente-Investigador de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Quevedo-Ecuador.
cbelezaca@uteq.edu.ec, <https://orcid.org/0000-0002-3158-7380>

Brithany Michelle Belezaca-Pinargote, Autor 2

Ingeniera Forestal, Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Quevedo, Ecuador.
bbelezacap@uteq.edu.ec, <https://orcid.org/0009-0003-7124-9823>

Lisbeth Yelitza Zambrano-Rodriguez, Autor 3

Estudiante de la Carrera de Ingeniería en Agroecología. Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Quevedo, Ecuador. lzambranor4@uteq.edu.ec,
<https://orcid.org/0009-0008-9165-753X>

Paola Eunice Díaz-Navarrete, Autor 4

Docente-Investigadora, Departamento de Ciencias Veterinarias y Salud Pública, Facultad de Recursos Naturales. Universidad Católica de Temuco, Temuco 4780000, Chile.
paola.diaz@uct.cl; <https://orcid.org/0000-0003-0512-7695>

Sin conflicto de interés.

Enviado:04/07/2026

Aprobado:05/08/2026

DOI: 10.22370/bolmicol.2026.41.1.5901

Palabras claves: Botryosphaeriaceae, especies crípticas, estrés fisiológico, filogenia multilocus, muerte regresiva.

Keywords: Botryosphaeriaceae, cryptic species, physiological stress, multilocus phylogeny, dieback.

RESUMEN

El género *Neofusicoccum* (Botryosphaeriaceae) representa un complejo fitosanitario emergente que amenaza la agricultura y silvicultura global. Esta revisión sistemática evalúa investigaciones publicadas entre 1990 y 2026 para analizar su taxonomía, epidemiología y el impacto del cambio climático. Tradicionalmente, la identificación morfológica ha sido insuficiente para discriminar la alta diversidad de especies crípticas altamente virulentas, como *N. parvum* y *N. mediterraneum*. La literatura confirma que la delimitación taxonómica actual exige enfoques filogenéticos multilocus (ITS, *tefl-α*, *tub2*, *rpb2*) e información genómica. Desde el punto de vista epidemiológico, el éxito de *Neofusicoccum* radica en su plasticidad ecológica, persiste como endófito latente y pasa hacia una patogénesis necrotrófica agresiva cuando el hospedante sufre algún tipo de estrés fisiológico. Los escenarios de cambio climático, caracterizados por estrés térmico y déficits hídricos, incrementan significativamente la colonización vascular, induciendo canchros y muerte regresiva en más de 90 familias

botánicas. El movimiento de material vegetal asintomático constituye la principal vía de dispersión silenciosa a largas distancias, vulnerando los protocolos de bioseguridad. Ante la poca eficacia de medidas curativas frente a infecciones latentes, se concluye que el control debe fundamentarse en un manejo preventivo e integrado, priorizando el desarrollo de diagnósticos moleculares rápidos *in situ* y la validación de agentes de biocontrol bajo condiciones de estrés.

ABSTRACT

The genus *Neofusicoccum* (Botryosphaeriaceae) represents an emerging phytosanitary complex threatening global agriculture and forestry. This systematic review evaluates research published between 1990 and 2026 to analyze its taxonomy, epidemiology, and the impact of climate change. Traditionally, morphological identification has been insufficient to discriminate the high diversity of highly virulent cryptic species, such as *N. parvum* and *N. mediterraneum*. Literature confirms that current taxonomic delimitation requires multilocus phylogenetic approaches (ITS, *tefl-α*, *tub2*, *rpb2*) and genomic information. Epidemiologically, the

success of *Neofusicoccum* lies in its ecological plasticity: it persists as a latent endophyte and transitions to aggressive necrotrophic pathogenesis when the host undergoes physiological stress. Climate change scenarios, characterized by thermal stress and water deficits, significantly exacerbate vascular colonization, inducing cankers and dieback in over 90 botanical families. Furthermore, the movement of asymptomatic plant material constitutes the main pathway for silent long-distance dispersal, compromising biosecurity protocols. Given the ineffectiveness of curative measures against latent infections, we conclude that control must be based on integrated and preventive management, prioritizing the development of rapid *in situ* molecular diagnostics and the validation of biocontrol agents under stress conditions.

INTRODUCCIÓN

Los hongos de la familia Botryosphaeriaceae representan una amenaza creciente para la agricultura y silvicultura global debido a su amplia distribución geográfica, facilidad de adaptación ecológica y capacidad de colonizar tejidos leñosos en numerosos hospedantes. Ocasionalmente causan enfermedades con síntomas de canchales, muerte regresiva, necrosis vascular y pudriciones que reducen la productividad y longevidad de cultivos perennes y especies forestales (Slippers & Wingfield, 2007). En las últimas décadas, el incremento de eventos climáticos extremos ha favorecido la expansión epidemiológica de estos patógenos en sistemas agrícolas, silvícolas

y ecosistemas naturales (Batista *et al.*, 2021).

Dentro de la familia Botryosphaeriaceae, el género *Neofusicoccum* posee relevancia fitopatológica por su agresividad, diversidad taxonómica y capacidad de infectar hospedantes de importancia económica. Estudios filogenéticos multilocus redefinieron la delimitación taxonómica del género y demostraron la existencia de complejos de especies estrechamente relacionadas, muchas de ellas difíciles de diferenciar mediante características morfológicas convencionales (Crous *et al.*, 2006). Según Phillips *et al.* (2013), la identificación precisa de especies requiere el análisis combinado de regiones ITS (*tef1-a*, *tub2* y *rpb2*).

Las especies de *Neofusicoccum* tienen distribución cosmopolita y afectan cultivos agrícolas, forestales y ornamentales en regiones tropicales, subtropicales y templadas. A nivel global, varias investigaciones reportaron especies como *N. parvum*, *N. mediterraneum*, *N. luteum* y *N. australe* asociadas con enfermedades en la vid, aguacate, mango, cítricos, olivo, eucalipto y almendro, entre otros hospedantes (Slippers *et al.*, 2017). La amplitud de hospedantes evidencia una elevada capacidad de adaptación y un importante potencial epidemiológico en agroecosistemas.

