UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

Caracterización de las poblaciones de hongos y oomycetes causantes de Pudriciones radicales en fríjol, *Phaseolus vulgaris* L.

Alberto Rojas Triviño

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agropecuarias
Palmira, Colombia
2019

Caracterización de las poblaciones de hongos y oomycetes causantes de Pudriciones radicales en fríjol, *Phaseolus vulgaris* L.

Alberto Rojas Triviño

Tesis de Doctorado presentada como requisito parcial para optar al título de:

Doctor en Ciencias Agrarias, Fitopatología

Directores:

Ph.D. Fitopatología, Gloria María Mosquera Cifuentes.

Ph.D. Ciencias Agropecuarias, Jaime Eduardo Muñoz Flórez.

Línea de Investigación:

Protección de Cultivos

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias Agropecuarias

Palmira, Colombia

2019

Gracias a Lola y a mi familia.

Agradecimientos

- A COLCIENCIAS convocatoria 720, por el crédito condonable.

- A CIAT, Programa de Patología de Fríjol, agradezco por financiar mi trabajo. A la Dra. Gloria Mosquera; así como, al grupo de trabajo del Programa de Fríjol.

- A la Universidad Nacional de Colombia, por la formación aportada. Al Profesor Jaime Eduardo Muñoz.

- A Martin Chilver líder de Chilver's Lab, en Michigan State University y por abrirme las puertas de su laboratorio.

- Alejandro Rojas por la guía, asesoría y su compromiso con este trabajo. Gracias por ser un gran Maestro.

- A Victoria Eugenia Arredondo por sus grandes aportes, por su amistad y todo el compromiso y su ayuda para conmigo y con este trabajo.

- A Sandra Yobana Molina, por su colaboración con el cepario y el trabajo rutinario en el laboratorio. Fue de incalculable ayuda tener una mano amable para estas arduas labores.

Contenido

Pág.

Resumen ..... **IX**

Abstract ..... **X**

Lista de figuras ..... **XVI**

Lista de tablas ..... **XXVI**

Lista de anexos ..... **XXVII**

Glosario ..... **XXIX**

Introducción **1**

Capítulos **1**

1. Capítulo. Preliminares de Investigación **1**

Planteamiento del problema. 1

Justificación. 3

- Centro de origen y dispersión del fríjol. 3
- Importancia del fríjol en el mundo y en Colombia. 4
- Enfermedades del frijol y costos de manejo. 6

Objetivo principal 8

Hipótesis de investigación. 8

MARCO TEÓRICO. 9

- Generalidades. 9
- Origen y diversificación del fríjol. 11
- Clasificación taxonómica del fríjol común. 13
- Domesticación del género *Phaseolus* y la especie *P. vulgaris*. 13
- Enfermedades en el cultivo del fríjol. 15
- Enfermedades ocasionadas por patógenos cuyo hábitat es el suelo. 19
- Marcadores moleculares en la identificación de microorganismos. 25
- Reacción en cadena de la polimerasa (PCR). 26
- Genes ribosomales. 26

- Secuenciación de Nueva Generación 28

2. Capítulo. Caracterización de las comunidades de hongos y oomycetes causantes de pudrición radical y del hipocótilo en fríjol, basada en técnicas de aislamiento en medios de cultivo. 31

2.1 Resumen 32

2.2 Abstract 33

2.3 Materiales y métodos 34

2.3.1 Ubicación geográfica de los experimentos. 34

- Zona de muestreo. 34

2.3.2 Muestreo, aislamiento, purificación e incremento de hongos y oomycetes. 35

- Muestreo de suelo. 35
- Aislamiento directo de los hongos y oomycetes en PDA + Tetraciclina. 37
- Selección de aislados por morfotipo. 38
- Purificación de aislados (cultivos monospóricos). 38
- Conservación de los hongos y oomycetes aislados. 39
- Reactivación del crecimiento de hongos y oomycetes conservados. 39

2.3.3 Caracterización de la patogenicidad de los hongos y oomycetes aislados de suelo, en raíces e hipocótilo de *Phaseolus vulgaris* L. 40

- Germoplasma de experimentación. 40
- Preparación del inóculo. 40
- Germinación de las semillas. 41
- Inoculación. 41
- Evaluación de síntomas. 41
- Reaislamiento del patógeno en plantas inoculadas y con síntomas de pudrición. 42
- Diseño experimental y análisis estadístico. 43

2.3.4 Identificación molecular de las especies de hongos y oomycetes patogénicos en raíces e hipocótilo del fríjol. 44

- Propagación de micelio para extracción de ADN total. 44
- Extracción de ADN total de cada uno de los aislamientos. 44
- Amplificación mediante PCR de aislados patogénicos. 45
- Preparación del cóctel para la PCR. 46
- Verificación de la amplificación y calidad de productos amplificados. 47

- Primera PCR: ITS + Fluidigm. 154
- Segunda PCR: ITS / Fluidigm + Adaptadores. 154
- Secuenciación Illumina *2 x 250 bp paired-end*. 154
- Análisis bioinformático. 155
- Análisis general de las comunidades de hongos y de la comunidad de fitopatógenos. 156

3.4 Resultados 159

3.4.1 Secuenciación ITS2 - Illumina para la identificación de hongos. 159

- Abundancia *de novo* a nivel de Filum. 160
- Especies de hongos identificadas, asociadas a enfermedades. 172

3.5 Discusión 175

4. Capítulo. Análisis de la comunidad de oomycetes presentes en suelo con alta presión de pudrición radical y del hipocótilo en *Phaseolus vulgaris* L., a través de *Illumina MiSeq*. 183

4.1 Resumen 184

4.2 Abstract 185

4.3 Materiales y métodos 186

4.3.1 Extracción de ADN total de suelo. 186

4.3.2 Secuenciación *Illumina* de la región ITS1 186

- PCR ITS1 para adición de secuencia Fluidigm. 187
- Adición de adaptadores compatibles y amplificación *Illumina 2x250 bp* pared-end. 187
- Análisis bioinformático. 188
- Análisis de la comunidad de oomycetes y de las especies asociadas a enfermedad. 189

4.4 Resultados 191

4.4.1 Identificación de oomycetes por amplificación de la región ITS1. 191

- Abundancia *de novo* para oomycetes a nivel Orden. 192

4.5 Discusión 206

5. Capítulo. Discusión General 215

6. Conclusiones y recomendaciones 221

6.1 Conclusiones 221

6.2 Recomendaciones 222

Lista de figuras

Pág.

Figura 1-1: Mayores productores de fríjol en el mundo en el año 2016. 5
Figura 1-2: Departamentos productores de fríjol en Colombia; área sembrada, rendimiento y producción de las mayores participaciones departamentales para el año 2017. 6
Figura 1-3: Hábitos de crecimiento del fríjol, donde: A. Tipo I: Determinado arbustivo. B. Tipo II: Indeterminado arbustivo. C. Tipo III: Indeterminado postrado y D. tipo IV: Indeterminado trepador (voluble). 10
Figura 1-4: Mapa de América donde se resaltan las áreas geográficas de domesticación del fríjol: El acervo Mesoamericano, ubicado en el Valle de Tehuacán, Estado de Puebla, México. Y el acervo Andino, registrado en Huaylas, Departamento de Ancash, Perú y en los Valles interandinos del sur de Bolivia. 14
Figura 1-5: Relaciones filogenéticas entre hongos verdaderos y oomycetes (Reino Stramenipila) utilizando secuencias de DNAr 18S, los cuales son de interés de estudio por parte de Fitopatólogos. 20
Figura 2-1: Ubicación de la Estación Experimental de CIAT-Popayán y el Lote L1-5, donde se realizarán los muestreos. 34
Figura 2-2: Lote L1-5 de la Estación Experimental CIAT-Popayán mostrando los 16 sublotes en los cuales se realizó el muestreo. 35
Figura 2-3: Cebadores utilizados y regiones amplificadas mediante PCR, donde: A. Espaciador Interno Transcrito; B. β-tubulina 2; C. Factor de Elongación y D. citocromo c oxidasa subunidad 1 y 2. 45
Figura 2-4: Morfotipos de hongos y oomycetes aislados de suelo del lote L1-5 de la Estación Experimental de CIAT Popayán..... 51
Figura 2-5: Testigos positivos (hongos y oomycetes) creciendo sobre medio de cultivo PDA, donde: (A) *Fusarium solani* f. sp. *phaseoli*, (B) *Macrophomina phaseolina*, (C) *Sclerotium rolfsii*, (D) *Pythium myriotylum*, (E) *Rhizoctonia solani* y (F) sorgo estéril. 52

Lista de tablas

Pág.