La biología de *Neofusicoccum* spp. presenta particular complejidad debido a su comportamiento endofítico y oportunista. En numerosos casos, sus propágulos permanecen latentes en tejidos

hasta que factores de estrés fisiológico o ambiental favorecen la colonización patogénica del hospedante (Marsberg *et al.*, 2017). Esta habilidad de *Neofusicoccum* spp. dificulta el diagnóstico temprano y favorece la dispersión silenciosa del patógeno mediante material vegetal infectado, sustratos, herramientas de poda y residuos de cosecha.

Las condiciones de estrés hídrico, altas temperaturas y desequilibrios fisiológicos incrementan significativamente la susceptibilidad de los hospedantes frente a especies de *Neofusicoccum*. Estudios han demostrado que la severidad de los síntomas ocasionados por *Neofusicoccum* spp. aumentan bajo escenarios de déficit hídrico y estrés térmico (Slippers *et al.*, 2004). En consecuencia, los sistemas agrícolas intensivos y plantaciones forestales enfrentan un riesgo fitosanitario creciente en el contexto actual del cambio climático global.

El impacto económico asociado con *Neofusicoccum* resulta considerable en múltiples cadenas productivas. En vid, las enfermedades de madera ocasionadas por integrantes de la familia Botryosphaeriaceae reducen el rendimiento, deterioran la calidad del fruto y disminuyen la vida útil de los viñedos (Úrbez-Torres *et al.*, 2012). En especies forestales, las infecciones provocan muerte descendente, chancros y pérdidas de biomasa que comprometen programas de forestación, reforestación y producción de madera. Además, la naturaleza latente de estas infecciones limita la eficacia de

estrategias convencionales de manejo fitosanitario.

Avances recientes en taxonomía molecular y genómica han permitido comprender con mayor precisión la diversidad genética, filogenia y mecanismos de patogenicidad de *Neofusicoccum*. Investigaciones basadas en secuenciación multilocus y filogenómica revelaron altos niveles de variabilidad intraespecífica y la presencia de especies crípticas con diferente virulencia y especificidad ecológica (García *et al.*, 2021). Paralelamente, estudios transcriptómicos identificaron genes relacionados con degradación de pared celular, producción de toxinas y adaptación al estrés oxidativo.

En este contexto, resulta necesario integrar el conocimiento científico disponible sobre el género *Neofusicoccum* desde una perspectiva global que considere aspectos taxonómicos, epidemiológicos, ecológicos y fitopatológicos. La presente revisión analiza la diversidad taxonómica, distribución geográfica, rango de hospedantes, mecanismos epidemiológicos y estrategias de diagnóstico del género *Neofusicoccum*, con énfasis en su impacto fitosanitario en sistemas agrícolas y forestales a nivel mundial.

METODOLOGÍA

Diseño y enfoque de la revisión. La presente investigación correspondió a una revisión bibliográfica con enfoque sistemático orientada al análisis global del género *Neofusicoccum* como agente causal de enfermedades en especies de

importancia agronómica y silvícola. Se consideraron lineamientos ampliamente aceptados para revisiones científicas en ciencias biológicas y fitopatología, con énfasis en transparencia, reproducibilidad y rigurosidad documental (Page *et al.*, 2021). El proceso metodológico incluyó estrategias de búsqueda, criterios de elegibilidad, selección documental, extracción de información y análisis crítico de la evidencia científica disponible.

Fuentes de información y estrategia de búsqueda.

La recopilación bibliográfica se realizó mediante búsquedas sistemáticas en las bases de datos Web of Science Core Collection, Scopus, CAB Abstracts (CABI), Agricultural Library - USDA y Google Scholar. La búsqueda incluyó artículos científicos publicados entre enero de 1990 y abril de 2026 con el propósito de integrar información actualizada relacionada con taxonomía, filogenia, epidemiología, hospedantes, mecanismos de infección, distribución geográfica y manejo fitosanitario de especies del género *Neofusicoccum*.

Las ecuaciones de búsqueda utilizaron operadores booleanos y combinaciones específicas de palabras clave en inglés y español. Entre los principales términos empleados constaron: “*Neofusicoccum*”, “*Botryosphaeriaceae*”, “grapevine trunk diseases”, “forest pathology”, “dieback”, “canker”, “host range”, “phylogeny”, “molecular identification”, “pathogenicity” y “climate change”. La estrategia de búsqueda siguió

recomendaciones metodológicas aplicadas en revisiones científicas relacionadas con fitopatología y ciencias forestales (Snyder, 2019).

Criterios de inclusión y exclusión.

Los documentos seleccionados correspondieron exclusivamente a artículos científicos revisados por pares, capítulos de libros científicos y revisiones indexadas en revistas incluidas en Journal Citation Reports (JCR) y Scimago Journal Rank (SJR). Se incluyeron investigaciones que reportaron información verificable sobre especies de *Neofusicoccum* asociadas con enfermedades en cultivos agrícolas, especies forestales y hospedantes ornamentales.

Paralelamente se excluyeron resúmenes de congresos, tesis no publicadas, literatura gris sin revisión científica, documentos duplicados y publicaciones sin identificación taxonómica respaldada mediante herramientas moleculares. Además, se descartaron estudios con información incompleta respecto a hospedantes, localización geográfica o metodología de identificación fúngica.

Selección y organización de la información.

La selección documental se desarrolló mediante revisión independiente de títulos, resúmenes y contenido completo de los artículos potencialmente relevantes. Posteriormente, la información se organizó en matrices temáticas que incluyeron variables relacionadas con especies de *Neofusicoccum*, hospedante,

órgano afectado, sintomatología, distribución geográfica, herramientas de diagnóstico molecular, marcadores genéticos utilizados y principales hallazgos epidemiológicos.

El proceso de clasificación permitió establecer categorías relacionadas con diversidad taxonómica, interacción hospedante-patógeno, epidemiología, respuesta al estrés ambiental y estrategias de manejo fitosanitario. Este enfoque facilitó la comparación crítica de resultados reportados en diferentes regiones agroecológicas y sistemas productivos.

Análisis de la información científica.

Se realizó mediante síntesis cualitativa de la evidencia científica disponible. La interpretación consideró tendencias taxonómicas recientes, distribución de especies, amplitud de hospedantes, factores predisponentes y avances en identificación molecular. Asimismo, se evaluaron diferencias metodológicas entre investigaciones relacionadas con aislamiento, caracterización filogenética y pruebas de patogenicidad.

La integración de la información permitió identificar vacíos de conocimiento,

tendencias emergentes y desafíos actuales asociados con el manejo de enfermedades

causadas por *Neofusicoccum* en agricultura y silvicultura. El análisis crítico priorizó publicaciones con alto impacto científico y relevancia epidemiológica internacional.

RESULTADOS

Evolución taxonómica del género *Neofusicoccum*

El análisis de literatura científica especializada permitió detectar cuatro etapas principales (Tabla 1). Entre los años 1990 a 2005, los reportes se concentraron en especies tratadas dentro de *Botryosphaeria* o *Fusicoccum*. A partir del año 2006, la creación formal del género *Neofusicoccum* redefinió la interpretación taxonómica del grupo mediante filogenias multilocus (Crous *et al.*, 2006). Desde 2013, el número de estudios aumentó por la incorporación de análisis moleculares de regiones ITS (Internal Transcribed Spacer), *tefl-α* (factor de elongación de la traducción 1-alfa), *tub2* (beta-tubulina), y *rpb2* (subunidad 2 de la ARN polimerasa II), además de enfoques genómicos y transcriptómicos a partir del año 2020 (Phillips *et al.*, 2013; Garcia *et al.*, 2021).

Tabla 1. Evolución metodológica del estudio de *Neofusicoccum* entre 1990 y 2026.

Periodo	Enfoque dominante	Principal avance
1990 - 2005	Morfología y patogenicidad clásica	Asociación con cancros, muerte regresiva y pudriciones
2006 - 2012	Filogenia multilocus inicial	Separación de <i>Neofusicoccum</i> de <i>Botryosphaeria</i>
2013 - 2019	Taxonomía integrativa	Delimitación de complejos crípticos
2020 - 2026	Genómica, transcriptómica y biocontrol	Identificación de genes de virulencia y herramientas de manejo

Diversidad filogenética y expansión del género *Neofusicoccum*

Se evidencia un incremento sostenido en el número de especies descritas dentro del género *Neofusicoccum* desde su establecimiento taxonómico por Crous *et al.* (2006). Entre 1990 y abril de 2026, los estudios filogenéticos multilocus permitieron diferenciar especies crípticas previamente agrupadas dentro de complejos taxonómicos relacionados con *B. dothidea* y *N. parvum*. La incorporación de marcadores moleculares como ITS, *tefl-α*, *tub2* y *rpb2* mejoró significativamente la resolución filogenética y la delimitación

interespecífica (Phillips *et al.*, 2013; Slippers *et al.*, 2017).

Los resultados mostraron que *N. parvum*, *N. mediterraneum*, *N. luteum*, *N. australe* y *N. ribis* constituyen las especies con mayor frecuencia de reporte en sistemas agrícolas y forestales (Tabla 2). Investigaciones recientes identificaron nuevos linajes filogenéticos asociados con hospedantes forestales tropicales y subtropicales en América Latina, África y Asia (Jami *et al.*, 2013; Yang *et al.*, 2017). La evidencia genómica indicó elevados niveles de variabilidad intraespecífica y adaptabilidad ecológica.

Tabla 2. Principales especies de *Neofusicoccum* reportadas en agricultura y silvicultura a nivel mundial entre 1990 y 2026.

Especie	Principales	Distribución geográfica	Referencias
<i>N. mediterraneum</i>	Olivo, vid, cítricos	Europa, Asia, América	Úrbez-Torres <i>et al.</i> (2012)
<i>N. luteum</i>	Vid, kiwi, manzano	Oceanía, Europa, América	Phillips <i>et al.</i> (2013)
<i>N. australe</i>	Eucalipto, acacia, vid	África, Australia, Sudamérica	Jami <i>et al.</i> (2013)
<i>N. parvum</i>	Vid, aguacate, mango, eucalipto	América, Europa, África, Oceanía	Slippers <i>et al.</i> (2017)
<i>N. ribis</i>	Mango, cacao, aguacate	Regiones tropicales	Yang <i>et al.</i> (2017)

Fuente: Phillips *et al.* (2013), Slippers *et al.* (2017) y Garcia *et al.* (2021).

La filogenómica comparativa reveló diferencias en genes relacionados con virulencia, secreción de enzimas hidrolíticas y producción de metabolitos secundarios entre especies de *Neofusicoccum* (García *et al.*, 2021). Estas diferencias explicarían la variabilidad observada en agresividad patogénica, capacidad de colonización vascular y especificidad ecológica reportada en distintos hospedantes leñosos.

Botryosphaeriaceae, criterio reforzado por Slippers *et al.* (2017), quienes destacaron la elevada plasticidad ecológica del orden Botryosphaeriales.

Especies de *Neofusicoccum* con impacto fitosanitario global

Entre las especies más reportadas causando patogénesis en especies agronómicas y forestales se destacan *N. parvum*, *N. mediterraneum*, *N. australe*, *N. luteum*, *N. ribis*, *N. eucalyptorum*, *N. mangiferae* y *N. batangarum* figuran (Tabla 3). Phillips *et al.* (2013) indicaron que la identificación morfológica por sí sola resulta insuficiente para

Tabla 3. Especies de *Neofusicoccum* con relevancia fitosanitaria global.