Tabla 1-1: Características de los marcadores moleculares y bioquímicos entre los acervos genéticos Mesoamericano y Andino de *P. vulgaris*. 12
Tabla 1-2: Nombres actualizados de los patógenos de fríjol (*Phaseolus vulgaris* L.) que han presentado cambios en género/especie por reubicación taxonómica, anamorfo/sinónimo y nombre común de la enfermedad que ocasionan. 16
Tabla 2-1: Perfiles térmicos para la amplificación de las regiones ITS, β-Tubulina, EF1α, COX I y COXII..... 47
Tabla 2-2: Regiones seleccionadas para la identificación mediante amplificación por PCR de los hongos y oomycetes patogénicos en fríjol CAL96. 56
Tabla 2-3: Resumen de las especies de hongos y oomycetes identificadas e identidad en bases de datos de genes. 57
Tabla 3-1: Especies de hongos observados a través de todas las muestras y su registro como agentes causantes de enfermedad en diversos hospedantes y *Phaseolus vulgaris* L. 172

Glosario

Aceroso: Relativo a forma. Largo, en forma de aguja, cilíndrico y afilado en ambos extremos. Términos relacionados: acicular, aciculado, agudo, acuminado.

Acérvulo: Cuerpo fructífero de origen asexual conformado por una masa de hifas entretejidas en forma de almohadilla (cóncava) y dentro de las cuales se forman los conidióforos empaquetados.

Aculeado: Relativo a forma. Como aguijones.

Alantoide: Relativo a forma. Forma de saco embrionario, levemente curvado y extremos redondeados. Relacionado a reniforme.

Ampuliforme: Relativo a forma. Ampliamente en forma de matraz, botella o ampolla con cuello corto, estrecho y la base ancha. Término relacionado: lageniforme.

Anteridio: Órgano masculino que participa en la reproducción sexual en Oomycetes junto con los oogonios; pueden ser sésiles en una hifa, intercalares o terminales. Puede ser monoclino, diclino o hipogino.

Apéndice: Extensión del talo de cualquier tipo.

Aplerótico: Aplerótica, cuando la oospora no llena la cavidad del oogonio.

Apresorio: Punta hifal hinchada que se adhiere fuertemente a un sustrato o a otra célula.

Asca: Estructura en forma de saco que contiene las esporas sexuales de hongos Ascomycetes.

Ascomata: O ascoma. Ascocarpo. Estructura fértil de hongos de la Clase Ascomycetes, anatómicamente diferenciada.

Ascosporas: Espora reproductiva de Ascomycota, que son formadas dentro de un asca.

Aseptado: Ausencia de septos en las hifas. Cenocítico.

Atenuado: Que disminuye gradualmente o se estrecha.

Basipétalo: Cuando en una cadena de conidias, el conidio más antiguo está en el ápice y el más joven está en la base.

Bitunicado: En hongos Ascomycetes, ascas que están formadas por dos capas o membranas.

Células conidiógenas: Cualquier célula fúngica a partir de la cual o dentro de la cual, se produce directamente una conidia.

Circinado: Relativo a forma. Con la punta enrollada y hacia el centro.

Clavado: sinónimo para claviforme. En forma de palo, con el extremo posterior (superior) más grande que el extremo más cercano (inferior).

Cleistotecio: Tipo de ascocarpo, de forma globosa a matraz que no se abre por un poro, sino que libera las esporas al desintegrarse.

Colarete: Collar pequeño que por lo general es el vestigio de una pared celular presente en la punta de una fiálide o alrededor de un esporangióforo.

Confluente: Fusionarse unos con otros; mezclado; unidos, pero aun así distinguibles.

Conidia: O conidiosporas que se forman de los lados o puntas de hifas especializadas y que pueden funcionar como propágulos asexuales o como gametos masculinos (espermacios).

Conidióforo: Estructura microscópica especializada en la producción asexual de miles de esporas llamadas conidias; aislados o en conidiomas.

Conidioma: (sustantivo, pl. conidiomata) - multi-hifal, estructura que contiene conidios; otro término para conidiangium.

Cupulado: Relativo a forma. Como una taza, algunas veces descrito como acérvulo.

De novo: o Denovo; define a cada uno de los grupos que se organizan alrededor de un centroide (secuencia) y que define cada una de las Unidad Taxonómica Operacional (OTU, por su sigla en inglés) que posteriormente pueden identificación por su asignación a un nivel taxonómico.

Dehiscencia: En hongos Ascomycetes, es el proceso de apertura y liberación de las ascosporas de un asca madura por ruptura de la pared.

Dereplicación: o desreplicación; es la eliminación de secuencias duplicadas con el fin de reducir la redundancia, combinando todas las lecturas de idéntica secuencia en "secuencias únicas" y asignando una abundancia correspondiente (número de lecturas que tienen esa secuencia única). Este paso, reduce sustancialmente el tiempo de cálculo al eliminar las comparaciones redundantes.

Diclino: Anteridio que se originan a partir de una hifa diferente que no está estrechamente relacionada con las del oogonio.

Discoide: O lenticular o disciforme. Relativo a forma. Aplicado a estructuras circulares.

Discreto: Separado, distinto; no unido, suelto.

Diversidad alfa: Es la diversidad de todas las especies a lo largo de todas las subunidades o escalas locales relevantes (p.e.: el hábitat, muestreos, etc.). Abarca dos variables importantes: (i) la riqueza de especies y (ii) la abundancia relativa de especies. Número de especies a nivel local. Para medir esta biodiversidad específica es usado el índice de Shannon (Shannon-Weaver, Shannon-Wiener o H'), la cual se expresa con un número positivo, que en la mayoría de los ecosistemas naturales varía entre 0,5 y 5, aunque su valor normal está entre 2 y 3. Valores inferiores a 2 se consideran bajos en diversidad y superiores a 3 son altos en diversidad de especies.

Diversidad beta: Es el diferencial entre la diversidad de un hábitat (diversidad α) y la diversidad de todos los hábitats (Diversidad γ). Juega un papel importante en representar la diversidad de especies entre hábitats, que no está compartida. Proporción de microorganismos que no son compartidos. Disimilitud de especies de microorganismos en cada uno de los muestreos. Diferencia en composición entre comunidades. Recambio de especies entre comunidades. Representa la heterogeneidad de un paisaje.

Diversidad gama: Es la diversidad total de especies en un paisaje, donde los componentes independientes de la diversidad α y β juegan un papel con efecto multiplicativo. Número de especies a nivel global.

Doliiforme: Relativo a forma. Sinónimo: toniniforme o elipsoide-cilíndrico; en forma de barril o cilindro robusto con extremos planos y lados abultados.

Errumpente: que rompe a través de una superficie.

Esclerocio: Masa de células de pared gruesa, formada por hifas vegetativas que funcionan como una estructura de resistencia.

Esporangio: Estructura encargada de producir y contener esporas asexuales.

Esporodoquio: Se forman sobre la superficie del micelio de algunos hongos, con morfología de almohadillada agregando de manera compacta, conidióforos cortos, simples o ramificados.

Estipe: O estípite; estructura erecta que soporta los cuerpos fructíferos. Relacionado a rama, tallo, tronco.

Estroma: Masa fusionada de hifas que forma un tejido. Puede ser columnar cuando las hifas forman un tejido dispuesto en columnas o plano, cuando la masa fusionada de hifas forma un tejido plano.

Fascículos: En hongos Ascomycetes es referente a ascosporas creciendo en paquetes.

Fiálide: Célula conidiógena que produce conidios en sucesión basipétala, es decir, la parte apical es la más vieja. Se producen a través de una o varias aberturas.

Filiforme: Relativo a la forma; como hilo.

Fisitunicado: En hongos Ascomycetes, ascas con dos capas funcionales (exoasca y endoasca) que se separan al menos parcialmente durante la dehiscencia del asca.

Flexuoso: Ondulado; con dobleces más o menos graduales y redondeados, no angulares.

Ostiolo: Abertura similar a un poro presente en un peritecio, pseudotecio o picnidio, a través de la cual se liberan las ascosporas o conidias.

Papila: Protuberancia cónica de pequeño tamaño. Papilado, cubierto con papilas. Término relacionado a: papiloso, tuberculado.

Pedicelado: Que posee un pedicelo o tallo pequeño.

Penicilado: Relativo a disposición. Como un penacho, pincel o cepillo pequeño.

Periclinal: Que es paralelo a la superficie del talo, en el mismo plano que la superficie o la circunferencia.

Phragmospora: o fragmospora; conidia presentando dos o más septos transversales.

Phred: Valor de calidad para secuencias de ADN y que son asignados a cada base cuando esta es llamada en los procesos de secuenciación. Los valores oscilan entre 10 y 50; donde, Phred 10 es igual a la probabilidad de error de una base en 10 bases llamadas (90 % de exactitud en el llamado de las bases). Phred 20 (99 %), 30 (99,9 %), 40 (99,99 %) y 50 (99,999 %).

Picnidio; Término neutro para definir una estructura de origen asexual globosa, en forma de pera y con presencia de un poro; a menudo oscurecido y de origen asexual.

Pico: Cuello alargado de un picnidio o peritecio, a través del cual se descargan las conidias o las ascosporas.

Plerótico: Plerótica; cuando la oospora llena la cavidad del oogonio.

Plurilocular: Dividido en cámaras; con numerosas cavidades.

Poliblástico: Células conidiógenas que producen conidias blásticas en varios puntos (poliblasto).

Pseudoparáfisis: Hifa interascal que se originan desde la parte superior del ascocarpo y se proyectan a la inferior.

Pseudoparénquima: Células secundarias que se agregan estrechamente formando un pseudotejido, pero diferenciado y no idéntico al tejido verdadero (parénquima).

Reniforme: sinónimo: fabiforme. Con forma de riñón.

Riqueza de especies: Número de especies que se detectan durante un muestreo.

Sésil: Estructura carente de tallo, pedicelo o estípite (estipe).

Setas: Hifas rígidas como cerdas, generalmente de paredes gruesas, pluricelulares, generalmente de color oscuro pocas veces pálidas, pero no hialinas. Setoso se define a la estructura que posee setas.

Simpodial: Referente a la forma; ramificación de un conidióforo que no tiene un eje principal, si no varias ramas laterales más o menos iguales.

Singleton: Parte de una secuencia o bases nitrogenadas que están presentes exactamente una vez; es decir, es única entre las secuencias. No hay una traducción oficial al español.

Sitio parsimonioso informativo: Es un sitio que contiene al menos dos tipos de nucleótidos (o aminoácidos), y al menos dos de ellos ocurren con una frecuencia mínima de dos.

Talo: Cuerpo vegetativo, típicamente micelial, no móvil que en su conjunto forman el micelio.

Teleomorfo: Estado sexual en el ciclo biológico en los hongos (anamorfo la etapa asexual).

Textura angularis: Tipo de tejido; pseudoparénquima de células altamente empaquetadas que en cortes transversales aparecen angulares.

Textura globulosa: O *textura globularis*. Tipo de tejido; peudoparénquima de células altamente empaquetadas que en cortes transversales aparecen globosas.

Toruloide: Toruloso; cilíndrico, pero con hinchazones a diferentes intervalos.

Tubo de descarga: Tubos formados en ciertos puntos del esporangio.

Introducción

El cultivo de fríjol, ocupa un renglón importante de la economía y seguridad alimentaria de muchos núcleos familiares en diferentes países de América Latina, África y Asia, principalmente, aunque Oceanía y Estados Unidos son grandes productores de este alimento. El fríjol es uno de los principales alimentos consumidos y base de la dieta de muchos pueblos, los cuales lo han adoptado por sus buenas características de cultivo, calidades nutricionales, de preparación para el consumo y de adaptación que presenta esta planta a diferentes ambientes, incluyendo la fácil conservación por largos periodos de tiempo.

En el mundo, para el año 2013 se produjeron un aproximado de 20 millones de toneladas, siendo Asia el mayor productor y África el segundo, siendo para este último continente un cultivo de gran importancia en la seguridad alimentaria y donde, las mayores producciones se centran en países como Uganda, Kenia, Rwanda, Burundi, Tanzania y Congo.

En Latinoamérica, se registra Brasil y México como los mayores productores, pero es de resaltarse que, en Centro América a pesar que las producciones son bajas, comparadas a las a las cantidades producidas por estos dos países, el frijol hace parte de la dieta básica y donde más de un millón de pequeños agricultores depende de este cultivo para su subsistencia y como medio de vida.

En Colombia, se reporta que es la tercera legumbre más consumida, con una producción nacional de 115.609 ton e importaciones cercanas a 17.755 ton para el año 2017. Se debe subrayar que, el frijol es un alimento cultivado para el autoconsumo y que en nuestro país se registran cerca de 70.000 unidades familiares productivas (pequeños productores), para las cuales el frijol representa su fuente principal de sustento y alimento, convirtiéndose en un cultivo estratégico en el desarrollo rural, aunado a que, este cultivo presenta alta vulnerabilidad a períodos prolongados de sequía y a fenómenos meteorológicos extremos,

Capítulos

1. Preliminares de investigación
2. Caracterización de las comunidades de hongos y oomycetes causantes de pudrición radical y del hipocótilo en fríjol, basada en técnicas de aislamiento en medios de cultivo.
3. Análisis de la comunidad de hongos presentes en suelo con alta presión de pudriciones radicales y del hipocótilo en fríjol, basado en secuenciación de alto rendimiento.
4. Análisis de la comunidad de oomycetes presentes en suelo con alta presión de pudrición radical y del hipocótilo en *Phaseolus vulgaris* L., a través de *Illumina MiSeq*.
5. Discusión general.

Bibliografía

Abad, Z. G., Abad, J. A., Coffey, M. D., Oudemans, P. V., Man in't Veld, W. A., de Gruyter, H., ... & Louws, F. J. (2008). *Phytophthora bisheria* sp. nov., a new species identified in isolates from the Rosaceous raspberry, rose and strawberry in three continents. Mycologia, 100(1), 99-110.

Abawi, G. S. y Pastor-Corrales, M. A. (1990). Root rots of beans in Latin America and Africa: Diagnosis, research methodologies, and management strategies (No. 35). Ciat. 114 p.

Abdel-Hafez, S. I. I. (1984). Mycoflora of bean, broad bean, lentil, lupine and pea seeds in Saudi Arabia. Mycopathologia, 88(1), 45-49.

Acosta-Gallegos, J. A., Kelly, J.D. y Gepts, P., 2007. Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. Crop Science, 47: S44–S59.

Agrios, G. N. (2005). Introduction to plant pathology. Elsevier Academic Press Publication. Burlington, MA, USA.

Akinsanmi, O. A., Nisa, S., Jeff-Ego, O. S., Shivas, R. G., & Drenth, A. (2017). Dry Flower Disease of Macadamia in Australia Caused by *Neopestalotiopsis macadamiae* sp. nov. and *Pestalotiopsis macadamiae* sp. nov. Plant disease, 101(1), 45-53.

Al-Hazmi, A. S. 1985. Interaction of Meloidogyne incognita and Macrophomina phaseolina in a Root-Rot Disease Complex of French Bean. Journal of Phytopathology, 113(4): 311-316.

Al-Jaradi, A., Al-Mahmooli, I., Janke, R., Maharachchikumbura, S., Al-Saady, N., & Al-Sadi, A. M. (2018). Isolation and identification of pathogenic fungi and oomycetes associated with beans and cowpea root diseases in Oman. PeerJ, 6, e6064.

Allen, D. J. (1995). An annotated list of diseases, pathogens and associated fungi of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Eastern and Southern Africa. CAB International.

Allen, D. J., Dessert, M., Trutmann, P., y Voss, J. 1989. Common beans in Africa and their constraints. Bean production problems in the tropics. CIAT, Cali, Colombia, 9-31.

Al-Sheikh, H., & Abdelzaher, H. M. (2010). Differentiation between two isolates of Pythium ultimum var. ultimum isolated from diseased plants in two different continents. Journal of Biological Sciences, 10(4), 306-315.

Álvarez, E., Gañán, L., Rojas-Triviño, A., Mejía, J. F., Llano, G. A., & González, A. (2014). Diversity and pathogenicity of Colletotrichum species isolated from soursop in Colombia. European journal of plant pathology, 139(2), 325-338.

Alves, T. C. A., Tessmann, D. J., Ivors, K. L., Ristaino, J. B., & Santos, A. F. (2016). First Report of Gummosis Caused by *Phytophthora frigida* on Black Wattle in Brazil. Plant Disease, 100(11), 2336-2336.

Amaradasa, B. S., Madrid, H., Groenewald, J. Z., Crous, P. W., & Amundsen, K. (2014). *Porocercospora seminalis* gen. et comb. nov., the causal organism of buffalograss false smut. Mycologia, 106(1), 77-85.

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.

APPS - Australasian Plant Pathology Society, Plant Health is Earth's Wealth. Pathogen of the Month, December 2011: Aphanomyces euteiches (2011) [en línea]. Australia: New South Wales. [consultado may., 2015]. Disponible en Internet: <http://www.appsnet.org/Publications/potm/index.aspx>

Araya, F.C. y Hernández, F.H. 2006. Guía para la identificaciónde las enfermedades del fríjol más comunes en Costa Rica. San José, C.R. 44 p.