Especie	Hospedantes	Síntomas dominantes	Regiones reportadas
<i>N. parvum</i>	Vid, aguacate, mango, eucalipto	Cancro, muerte regresiva, necrosis vascular	América, Europa, África, Oceanía
<i>N. mediterraneum</i>	Olivo, vid, cítricos, eucalipto	Seca de ramas, chancros, marchitez	Mediterráneo, América, África
<i>N. australe</i>	Eucalipto, pistacho, vid, acacia	Cancros corticales y muerte descendente	Europa, África, Australia, América
<i>N. luteum</i>	Vid, manzano, kiwi	Necrosis de madera y ramas	Europa, Oceanía, América
<i>N. eucalyptorum</i>	<i>Eucalyptus</i> spp.	Cancros y lesiones foliares	África, Europa, Oceanía
<i>N. ribis</i>	Mango, cacao, frutales tropicales	Dieback, canchros, pudriciones	Trópico y subtropico

Fuente: Slippers & Wingfield (2007), Phillips *et al.* (2013), Yang *et al.* (2017) y García *et al.* (2021).

Distribución geográfica de *Neofusicoccum*

El género *Neofusicoccum* posee distribución cosmopolita, sus especies afectan más de 90 familias botánicas en

regiones tropicales, subtropicales y templadas de América, Europa, África, Asia y Oceanía (Figura 1).

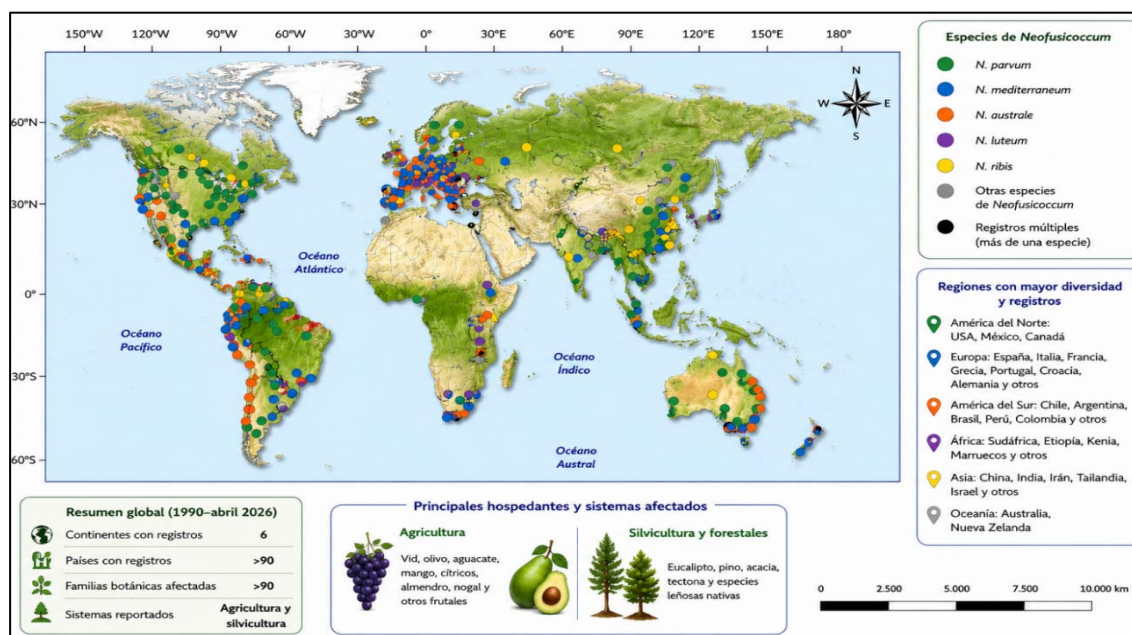


Figura 1. Distribución y registro global de especies del género *Neofusicoccum* reportadas en estudios publicados entre 1990 y abril 2026 en especies de importancia agronómica y forestal.

Especies frutales leñosas hospedantes de *Neofusicoccum*

Los principales registros corresponden a sistemas vitivinícolas y frutales comerciales perennes. *N. parvum* posee uno de los patrones más amplios de dispersión, y se lo reconoce como uno de los agentes más agresivos de muerte regresiva por Botryosphaeriaceae, causante de patogénesis del xilema y formación de canchales internos en *Vitis vinifera* (vid) en Chile y Croacia, muerte regresiva de *Persea americana* (aguacate) en España y México (Zea-Bonilla *et al.*,

2007; Díaz *et al.*, 2011; Úrbez-Torres *et al.*, 2012; Kaliternam *et al.*, 2013; Massonnet *et al.*, 2017). Los informes fitosanitarios de CABI (Centre for Agriculture and Bioscience International) también reconocen la amplitud geográfica de *N. parvum* y *N. australe*.

Adicionalmente se han detectado especies de *Neofusicoccum* causando patogénesis con síntomas de muerte en ramas, decoloración de madera y alta virulencia bajo condiciones mediterráneas en *Olea europaea* (olivo) y *Juglans regia* (nogal), también en *Mangifera indica* (mango), *Citrus* spp. (cítricos), *Prunus dulcis*

(almendro), *Pistacia vera* (pistacho) en otras regiones climáticas del planeta (Armengol *et al.*, 2008; Trakunyingcharoen *et al.*, 2015; Pitt *et al.*, 2015; Moral *et al.*, 2017; Brunetti *et al.*, 2022), (Tabla 4).

Especies forestales hospedantes de *Neofusicoccum*

En la tabla 4 se muestran las infecciones provocadas por *Neofusicoccum* spp., en plantaciones de *Eucalyptus* spp., *Pinus* spp., *Acacia* spp., *Tectona grandis*, y

especies leñosas nativas. Múltiples investigaciones han demostrado que *N. australe* es un agente altamente patogénico que genera canchros, daños en el xilema y muerte regresiva en *Eucalyptus* spp. en España (Armengol *et al.*, 2008) y Etiopía (Abouzkhar *et al.*, 2022). Estudios posteriores ampliaron la importancia del género *Neofusicoccum* para la silvicultura al demostrar infecciones en *Eucalyptus* spp. bajo ambientes semiáridos y sistemas de plantación intensiva (Abouzkhar *et al.*, 2022).

Tabla 4. Principales especies vegetales de importancia económica afectadas por *Neofusicoccum* spp.