Arcate, J. M., Karp, M. A., & Nelson, E. B. (2006). Diversity of peronosporomycete (oomycete) communities associated with the rhizosphere of different plant species. Microbial ecology, 51(1), 36-50.

Aricapa, G. y Correa, F. 1994. Almacenamiento de hongos en papel filtro. Ascolfi Informa. Vol. 20(3): 29-30.

Assunção, I. P., Nascimento, L. D., Ferreira, M. F., Oliveira, F. J., Michereff, S. J., & Lima, G. S. (2011). Reaction of faba bean genotypes to *Rhizoctonia solani* and resistance stability. Horticultura Brasileira, 29(4), 492-497.

Atlas, R. M. 2005. Media for Environmental Microbiology. Taylor y Francis ed. Boca ratón, Florida.

Aveskamp, M. M., Verkley, G. J., de Gruyter, J., Murace, M. A., Perello, A., Woudenberg, J. H., ... & Crous, P. W. (2009). DNA phylogeny reveals polyphyly of *Phoma* section Peyronellaea and multiple taxonomic novelties. Mycologia, 101(3), 363-382.

Ávila, T., Blair, M.W., Reyes, X., y Bertin, P. 2012. Genetic diversity of bean (Phaseolus) landraces and wild relatives from the primary centre of origin of the Southern Andes. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization. 10 (1): 83–92. doi:10.1017/S1479262112000020

Ayoubi, N., & Soleimani, M. J. (2016). Strawberry fruit rot caused by *Neopestalotiopsis iranensis* sp. nov., and *N. mesopotamica*. Current microbiology, 72(3), 329-336.

Baayen, R. P., O'Donnell, K., Bonants, P. J., Cigelnik, E., Kroon, L. P., Roebroeck, E. J., & Waalwijk, C. (2000). Gene genealogies and AFLP analyses in the *Fusarium oxysporum* complex identify monophyletic and nonmonophyletic formae speciales causing wilt and rot disease. Phytopathology, 90(8), 891-900.

Baayen, R. P., O'Donnell, K., Breeuwsma, S., Geiser, D. M., & Waalwijk, C. (2001). Molecular relationships of fungi within the *Fusarium redolens - F. hostae* clade. Phytopathology, 91(11), 1037-1044.

Babai-Ahary, A., Abrinnia, M., & Heravan, I. M. (2004). Identification and pathogenicity of *Pythium* species causing damping-off in sugarbeet in northwest Iran. Australasian Plant Pathology, 33(3), 343-347.

Bala, K., Robideau, G. P., Désaulniers, N., De Cock, A. W. A. M., & Lévesque, C. A. (2010). Taxonomy, DNA barcoding and phylogeny of three new species of Pythium from Canada. Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 25, 22.

Balajee, S. A., Borman, A. M., Brandt, M. E., Cano, J., Cuenca-Estrella, M., Dannaoui, E., ... & O'Donnell, K. (2009). Sequence-based identification of *Aspergillus*, *Fusarium*, and Mucorales species in the clinical mycology laboratory: where are we and where should we go from here? Journal of Clinical Microbiology, 47(4), 877-884.

Balarezo, J.C., Mayta, F.C., Baudoin, J.P., Joaquín, A.H. y Sevillano, R.B. 2009. Evaluación agromorfológica y caracterización molecular de la ñuña (Phaseolus vulgaris L.). En. IDESIA, 27 (1): 29-40.

Bálint, M., Schmidt, P. A., Sharma, R., Thines, M., & Schmitt, I. (2014). An Illumina metabarcoding pipeline for fungi. Ecology and evolution, 4(13), 2642-2653.

Bandy, B. P., Zanzinger, D. H., y Tavantzis, S. M. 1984. Isolation of Anastomosis Group 5 of Rhizoctonia solani from Potato Field Soils in Maine. Phytopathology, 74(10): 1220-1224.

Bara, R., Aly, A. H., Wray, V., Lin, W., Proksch, P., & Debbab, A. (2013). Talaromins A and B, new cyclic peptides from the endophytic fungus *Talaromyces wortmannii*. Tetrahedron Letters, 54(13), 1686-1689.

Bardas, G. A., Koutita, O., & Tzavella-Klonari, K. (2009). Molecular diversity and assessment of biological characteristics of Greek Colletotrichum lindemuthianum populations. Journal of phytopathology, 157(5), 311-318.

Bardas, G. A., Tziros, G. T., & Tzavella-Klonari, K. (2008). First report of Ascochyta leaf spot caused by *Phoma exigua* var. *exigua* on common bean in Greece. Plant disease, 92(4), 653-653.

Barnett, H. L., & Hunter, B. B. (1998). Illustrated genera of imperfect fungi. St. Paul, Minnesota, USA: The American Phytopathological Society.

Baten, M. A., Asano, T., Motohashi, K., Ishiguro, Y., Rahman, M. Z., Inaba, S., ... & Kageyama, K. (2014). Phylogenetic relationships among Phytopythium species, and re-evaluation of Phytopythium fagopyri comb. nov., recovered from damped-off buckwheat seedlings in Japan. Mycological progress, 13(4), 1003.

Baysal-Gurel, F., & Cinar, A. (2015). First report of Fusarium root rot caused by *Fusarium oxysporum* infecting pigmented grapefruit trees in Turkey. Plant Disease, 99(4), 553-553.

Beckerman, J., Stone, J., Ruhl, G., & Creswell, T. (2018). First Report of *Pythium ultimum* Crown and Root Rot of Industrial Hemp in the United States. Plant disease, 102(10), 2045-2045.

Beebe, S., Skroch, P. W., Tohme, J., Duque, M. C., Pedraza, F. y Nienhuis, J. 2000. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. Crop Science, 40(1): 264-273.

Bennett, A., Ponder, M., & Garcia-Diaz, J. (2018). *Phoma* infections: classification, potential food sources, and their clinical impact. Microorganisms, 6(3), 58.

Berbee, M. L., Pirseyedi, M., & Hubbard, S. (1999). *Cochliobolus* phylogenetics and the origin of known, highly virulent pathogens, inferred from ITS and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene sequences. Mycologia, 964-977.

Berg, L. E., Miller, S. S., Dornbusch, M. R., & Samac, D. A. (2017). Seed rot and damping-off of alfalfa in Minnesota caused by *Pythium* and *Fusarium* species. Plant disease, 101(11), 1860-1867.

Bharath, B. G., Lokesh, S., Raghavendra, V. B., Prakash, H. S., & Shetty, H. S. (2006). First report of the occurrence of *Myrothecium verrucaria* in watermelon seeds from India. Australasian Plant Disease Notes, 1(1), 3-4.

Biddle, A. J., y Cattlin, N. 2007. Pests, Diseases and Disorders of Peas and Beans: A Colour Handbook. CRC Press.

Bills, G. F., Platas, G., Overy, D. P., Collado, J., Fillola, A., Jimenez, M. R., ... & Peláez, F. (2009). Discovery of the parnafungins, antifungal metabolites that inhibit mRNA polyadenylation, from the *Fusarium larvarum* complex and other Hypocrealean fungi. Mycologia, 101(4), 449-472.

Binagwa, P. H., Bonsi, C. K., Msolla, S. N., & Ritte, I. I. (2016). Morphological and molecular identification of *Pythium* spp. isolated from common beans (*Phaseolus vulgaris*) infected with root rot disease. African Journal of Plant Science, 10(1), 1-9.

Blaalid, R., Kumar, S., Nilsson, R. H., Abarenkov, K., Kirk, P. M., y Kauserud, H. 2013. ITS1 versus ITS2 as DNA metabarcodes for fungi. Molecular ecology resources, 13(2): 218-224.

Blair, M. W., Giraldo, M. C., Buendia, H. F., Tovar, E., Duque, M. C. y Beebe, S. E. 2006. Microsatellite marker diversity in common bean (Phaseolus vulgaris L.). Theoretical and Applied Genetics, 113(1): 100-109.

Blair, M.W., Soler, A. y Cortés, A.J. 2012. Diversification and Population Structure in Common Beans (Phaseolus vulgaris L.). PLoS ONE 7(11): e49488. doi:10.1371/journal.pone.0049488

Boedijn, K.B. 1933. Über einige phragmosporen Dematiazen. Bulletin du Jardin Botanique de Buitenzorg. 13(1):120-134.

Boerema, G. H., Crüger, G., Gerlagh, M., & Nirenberg, H. (1981). Phoma exigua var. diversispora and related fungi on Phaseolus beans/Phoma exigua var. diversispora und verwandte Pilze an Phaseolus-Bohnen. Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz/Journal of Plant Diseases and Protection, 597-607.

Bolkan H. A. 1980. Root rots. Bean Production Problems in the Tropics. Cali, Centro Internacional de Agricultura Tropical.

Carmona-Galindo, V. D., & Carmona, T. V. (2013). La Diversidad de los Análisis de Diversidad. Bioma, (14): 20-28.

Carvalho, D. D., Lobo Junior, M., Martins, I., Inglis, P. W., & Mello, S. (2014). Biological control of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* by *Trichoderma harzianum* and its use for common bean seed treatment. Tropical Plant Pathology, 39(5), 384-391.

Castaño-Zapata, J. y del Río Mendoza, L. (1997). Manual para el diagnóstico de hongos, bacterias, virus y nematodos fitopatógenos. Universidad de Caldas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Fitotécnia. 210 p.

Castellá, G., & Cabañes, F. J. (2014). Phylogenetic diversity of *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex isolated from Spanish wheat. Antonie Van Leeuwenhoek, 106(2), 309-317.

Cerkauskas, R. F. (2017). Etiology and management of Fusarium crown and root rot (*Fusarium oxysporum*) on greenhouse pepper in Ontario, Canada. Canadian journal of plant pathology, 39(2), 121-132.

Chacón-Sánchez, M.I. 2009. Darwin y la domesticación de plantas en las Américas: el caso del maíz y el fríjol. Acta Biológica Colombiana, 14: 351-364.

Chamswarng, C., & Cook, R. J. (1985). Identification and Comparative Pathogenicity of *Pythium* species. Pacific Northwest, 75, 821-827.

Chang, D. C., G. B. Grant, K. O'Donnell, K. A. Wannemuehler, J. Noble-Wang, C. Y. Rao, L. M. Jacobson, C. S. Crowell, R. S. Sneed, F. M. T. Lewis, J. K. Schaffzin, M. A. Kainer, C. A. Genese, E. C. Alfonso, D. B. Jones, A. Srinivasan, S. K. Fridkin, and B. J. Park. 2006. A multistate outbreak of *Fusarium* keratitis associated with use of a new contact lens solution. JAMA 296: 953–963.

Chang, X., Dai, H., Wang, D., Zhou, H., He, W., Fu, Y., ... & Yang, J. (2018). Identification of *Fusarium* species associated with soybean root rot in Sichuan Province, China. European journal of plant pathology, 151(3), 563-577.

Chen, R. Y., Zhang, J. H., Cheng, J., Zheng, C. X., Li, W. H., & Wang, Y. C. (2017). Leaf Spot of Tobacco (*Nicotiana tabacum*) Caused by *Curvularia trifolii* in Guizhou Province of China. Plant Disease, 101(8), 1549.

Chen, S. C., Zhao, H. J., Wang, M. M., Ren, J. J., Wang, Z. H., Li, J. D., ... & Ahammed, G. J. (2017). First report of root rot caused by *Fusarium incarnatum* on Morus alba in China. Plant Disease, 101(7), 1320-1320.

Chen, S., Liu, Y., Liu, Z., Cai, R., Lu, Y., Huang, X., & She, Z. (2016). Isocoumarins and benzofurans from the mangrove endophytic fungus *Talaromyces amestolkiae* possess α-glucosidase inhibitory and antibacterial activities. RSC Advances, 6(31), 26412-26420.

Chen, W., & Hoy, J. W. (1993). Molecular and morphological comparison of Pythium arrhenomanes and P. graminicola. Mycological Research, 97(11), 1371-1378.

Chen, Y., Ran, S. F., Dai, D. Q., Wang, Y., Hyde, K. D., Wu, Y. M., & Jiang, Y. L. (2016). Mycosphere Essays 2. *Myrothecium*. Mycosphere, 7, 64-80.

Chi, M. H., Park, S. Y., & Lee, Y. H. (2009). A quick and safe method for fungal DNA extraction. The Plant Pathology Journal, 25(1), 108-111.

Chipps, T. J., Gilmore, B., Myers, J. R., y Stotz, H. U. 2005. Relationship between oxalate, oxalate oxidase activity, oxalate sensitivity, and white mold susceptibility in Phaseolus coccineus. Phytopathology, 95(3): 292-299.

Choi, Y. J., Beakes, G., Glockling, S., Kruse, J., Nam, B., Nigrelli, L., ... & Voglmayr, H. (2015). Towards a universal barcode of oomycetes–a comparison of the cox1 and cox2 loci. Molecular ecology resources, 15(6), 1275-1288.

CIAT - Centro Internacional de Agricultura Tropical (2014) [en línea]. Colombia: CIAT. [consultado abr., 2014]. Disponible en Internet: <http://www.cgiar.org/our-research/crop-factsheets/beans/>

CIAT - Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1986. The cultivated species of *Phaseolus*. Eds. Hidalgo, R., Song, L. y Gepts, P. 52p.

Clarkson, J. D. S. (1978). Pathogenicity of *Fusarium* spp. associated with foot-rots of peas and beans. Plant Pathology, 27(3), 110-117.

Coffua, L. S., Veterano, S. T., Clipman, S. J., Mena-Ali, J. I., & Blair, J. E. (2016). Characterization of *Pythium* spp. associated with asymptomatic soybean in southeastern Pennsylvania. Plant Disease, 100(9), 1870-1879.

Coince, A., Caël, O., Bach, C., Lengellé, J., Cruaud, C., Gavory, F., ... & Buée, M. (2013). Below-ground fine-scale distribution and soil versus fine root detection of fungal and soil oomycete communities in a French beech forest. Fungal Ecology, 6(3), 223-235.

Comité Estatal de Sanidad del Estado de Guanajuato, CESAVEG (2012). México: Gobierno del Estado de Guanajuato, Campaña Manejo Fitosanitario del Frijol, Manual de Plagas y Enfermedades en Frijol [consultado abr., 2014]. Disponible en Internet: <http://www.cesaveg.org.mx/html/folletos/folletos_11/folleto_frijol_11.pdf>

Cook, R. J., Chamswarng, C., & Tang, W. H. (1990). Influence of wheat chaff and tillage on *Pythium* populations in soil and *Pythium* damage to wheat. Soil Biology and Biochemistry, 22(7), 939-947.

Cooke, D. E. L., Drenth, A., Duncan, J. M., Wagels, G., & Brasier, C. M. (2000). A molecular phylogeny of *Phytophthora* and related oomycetes. Fungal genetics and biology, 30(1), 17-32.

Copeland, J. K., Yuan, L., Layeghifard, M., Wang, P. W., & Guttman, D. S. (2015). Seasonal community succession of the phyllosphere microbiome. Molecular Plant-Microbe Interactions, 28(3), 274-285.

Coplin, D. L., Schmitthenner, A. F., & Bauerle, W. L. (1980). Root rot of lettuce incited by *Pythium polymastum*. Plant Disease (formerly Plant Disease Reporter), 64(1), 63-66.

Costa, S. S., Matos, K. S., Tessmann, D. J., Seixas, C. D., & Pfenning, L. H. (2016). *Fusarium paranaense* sp. nov., a member of the *Fusarium solani* species complex causes root rot on soybean in Brazil. Fungal biology, 120(1), 51-60.

Crous, P. W., Gams, W., Stalpers, J. A., Robert, V., & Stegehuis, G. (2004). MycoBank: an online initiative to launch mycology into the 21st century. Studies in mycology, 50(1), 19-22.

Czeczuga, B. (1994). Studies of aquatic fungi. 17. Aquatic fungi of Lake Hancza in the Suwalki Scenic Park and of some adjacent lakes [northeastern Poland]. Acta Hydrobiologica, 3(36), 371-385.

DANE - Departamento Administrativo Nacional de Estadística (2011) [en línea]. Colombia: Sistema de información de gestión y desempeño de organizaciones de cadenas, SIOC. Encuesta Nacional Agropecuaria ENA 2011. [consultado ene., 2015]. Disponible en Internet: <http://www.agronet.gov.co/agronetweb1/Estad%C3%ADsticas.aspx>

Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods 9(8), 772.

Davis, R. M. (1995). First report of *Pythium uncinulatum* on romaine lettuce in California. Plant Dis, 79, 642.

De Cock, A. W. A. M., & Lévesque, C. A. (2004). New species of *Pythium* and *Phytophthora*. Studies in Mycology, 50, 481-487.

De Gruyter, J., Aveskamp, M. M., Woudenberg, J. H., Verkley, G. J., Groenewald, J. Z., & Crous, P. W. (2009). Molecular phylogeny of *Phoma* and allied anamorph genera:

blight to effectively evaluate resistant genotypes of snap bean. Journal of General Plant Pathology, 78(3): 201-206.