Especie	Especies de <i>Neofusicoccum</i>	Enfermedad o síntoma
<i>V. vinifera</i>	<i>N. parvum</i> , <i>N. luteum</i> , <i>N. mediterraneum</i>	Enfermedades de madera, canchros
<i>P. vera</i>	<i>N. parvum</i> , <i>N. australe</i> , <i>N. mediterraneum</i> , <i>N. hellenicum</i>	Necrosis, muerte de ramas, pudrición de frutos
<i>P. americana</i>	<i>N. parvum</i> , <i>N. australe</i>	Muerte regresiva (dieback), necrosis vascular
<i>O. europaea</i>	<i>N. mediterraneum</i> , <i>N. parvum</i>	Seca de ramas, chancros
<i>M. indica</i>	<i>N. mangiferae</i> , <i>N. parvum</i> , <i>N. ribis</i>	Muerte regresiva, pudrición
<i>Citrus</i> spp.	<i>N. parvum</i> , <i>N. ribis</i> , <i>N. luteum</i> , <i>N. australe</i>	Canchros, muerte descendente y pudrición
<i>P. dulcis</i> / <i>J. regia</i>	<i>N. parvum</i> , <i>N. mediterraneum</i>	Canchros y muerte de ramas
<i>Eucalyptus</i> spp.	<i>N. eucalyptorum</i> , <i>N. parvum</i> , <i>N. mangiferae</i>	Canchros, muerte de ramas, marchitamiento
<i>Pinus</i> spp.	<i>N. parvum</i> , <i>N. mediterraneum</i> , <i>N. luteum</i> , <i>N. eucalyptorum</i> , <i>N. australe</i> , <i>N. vitifusiforme</i>	Canchros, dieback, marchitamiento
<i>Acacia</i> spp.	<i>N. parvum</i> , <i>N. australe</i> , <i>N. luteum</i>	Canchros, dieback, marchitamiento
<i>T. grandis</i>	<i>N. parvum</i>	Canchros, dieback, marchitamiento

Fuente: Zea-Bonilla *et al.* (2007), Úrbez-Torres *et al.* (2012), Moral *et al.* (2017) y Massonnet *et al.* (2017).

Mecanismos de dispersión de *Neofusicoccum* spp.

Las especies del género *Neofusicoccum* presentan múltiples mecanismos de dispersión que favorecen su establecimiento en sistemas agrícolas y forestales de diversas regiones climáticas del planeta. La literatura científica demostró que la dispersión primaria ocurre principalmente mediante conidios liberados desde tejidos infectados, residuos de poda, raleos y madera necrosada bajo condiciones de alta humedad relativa y precipitación. Según Slippers & Wingfield (2007), las salpicaduras de lluvia constituyen uno de los mecanismos más eficientes para la dispersión local de propágulos hacia heridas recientes y tejidos susceptibles. Adicionalmente, el viento y algunos insectos xilófagos contribuyen al transporte de estructuras fúngicas entre plantas cercanas, especialmente en sistemas de cultivo o plantaciones monoespecíficas con elevada densidad

vegetal y estrés fisiológico de las plantas hospedantes.

El movimiento de material vegetal infectado representa uno de los principales mecanismos de dispersión de las especies de *Neofusicoccum* a largas distancias. Varios estudios reportan la presencia del patógeno en plantas asintomáticas destinadas a propagación comercial, situación que favorece la introducción silenciosa de especies del hongo en nuevas regiones agrícolas y forestales (Marsberg *et al.*, 2017; Yang *et al.*, 2017). Las herramientas de poda, maquinaria agrícola y silvícola, y residuos vegetales contaminados constituyen vectores eficientes en la transmisión mecánica del patógeno dentro de viveros, invernaderos, plantaciones agronómicas y forestales (Figura 2). Adicionalmente, la capacidad de *Neofusicoccum* spp. de permanecer latente como endófito incrementa el riesgo epidemiológico y dificulta la detección temprana en programas de prevención y control fitosanitarios.

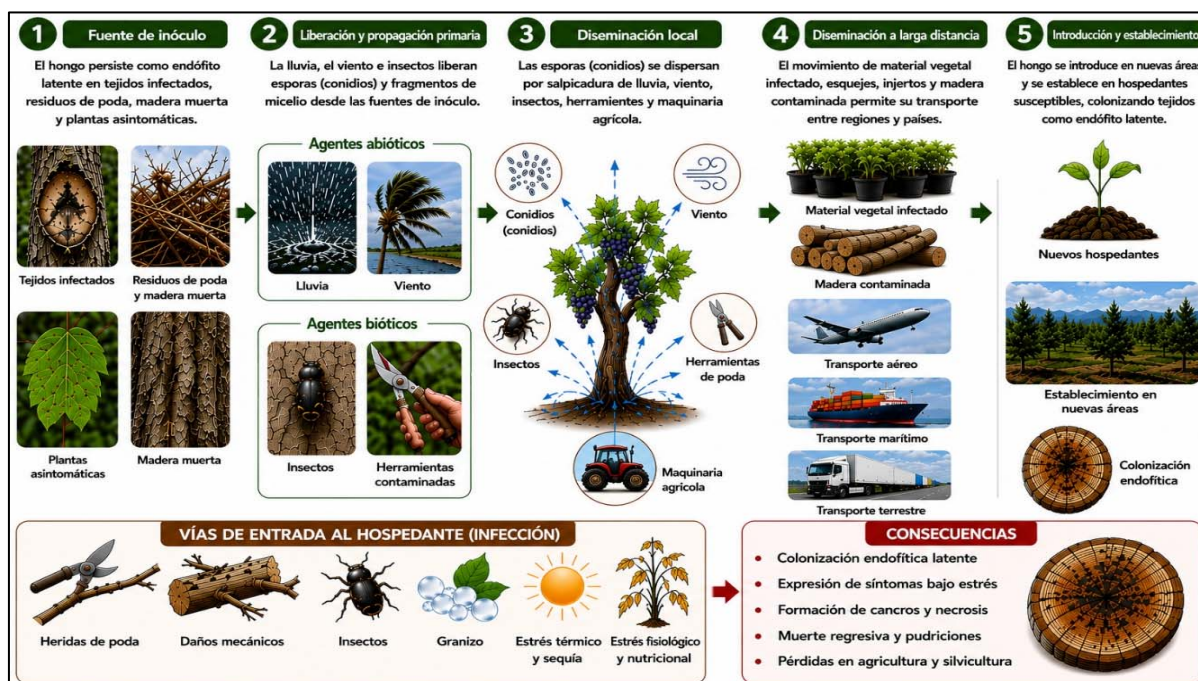


Figura 2. Mecanismos de dispersión de *Neofusicoccum* spp. que favorecen la introducción, movimiento y establecimiento en nuevos hospedantes.