Dutta, D., Puzari, K. C., Gogoi, R., & Dutta, P. (2014). Endophytes: exploitation as a tool in plant protection. Brazilian archives of Biology and Technology, 57(5), 621-629.

Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic acids research, 32(5), 1792-1797.

Edgar, R. C. (2010). Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. Bioinformatics, 26(19), 2460-2461.

Edgar, R. C. (2017). Accuracy of microbial community diversity estimated by closed-and open-reference OTUs. PeerJ, 5, e3889.

Edgar, R. C. (2018). Accuracy of taxonomy prediction for 16S rRNA and fungal ITS sequences. PeerJ, 6, e4652.

Egge, E., Bittner, L., Andersen, T., Audic, S., de Vargas, C., & Edvardsen, B. (2013). 454 pyrosequencing to describe microbial eukaryotic community composition, diversity and relative abundance: a test for marine haptophytes. PloS one, 8(9), e74371.

Eguiarte Luis, E., Souza, V., & Aguirre, X. (2007). Ecología molecular. Semanrant, Conabio, Inst. de Ecología UNAM. DF, México, 1875-1890.

Eken, C., Demirci, E., & Verkley, G. J. M. (2002). First report of *Volutella colletotrichoides* in Turkey. Plant pathology, 51(6).

Eken, C., Hasenekoğlu, İ., Coruh, I., Demirer, E., & Demirci, E. (2008). First report of *Fusarium dimerum* on *Solanum tuberosum* in Turkey. Plant Pathology, 57(2).

Elmer, W. H., & Marra, R. E. (2011). New species of *Fusarium* associated with dieback of *Spartina alterniflora* in Atlantic salt marshes. Mycologia, 103(4), 806-819.

Elshahawy, I. E., Saied, N. M., & Morsy, A. A. (2017). *Fusarium proliferatum*, the main cause of clove rot during storage, reduces clove germination and causes wilt of established garlic plants. Journal of plant pathology, 99(1), 85-93.

Epstein, L., Kaur, S., Chang, P. L., Carrasquilla-Garcia, N., Lyu, G., Cook, D. R., ... & O'Donnell, K. (2017). Races of the Celery Pathogen Fusarium oxysporum f. sp. apii Are Polyphyletic. Phytopathology, 107(4), 463-473.

Erper, I., Ozkoc, I., & Karaca, G. H. (2011). Identification and pathogenicity of *Rhizoctonia* species isolated from bean and soybean plants in Samsun, Turkey. Archives of phytopathology and plant protection, 44(1), 78-84.

Esmaeili Taheri, A., Chatterton, S., Gossen, B. D., & McLaren, D. L. (2017). Metagenomic analysis of oomycete communities from the rhizosphere of field pea on the Canadian prairies. Canadian journal of microbiology, 63(9), 758-768.

Fagen, J. R., Giongo, A., Brown, C. T., Davis-Richardson, A. G., Gano, K. A., & Triplett, E. W. (2012). Characterization of the relative abundance of the citrus pathogen Ca. Liberibacter asiaticus in the microbiome of its insect vector, Diaphorina citri, using high throughput 16S rRNA sequencing. Open Microbiol J, 6, 29-33.

FAO - Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (2016) [en línea]. EUA: DIRECCIÓN DE ESTADÍSTICA. [consultado nov., 2018]. Disponible en Internet: <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>

Farr, D. F., & Rossman, A. Y. (2019). Fungal Databases, US National Fungus Collections, ARS, USDA. Online: https://nt. ars-grin. gov/fungaldatabases.

FENALCE, Federación Nacional de Cultivadores de Cereales y Leguminosas. 2011. Situación actual y Perspectivas del mercado del cultivo de fríjol. Departamento de Información Económica y Estadística. Colombia 2010. 34p).

FENALCE, Federación Nacional de Cultivadores de Cereales y Leguminosas. 2011. Situación actual y Perspectivas del mercado del cultivo de fríjol. Departamento de Información Económica y Estadística. Colombia 2011. 41p).

Ferraz, H., Bombonato, F. I., Sano, M. K., & Longo Jr, L. S. (2008). Natural occurrence, biological activities and synthesis of eight-, nine-, and eleven-membered ring lactones. Química Nova, 31(4), 885-900.

Ferriol Molina, M., Farinós, M., & Basilio, H. (2012). Los componentes alfa, beta y gamma de la biodiversidad. Aplicación al estudio de comunidades vegetales.

Fisher, M. M., & Triplett, E. W. (1999). Automated approach for ribosomal intergenic spacer analysis of microbial diversity and its application to freshwater bacterial communities. Applied and environmental microbiology, 65(10), 4630-4636.

Fisher, P. J., & Petrini, O. (1992). Fungal saprobes and pathogens as endophytes of rice (*Oryza sativa* L.). New Phytologist, 120(1), 137-143.

Flores-Flores, R., Velázquez-del Valle, M. G., León-Rodríguez, R., Flores-Moctezuma, H. E., & Hernández-Lauzardo, A. N. (2013). Identification of fungal species associated with cladode spot of prickly pear and their sensitivity to chitosan. Journal of phytopathology, 161(7-8), 544-552.

Gepts, P. & Debouck, D. 1991. Origin, domestication and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Common Beans. Research for Crop Improvement. Van Schoonhoven, A. y Voysest, O. Eds. C.A.B. International. pp:7-53.

Gepts, P., & Bliss, F. A. 1986. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (Phaseolus vulgaris) from Colombia. Econ Bot 40: 469–478.

Gichuru, V., Buruchara, R., & Okori, P. (2016). Pathogenic and molecular characterisation of *Pythium* spp. inducing root rot symptoms in other crops intercropped with beans in Southwestern Uganda. Journal of Applied Biosciences, 104(1), 9955-9964.

Glass, N. L., & Donaldson, G. C. (1995). Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. Applied and Environmental Microbiology, 61(4), 1323-1330.

González, A. J., Tello, J. C., & Herrero, M. L. (2004). First report of *Pythium tracheiphilum* causing wilt and leaf blight on lettuce (*Lactuca sativa*) in Spain. Plant Disease, 88(12), 1382-1382.

González, M., Rodríguez, R., Zavala, M. E., Jacobo, J. L., Hernández, F., Acosta, J., ... & Simpson, J. (1998). Characterization of Mexican isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* by using differential cultivars and molecular markers. Phytopathology, 88(4), 292-299.

González-Venegas, J. P., Esker, P., & Murillo-Williams, A. (2014). Pathogenicity of *Fusarium proliferatum* on common bean in Costa Rica. In APS-CPS Joint Meeting, Minneapolis, MN, US, August 9-13, 2014. (Vol. 104, No. 11 Supl 3, pp. 46-47).

Gräfenhan, T., Schroers, H. J., Nirenberg, H. I., & Seifert, K. A. (2011). An overview of the taxonomy, phylogeny, and typification of nectriaceous fungi in *Cosmospora, Acremonium, Fusarium, Stilbella*, and *Volutella*. Studies in Mycology, 68, 79-113.

Grantina-Ievina, L., & Kalniņa, I. (2016). Strawberry crown rot–a common problem in 2015. Environ Exper Biol, 14, 51-52.

Guo, J. W., Liu, Y. H., Yang, L. F., Yang, Y., Shao, H., Li, W. J., & Chen, J. Y. (2016). First report of *Fusarium oxysporum* causing reddish-brown leaf spot disease on screw-pine in China. Journal of Plant Pathology, 98(3), 677.

Guzmán, P., Gilbertson, R. L., Nodari, R., Johnson, W. C., Temple, S. R., Mandala, D., ... & Gepts, P. (1995). Characterization of variability in the fungus Phaeoisariopsis griseola suggests coevolution with the common bean (Phaseolus vulgaris). Phytopathology, 85(5), 600-607.

Gweon, H. S., Oliver, A., Taylor, J., Booth, T., Gibbs, M., Read, D. S., ... & Schonrogge, K. (2015). PIPITS: an automated pipeline for analyses of fungal internal transcribed spacer sequences from the Illumina sequencing platform. Methods in Ecology and Evolution, 6(8), 973-980.

Hagedorn, D. J., & Inglis, D. A. (1986). Handbook of bean diseases. Publication-University of Wisconsin, Cooperative Extension Service.

Hanlin, R. T. (1990). Illustrated genera of ascomycetes, Volume I. APS. St. Paul, Minn. US.

Hanlin, R. T. (1998). Illustrated genera of ascomycetes, Volume II. APS. St. Paul, Minn. US.

Hantula, J., Dusabenyagasani, M., & Hamelin, R. C. (1996). Random amplified microsatellites (RAMS)—a novel method for characterizing genetic variation within fungi. European Journal of Forest Pathology, 26(3), 159-166.

Harlton, C. E., Levesque, C. A. y Punja, Z. K. 1995. Genetic diversity in Sclerotium (Athelia) rolfsii and related species. Phytopathology, 85(10): 1269-1281.

Henrique, F. H., Carbonell, S. A. M., Ito, M. F., Gonçalves, J. G. R., Sasseron, G. R., & Chiorato, A. F. (2015). Classification of physiological races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common bean. Bragantia, 74(1), 84-92.

Henson, J. M. y French, R. C. 1993. The polymerase chain reaction and plant disease diagnosis. Annu. Rev. Phytopathol, 31: 81-109.

Hernández-López, V.M., Vargas-Vázquez, M.L.P., Muruaga-Martínez, J.S., Hernández-Delgado S., y Mayek-Pérez, N. 2013. Origin, domestication and diversification of common beans. Advances and perspectives. Rev. Fitotec. Mex. 36 (2): 95-104.

Hewavitharana, S. S., & Mazzola, M. (2016). Carbon source-dependent effects of anaerobic soil disinfestation on soil microbiome and suppression of rhizoctonia solani AG-5 and pratylenchus penetrans. Phytopathology, 106(9), 1015-1028.

Hien, T. V., Loc, P. P., Hoa, N. T. T., Duong, N. M., Quang, V. M., McNeil, M. M., ... & Ashford, D. A. (2001). First cases of disseminated penicilliosis marneffei infection among patients with acquired immunodeficiency syndrome in Vietnam. Clinical Infectious Diseases, 32(4), e78-e80.

Hietala, A. M., Vahala, J., & Hantula, J. (2001). Molecular evidence suggests that *Ceratobasidium bicorne* has an anamorph known as a conifer pathogen. Mycological Research, 105(5), 555-562.

Ho, H.H., Hsieh, S.Y., and Chang, H.-S. 1990. *Halophytophthora epistomium* from mangrove habitats in Taiwan. Mycologia 82: 659-662.

Huang, L., Yang, J. Y., Zhu, Y. N., Zhu, L. H., Zhang, Y. F., Ye, J. R., & Li, D. W. (2019). Canker on culm of *Bambusa multiplex* (Lour.) Raeusch. ex Schult. caused by *Fusarium incarnatum* (Roberge) Sacc. Journal of Phytopathology, 167(2), 91-97.

Huang, X., Liu, L., Wen, T., Zhu, R., Zhang, J., & Cai, Z. (2015). Illumina MiSeq investigations on the changes of microbial community in the Fusarium oxysporum f. sp. cubense infected soil during and after reductive soil disinfestation. Microbiological research, 181, 33-42.

Hugenholtz, P., & Pace, N. R. (1996). Identifying microbial diversity in the natural environment: a molecular phylogenetic approach. Trends in biotechnology, 14(6), 190-197.

Hulsenbeck, J. P., & Ronquist, F. (2001). MrBayes: Bayesian inference of phylogeny. Bioinformatics, 17, 754-755.

Ignjatov, M., Popović, T., Milošević, D., Vasić, M., Nikolić, Z., Tamindžić, G., & Ivanović, Ž. (2016). Occurrence, identification and phylogenetic analysis of *Fusarium proliferatum* on bean seed (*Phaseolus vulgaris* L.) in Serbia. Ratarstvo i povrtarstvo, 53(2), 42-45.

Ijaz, S., Sadaqat, H. A., & Khan, M. N. (2013). A review of the impact of charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) on sunflower. The Journal of Agricultural Science, 151(2), 222-227.

Ikeda, K., Kuwabara, K., Urushibara, T., Soyai, P., Miki, S., & Shibata, S. (2012). Pink root rot of squash caused by *Setophoma terrestris* in Japan. Journal of general plant pathology, 78(5), 372-375.

Inaba, S., & Tokumasu, S. (2002). The genus *Brevilegnia* (Saprolegniales, Oomycetes) in Japan. Mycoscience, 43(1), 0059-0066.

Ismaiel, A., & Papenbrock, J. (2015). Mycotoxins: producing fungi and mechanisms of phytotoxicity. Agriculture, 5(3), 492-537.

Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., Chethana, K. W. T., Daranagama, D. A., Dissanayake, A. J., Goonasekara, I. D., ... & Li, C. G. (2018). Mycosphere Notes 102-168: Saprotrophic fungi on Vitis in China, Italy, Russia and Thailand.

Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., Chethana, K. W. T., Daranagama, D. A., Dissanayake, A. J., Goonasekara, I. D., ... & Li, C. G. (2018). Mycosphere Notes 102-168: Saprotrophic fungi on Vitis in China, Italy, Russia and Thailand.

Jee, H. J., Ho, H. H., & Cho, W. D. (2000). *Pythiogeton zeae* sp. nov. causing root and basal stalk rot of corn in Korea. Mycologia, 92(3), 522-527.

Jeffers, S. N. y Martin, S. B. 1986. Comparison of two media selective for Phytophthora and Pythium species. Plant disease, 70(11): 1038-1043.

Jeon, S. J., Nguyen, T. T. T., & Lee, H. B. (2015). Phylogenetic status of an unrecorded species of *Curvularia*, C. spicifera, based on current classification system of *Curvularia* and *Bipolaris* group using multi loci. Mycobiology, 43(3), 210-217.

Johnston-Monje, D., Loewen, S., & Lazarovits, G. (2017). Mycobiomes of tomato plants with vine decline. Canadian journal of plant pathology, 39(2), 184-200.

Jones, D. G. (Ed.). (1998). The epidemiology of plant diseases. Springer Science & Business Media.

José Armando Ulloa, Petra Rosas Ulloa, José Carmen Ramírez Ramírez y Blanca Estela Ulloa Rangel. 2011. El frijol (Phaseolus vulgaris): su importancia nutricional y como fuente de fitoquímicos. Revista Fuente Año 3 No. 8 Julio - septiembre 2011. Pg. 5-9. <http://fuente.uan.edu.mx/publicaciones/03-08/1.pdf>

Jyosthna, M. K., Reddy, N. E., Chalam, T. V., & Reddy, G. L. K. (2004). Morphological and Biochemical Characterization of *Phaeoisariopsis personata* Resistant and Susceptible Cultivars of Groundnut (*Arachis hypogaea*). Plant Pathology Bulletin, 13(4), 243-250.

Kamoun, S. (2003). Molecular genetics of pathogenic oomycetes. Eukaryotic cell, 2(2), 191-199.

Kaur, S., Dhillon, G. S., Brar, S. K., Vallad, G. E., Chand, R., & Chauhan, V. B. (2012). Emerging phytopathogen *Macrophomina phaseolina*: biology, economic importance and current diagnostic trends. Critical Reviews in Microbiology, 38(2), 136-151.

Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Buxton, S., Cooper, A., Markowitz, S., Duran, C., Thierer, T., Ashton, B., Mentjies, P., & Drummond, A. (2012). Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. Bioinformatics, 28(12), 1647-1649.

Kelly, L. A., Tan, Y. P., Ryley, M. J., & Aitken, E. A. B. (2017). *Fusarium* species associated with stalk rot and head blight of grain sorghum in Queensland and New South Wales, Australia. Plant Pathology, 66(9), 1413-1423.

Kerns, J. P., & Tredway, L. P. (2007). First report of *Pythium* root dysfunction of creeping bentgrass caused by *Pythium volutum* in North Carolina. Plant disease, 91(5), 632-632

Krywienczyk, J., & Dorworth, C. E. (1980). Serological relationships of some fungi of the genus Pythium. Canadian Journal of Botany, 58(12), 1412-1417.

Kull, L. S., Vuong, T. D., Powers, K. S., Eskridge, K. M., Steadman, J. R., & Hartman, G. L. (2003). Evaluation of resistance screening methods for Sclerotinia stem rot of soybean and dry bean. Plant Disease, 87(12), 1471-1476.

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.

Kwak, M., y P. Gepts. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (Phaseolus vulgaris L., Fabaceae). En.: Theor. Appl. Genet. 118: 979-992.

Kwon, J., Kim, M., Kang, D., Han, I., Lee, B., & Kim, J. (2017). *Sclerotium* rot of mungbean (*Phaseolus radiatus* L.) caused by *Sclerotium rolfsii* in South Korea. Korean Journal of Mycology, 45(3), 246-250.

Lagier, J. C., Armougom, F., Million, M., Hugon, P., Pagnier, I., Robert, C., ... & Trape, J. F. (2012). Microbial culturomics: paradigm shift in the human gut microbiome study. Clinical Microbiology and Infection, 18(12), 1185-1193.

Lagier, J. C., Hugon, P., Khelaifia, S., Fournier, P. E., La Scola, B., & Raoult, D. (2015). The rebirth of culture in microbiology through the example of culturomics to study human gut microbiota. Clinical microbiology reviews, 28(1), 237-264.