Epidemiología y factores predisponentes

La mayor parte de la literatura científica especializada coincide en que los representantes de la familia Botryosphaeriaceae son capaces de permanecer en tejidos sanos y expresar patogenicidad bajo condiciones de estrés. Marsberg *et al.* (2017), confirmaron que este grupo de hongos generan enfermedades en leñosas manteniéndose inicialmente en latencia, posteriormente se aprovechan del estrés de sus hospedantes y finalmente realizan una transición hacia necrotrofia.

Las especies de *Neofusicoccum* generalmente actúan como endófitos en las fases iniciales de colonización, sobreviven

en el ambiente como saprófitos y bajo condiciones adecuadas actúan como patógenos oportunistas. Estas características dificultan el diagnóstico temprano y contribuyen a la dispersión silenciosa del patógeno (Slippers & Wingfield, 2007).

La expresión de enfermedades asociadas a *Neofusicoccum* spp. depende estrechamente de factores ambientales y fisiológicos que favorecen la transición desde un estado endofítico hacia un comportamiento patogénico agresivo. Investigaciones recientes demostraron que condiciones de sequía (déficit hídrico), altas temperaturas, plantas envejecidas, estrés nutricional, lesiones mecánicas naturales o de origen antropogénico, y material vegetal infectado incrementan

significativamente la colonización vascular y la severidad de síntomas como canchros, necrosis y muerte regresiva (Pitt *et al.*, 2015; Massonnet *et al.*, 2017).

Esta relación sugiere una estrecha interacción entre el cambio climático, masificación y susceptibilidad fisiológica de los sistemas monoespecíficos agrícolas y forestales, y la agresividad del fitopatógeno, que en combinación favorecerán la expansión geográfica y epidemiológica del género *Neofusicoccum* durante las próximas décadas.

Patogenicidad y mecanismos de virulencia de *Neofusicoccum*

Las especies de *Neofusicoccum* ocasionan síntomas variables según el hospedante y condiciones ambientales. Los síntomas más frecuentes incluyen canchros, necrosis vascular, exudados gomosos, muerte descendente, marchitez, pudrición de frutos y secamiento de ramas. En la vid y frutales leñosos, las necrosis internas de xilema representan uno de los principales indicadores de diagnóstico (Mondello *et al.*, 2018).

Estudios de patogenicidad han demostrado alta variabilidad entre especies y aislamientos de *Neofusicoccum* spp. Garcia *et al.* (2021) observaron diferencias significativas en la capacidad de colonización y producción de lesiones entre poblaciones geográficamente separadas de *N. parvum* y *N. mediterraneum*. No obstante, *N. parvum* aparece de forma recurrente como una de las especies más agresivas en vid, aguacate y otros hospedantes leñosos.

Resultados experimentales han demostrado que la patogenicidad del complejo *Neofusicoccum* depende de la producción de enzimas degradadoras de la pared celular, toxinas fitotóxicas, metabolitos secundarios relacionados con estrés oxidativo, proteínas secretadas y capacidad de colonización del xilema (Abou-Mansour *et al.*, 2015; Massonnet *et al.*, 2017; Garcia *et al.*, 2021). En este sentido, Marsberg *et al.* (2017) identificaron genes asociados con lignocelulasas y sistemas antioxidantes que favorecen la colonización vascular en condiciones de estrés hídrico (Tabla 5).

Tabla 5. Mecanismos asociados a la patogenicidad de *Neofusicoccum* spp.

No.	Mecanismo	Función fitopatológica
1	Enzimas lignocelulolíticas	Degradación de paredes celulares
2	Metabolitos fitotóxicos	Necrosis, clorosis y pérdida funcional
3	Proteínas secretadas	Interacción temprana hospedante-patógeno
4	Colonización endofítica	Persistencia asintomática
5	Respuesta al estrés oxidativo	Adaptación al ambiente vascular

Fuente: Abou-Mansour *et al.* (2015), Massonnet *et al.* (2017) y Garcia *et al.* (2021)

Identificación polifásica de *Neofusicoccum* spp.

Para una identificación confiable de *Neofusicoccum* spp. se requiere un enfoque polifásico. La morfología de colonias, picnidios, conidióforos y conidios permite una aproximación inicial, pero no resuelve especies crípticas. Con el propósito de evitar sesgos y/o confusiones, Phillips *et al.* (2013) recomendaron análisis multilocus, y posteriormente Yang

et al. (2017) propusieron la combinación de morfología, filogenia y datos ecológicos para los integrantes de la familia Botryosphaeriaceae (Tabla 6). Para el efecto, los marcadores ITS y *tefl-α* son empleados con frecuencia, aunque *tub2* y *rpb2* mejoran la resolución a nivel de especies críptica

Tabla 6. Marcadores moleculares usados para la identificación de representantes del género *Neofusicoccum*.

Marcador	Uso principal	Limitación
ITS	Identificación inicial	Baja resolución en complejos cercanos
<i>tefl-α</i>	Separación interespecífica	Requiere bases curadas
<i>tub2</i>	Apoyo filogenético	Cobertura desigual
<i>rpb2</i>	Alta resolución	Menor disponibilidad de datos históricos
Genómica	Inferencia evolutiva y virulencia	Mayor costo analítico

Manejo integrado de *Neofusicoccum* spp.

La evidencia científica señala que el manejo de *Neofusicoccum* spp., no depende de una sola actividad preventiva o de manejo, sino, de estrategias integrales que combinan varios factores como: material vegetal sano, resistente y/o tolerante, protección de heridas naturales (torceduras o rajaduras causadas por el viento, etc.), y artificiales (podas, raleos, profilaxis, etc.), reducción de estrés hídrico, eliminación de plantas o residuos infectados para disminuir la presión del

inóculo, diagnóstico molecular y biocontrol, entre otros.

En los cultivos de vid, varios ensayos de biocontrol empleando *Pythium oligandrum*, *Trichoderma* spp. y bacterias nativas muestran gran potencial, aunque su eficacia está en función de las condiciones ambientales, momento de aplicación y especie del patógeno (Yacoub *et al.*, 2020; Gómez-Garay *et al.*, 2024; Castillo-
Novalés *et al.*, 2025).

Vacíos de conocimiento en *Neofusicoccum* spp.

Hasta el presente persisten varias interrogantes que impiden comprender de manera integral a *Neofusicoccum* spp. En esta revisión se plantean varios vacíos del conocimiento que en el futuro deberán ser abordadas: a) ¿cuál es la distribución real de las especies del género en regiones tropicales?, b) ¿cuál es el efecto combinado de sequías y temperaturas sobre la susceptibilidad y/o resistencia de los hospedantes frente a escenarios de cambio climático global?, c) ¿cuál es el papel de los viveros en la dispersión de *Neofusicoccum* spp.?, d) ¿Cuál es la diversidad críptica en hospedantes nativos e introducidos?, e) ¿son eficientes y validadas las herramientas de diagnóstico rápido?.

Estas inquietudes aún desconocidas permiten calificar a *Neofusicoccum* spp. como un complejo fitosanitario global, favorecido por el comercio vegetal global, intensificación agrícola y forestal, cambio climático y limitada vigilancia molecular.

CONCLUSIONES

En función al análisis bibliográfico del género *Neofusicoccum* se concluye lo siguiente:

- La identificación morfológica es insuficiente para discriminar la alta diversidad de especies crípticas del género *Neofusicoccum*. Es necesaria la implementación de enfoques filogenéticos multilocus e información genómica como un estándar para una

correcta delimitación taxonómica y vigilancia epidemiológica de aislamientos con variada virulencia.

- El éxito ecológico del patógeno está en su plasticidad para pasar del estado endófito latente al estado de patógeno necrotrófico agresivo. Esta transición es gatillada por condiciones de estrés fisiológico, por lo que escenarios de cambio climático (déficits hídricos y térmicos) incrementarán significativamente su impacto y severidad en sistemas agrícolas y forestales a nivel global.
- El comercio internacional y el movimiento de material vegetal asintomático constituyen los principales vectores de dispersión silenciosa a largas distancias. Estas actividades accidentales o deliberadas burlan las inspecciones visuales exponiendo una vulnerabilidad crítica en los protocolos actuales de cuarentena y bioseguridad.
- Dada la ineficacia de medidas curativas frente a infecciones latentes, el control debe basarse en un manejo preventivo e integrado. Las futuras investigaciones deben priorizar el desarrollo de herramientas de diagnóstico molecular rápido *in situ*, validación de agentes de biocontrol bajo condiciones de estrés, y la evaluación del impacto real del patógeno en regiones tropicales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abou-Mansour, E., Débieux, J. L., Ramírez-Suero, M., Bénard-Gellon, M., Magnin-Robert, M., Spagnolo, A., Chong, J., Farine, S., Bertsch, C., L'Haridon, F., Serrano, M., Fontaine, F., Rego, C., &

- Larignon, P. (2015). Phytotoxic metabolites from *Neofusicoccum parvum*, a pathogen of Botryosphaeria dieback of grapevine. *Phytochemistry*, 115, 207–215. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2015.01.012>
- Abouzkhair, F.A., Yangui, I., Messaoud, C., & Ben Jamâa, M.L. (2022). *Eucalyptus* leaf diseases associated with *Neofusicoccum* spp. in North Africa. *Journal of Arid Environments*, 197, 104662. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2021.104662>
- Armengol, J., Gramaje, D., Pérez-Sierra, A., Landeras, E., & Alzugaray, R. (2008). First report of canker disease caused by *Neofusicoccum australe* on eucalyptus and pistachio in Spain. *Plant Disease*, 92(6), 980. <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-6-0980B>
- Batista, E., Lopes, A., & Alves, A. (2021). What do we know about Botryosphaeriaceae? An overview of a worldwide cured dataset. *Forests*, 12(3), 313. <https://doi.org/10.3390/f12030313>
- Brunetti, A., Palumbo, J.D., Vitale, A., Aiello, D., Polizzi, G., & Cacciola, S.O. (2022). *Neofusicoccum mediterraneum* is involved in a twig and branch dieback of olive trees in Italy. *Pathogens*, 11(1), 53. <https://doi.org/10.3390/pathogens11010053>
- Castillo-Novales, D., Vega-Celedón, P., Larach, A., Seeger, M., & Besoain, X. (2025). Native bacteria are effective biocontrol agents at a wide range of temperatures of *Neofusicoccum parvum*, associated with Botryosphaeria dieback on grapevine. *Plants*, 14(7), 1043. <https://doi.org/10.3390/plants14071043>
- Crous, P.W., Slippers, B., Wingfield, M.J., Rheeder, J., Marasas, W.F.O., Philips, A.J.L., Alves, A., Burgess, T., Barber, P., & Groenewald, J.Z. (2006). Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Studies in Mycology*, 55, 235–253. <https://doi.org/10.3114/sim.55.1.235>
- Díaz, G.A., Prehn, D., Besoain, X., Chávez, E.R., & Latorre, B.A. (2011). *Neofusicoccum parvum* associated with grapevine trunk diseases in Chile. *Plant Disease*, 95(8), 1032. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-11-0260>
- García, J.F., Lawrence, D. P., Morales-Cruz, A., Travadon, R., Minio, A., Hernández-Martínez, R., Rolshausen, P.E., Baumgartner, K., & Cantu, D. (2021). Phylogenomics of plant-associated Botryosphaeriaceae species. *Frontiers in Microbiology*, 12, 652802. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.652802>
- Gómez-Garay, A., Astudillo Calderón, S., Tello Mariscal, M.L., & Pintos López, B. (2024). Effective control of *Neofusicoccum parvum* in grapevines: Combining *Trichoderma* spp. with chemical fungicides. *Agronomy*, 14(12), 2766. <https://doi.org/10.3390/agronomy14122766>
- Jami, F., Slippers, B., Wingfield, M. J., Gryzenhout, M., & Roux, J. (2013). Greater Botryosphaeriaceae diversity in

healthy than associated diseased Acacia karroo tree tissues. *Australasian Plant Pathology*, 47(3), 253–266. <https://doi.org/10.1007/s13313-013-0209-z>

Kaliternam, J., Miličević, T., Benčić, D., & Duralija, B. (2013). First report of *Neofusicoccum parvum* associated with grapevine trunk diseases in Croatia. *Plant Disease*, 97(12), 1656. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-13-0283-PDN>

Massonnet, M., Figueroa-Balderas, R., Galarneau, E.R.A., Miki, S., Lawrence, D.P., Sun, Q., Wallis, C.M., Baumgartner, K., & Cantu, D. (2017). *Neofusicoccum parvum* colonization of the grapevine woody stem triggers asynchronous host responses at the site of infection and in the leaves. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1117. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01117>

Marsberg, A., Kemler, M., Jami, F., Nagel, J.H., Postma-Smidt, A., Naidoo, S., Wingfield, M.J., Crous, P.W., Spatafora, J.W., Hesse, C.N., Robbertse, B., Slippers, B., & Duong, T.A. (2017). *Botryosphaeria dothidea*: A latent pathogen of global importance to woody plant health. *Molecular Plant Pathology*, 18(4), 477–488. <https://doi.org/10.1111/mpp.12495>

Mondello, V., Songy, A., Battiston, E., Pinto, C., Coppin, C., Trotel-Aziz, P., Clément, C., Mugnai, L., & Fontaine, F. (2018). Grapevine trunk diseases: A review of fifteen years of trials for their control with chemicals and biocontrol agents. *Plant Disease*, 102(7), 1189–1217. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-17-1181-FE>

Moral, J., Morgan, D., Trapero, A., & Michailides, T.J. (2017). Identification of fungal species associated with branch dieback of olive and resistance of table cultivars to *Neofusicoccum mediterraneum* and *Botryosphaeria dothidea*. *Plant Disease*, 101(2), 306–316. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-16-0806-RE>

Page, M.J., McKenzie, J.E., Bossuyt, P.M., Boutron, I., Hoffmann, T.C., Mulrow, C.D., Shamseer, L., Tetzlaff, J.M., Akl, E.A., Brennan, S.E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J.M., Hróbjartsson, A., Lalu, M.M., Li, T., Loder, E.W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>

Phillips, A.J.L., Alves, A., Abdollahzadeh, J., Slippers, B., Wingfield, M., Groenewald, J.Z., & Crous, P.W. (2013). The *Botryosphaeriaceae*: Genera and species known from culture. *Studies in Mycology*, 76, 51–167. <https://doi.org/10.3114/sim0021>

Pitt, W.M., Úrbez-Torres, J.R. & Trouillas, F.P. (2015).

Dothiorella and *Spencermartinsia*, new species and records from grapevines in Australia. *Australasian Plant Pathol.* 44, 43–56. <https://doi.org/10.1007/s13313-014-0332-5>

Slippers, B., Crous, P.W., Denman, S., Coutinho, T. A., Wingfield, B.D. & Wingfield, M.J. (2004). Combined multiple gene genealogies and phenotypic

characters differentiate several species previously identified as *Botryosphaeria dothidea*. *Mycologia*, 96(1), 83–101. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21148832/>

Slippers, B., & Wingfield, M.J. (2007). Botryosphaeriaceae as endophytes and latent pathogens of woody plants: Diversity, ecology and impact. *Fungal Biology Reviews*, 21(2–3), 90–106. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2007.06.002>

Slippers, B., Crous, P.W., Jami, F., Groenewald, J.Z., & Wingfield, M.J. (2017). Diversity in the Botryosphaeriales: Looking back, looking forward. *Fungal Biology*, 121(4), 307–321. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2017.02.002>

Snyder, H. (2019). Literature review as a research methodology: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*, 104, 333–339. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2019.07.039>

Trakunyingcharoen, T., Lombard, L., Groenewald, J.Z., Cheewangkoon, R., To-anun, C., & Crous, P.W. (2015). Caulicolous Botryosphaeriales from Thailand. *Persoonia*, 34, 87–99. <https://doi.org/10.3767/003158515X685841>

Úrbez-Torres, J.R., Peduto, F., Striegler, R.K., Urrea-Romero, K.E., Rupe, J.C., Cartwright, R.D., & Gubler, W.D. (2012). Characterization of fungal pathogens associated with grapevine trunk diseases in Arkansas and Missouri. *Fungal Diversity*,

52, 169–189. <https://doi.org/10.1007/s13225-011-0110-4>

Yacoub, A., Haidar, R., Gerbore, J., Masson, C., Dufour, M.C., Guyoneaud, R., & Rey, P. (2020). *Pythium oligandrum* induces grapevine defence mechanisms against the trunk pathogen *Neofusicoccum parvum*. *Phytopathologia Mediterranea*, 59(3), 565–580. <https://doi.org/10.14601/Phyto-11270>

Yang, T., Groenewald, J.Z., Cheewangkoon, R., Jami, F., Abdollahzadeh, J., Lombard, L., & Crous, P.W. (2017). Families, genera, and species of Botryosphaeriales. *Fungal Biology Reviews*, 121(4), 322–346. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2016.11.001>

Zea-Bonilla, T., Luque, J., & Martos, S. (2007). Avocado dieback caused by *Neofusicoccum parvum* in the Andalusia region, Spain. *Plant Disease*, 91(8), 1052. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-8-1052B>