Lagier, J. C., Khelaifia, S., Alou, M. T., Ndongo, S., Dione, N., Hugon, P., ... & Durand, G. (2016). Culture of previously uncultured members of the human gut microbiota by culturomics. Nature microbiology, 1(12), 16203.

Lambert, D. H. (1990). Postharvest fungi of lowbush blueberry fruit. Plant disease, 74(4), 285-287.

Lamour, K. H., Stam, R., Jupe, J., & Huitema, E. (2012). The oomycete broad-host-range pathogen Phytophthora capsici. Molecular plant pathology, 13(4), 329-337.

Lange, M., Eisenhauer, N., Sierra, C. A., Bessler, H., Engels, C., Griffiths, R. I., ... & Steinbeiss, S. (2015). Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage. Nature communications, 6, 6707.

Larena, I., Salazar, O., González, V., Julián, M. C. y Rubio, V. 1999. Design of a primer for ribosomal DNA internal transcribed spacer with enhanced specificity for ascomycetes. Journal of Biotechnology, 75(2): 187-194.

Laurence, M. H., Summerell, B. A., Burgess, L. W., & Liew, E. C. Y. (2011). *Fusarium burgessii* sp. nov. representing a novel lineage in the genus *Fusarium*. Fungal Diversity, 49(1), 101-112.

Le, D. P., Smith, M., & Aitken, E. (2014). First report of *Pythiogeton ramosum* (Pythiales) in Australia. Australasian plant disease notes, 9(1), 130.

Lehner, M. S., Teixeira, H., Paula Júnior, T. J., Vieira, R. F., Lima, R. C., & Carneiro, J. E. S. (2015). Adaptation and resistance to diseases in Brazil of putative sources of common bean resistance to white mold. Plant Disease, 99(8), 1098-1103.

Lépiz, I.R. López, A.J., Sánchez, G.J., Santacruz R., Nuño, R.R. y Rodríguez G.E. 2010. Características morfológicas de formas cultivadas, silvestres e intermedias de frijol común de hábito trepador. Rev. Fitotec. Mex., 33(1): 21–28.

Leslie, J. F., & Summerell, B. A. (2008). The *Fusarium* laboratory manual. Blackwell Publishing.

Levenfors, J. P., Wikström, M., Persson, L., & Gerhardson, B. (2003). Pathogenicity of *Aphanomyces* spp. from different leguminous crops in Sweden. European Journal of Plant Pathology, 109(6), 535-543.

Levesque, C. A., & De Cock, A. W. (2004). Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Pythium*. Mycological research, 108(12), 1363-1383.

Li, J. Z., Chapman, B., Charlebois, P., Hofmann, O., Weiner, B., Porter, A. J., ... & Taiwo, B. (2014). Comparison of illumina and 454 deep sequencing in participants failing raltegravir-based antiretroviral therapy. PLoS One, 9(3), e90485.

Li, Q., & Wang, G. (2009). Diversity of fungal isolates from three Hawaiian marine sponges. Microbiological Research, 164(2), 233-241.

Li, Y. P., You, M. P. y Barbetti, M. J. (2014). Species of *Pythium* associated with seedling root and hypocotyl disease on common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Western Australia. Plant Dis. 98:1241-1247.

Liang, Y., Ran, S. F., Bhat, J., Hyde, K. D., Wang, Y., & Zhao, D. G. (2018). *Curvularia microspora* sp. nov. associated with leaf diseases of *Hippeastrum striatum* in China. MycoKeys, (29), 49.

Linde, C., Kemp, G. H. J., & Wingfleld, M. J. (1994). *Pythium* and *Phytophthora* species associated with eucalypts and pines in South Africa. European Journal of Forest Pathology, 24(6-7), 345-356.

Lipps, P. E. (1980). A new species of *Pythium* isolated from wheat beneath snow in Washington. Mycologia, 72(6), 1127-1133.

Liu, A. R., Chen, S. C., Wu, S. Y., Xu, T., Guo, L. D., Jeewon, R., & Wei, J. G. (2010). Cultural studies coupled with DNA based sequence analyses and its implication on pigmentation as a phylogenetic marker in Pestalotiopsis taxonomy. Molecular Phylogenetics and Evolution, 57(2), 528-535.

Liu, W. T., Marsh, T. L., Cheng, H., & Forney, L. J. (1997). Characterization of microbial diversity by determining terminal restriction fragment length polymorphisms of genes encoding 16S rRNA. Applied and environmental microbiology, 63(11), 4516-4522.

Liu, X., Fang, Z. Y., Yang, L. M., Zhang, Y. Y., & Lv, H. H. (2018). First Report of Brussels Sprouts and Broccoli Yellows Caused by *Fusarium oxysporum* in China. Plant Disease, 102(12), 2638-2638.

Liu, Z. L. & Sinclair, J. B. 1993. Differentiation of intraspecific groups within anastomosis group 1 of *Rhizoctonia solani* using ribosomal DNA internal transcribed spacer and isozyme comparisons. Canadian Journal of Plant Pathology, 15(4): 272-280.

Liu, Z., Lozupone, C., Hamady, M., Bushman, F. D., & Knight, R. (2007). Short pyrosequencing reads suffice for accurate microbial community analysis. Nucleic acids research, 35(18), e120.

Logrieco, A. (2017). *Fusarium incarnatum-equiseti*, *F. chlamydosporum*, *F. lateritium*, *F. rigidiuscula* Species Complexes. 17th International *Fusarium* Laboratory Workshop (IFLW). Junio 25 – 30 de 2017. Kansas State University. USA.

Lombard, L., Bogale, M., Montenegro, F., Wingfield, B. D., & Wingfield, M. J. (2008). A new bark canker disease of the tropical hardwood tree Cedrelinga cateniformis in Ecuador. Fungal Diversity, 31, 73-81.

Lombard, L., Houbraken, J., Decock, C., Samson, R. A., Meijer, M., Réblová, M., ... & Crous, P. W. (2016). Generic hyper-diversity in Stachybotriaceae. Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 36, 156.

Luchen, C. C., Chimwamurombe, P. M., & Hale, L. (2017). Isolation and characterization of fungi associated with disease symptoms on *Ziziphus mucronata* leaves and *Phaseolus vulgaris* pods in Windhoek, Namibia. Journal of Pure and Applied Microbiology, 11(2), 963-969.

Luong, T. M., Huynh, L. M. T., Tran, U., Dau, V. T., Burgess, L. W., Phan, H. T., ... & Vo, A. D. (2008). First report of *Phoma terrestris* causing pink root rot of Chinese onion in Vietnam. Australasian Plant Disease Notes, 3(1), 147-149.

Ma, L. J., Van Der Does, H. C., Borkovich, K. A., Coleman, J. J., Daboussi, M. J., Di Pietro, A., ... & Houterman, P. M. (2010). Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in *Fusarium*. Nature, 464(7287), 367.

Ma, S., Cao, Z., Qu, Q., Liu, N., Xu, M., Dai, D., & Dong, J. (2018). 18821. First Report of *Fusarium oxysporum* Causing Stalk Rot and Root Rot of Portulaca molokiniensis in China. Plant disease, 102(12), 2650.

Maciá-Vicente, J. G., Rosso, L. C., Ciancio, A., Jansson, H. B., & Lopez-Llorca, L. V. (2009). Colonisation of barley roots by endophytic *Fusarium equiseti* and *Pochonia chlamydosporia*: effects on plant growth and disease. Annals of Applied Biology, 155(3), 391-401.

Madden T. The BLAST Sequence Analysis Tool. 2013 Mar 15. In: The NCBI Handbook [Internet]. 2nd edition. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2013-. Available from: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK153387/

MADR – Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (2018). Colombia: SIOC - Sistema de Información de Gestión y Desempeño de Organizaciones de Cadenas, AGRONET, Sistema de Estadísticas Agropecuarias – SEA. Cifras sectoriales frijol mayo, 2018 [consultado nov., 2018]. Disponible en Internet: < https://sioc.minagricultura.gov.co/AlimentosBalanceados/Documentos/002%20-%20Cifras%20Sectoriales/002%20-%20Cifras%20Sectoriales%20-%202018%20Mayo%20Fr%C3%ADjol.pdf>

Madrid, H., Da Cunha, K. C., Gené, J., Dijksterhuis, J., Cano, J., Sutton, D. A., ... & Crous, P. W. (2014). Novel *Curvularia* species from clinical specimens. Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 33, 48.

Mahadevakumar, S., Yadav, V., Tejaswini, G. S., & Janardhana, G. R. (2016). Morphological and molecular characterization of *Sclerotium rolfsii* associated with fruit rot of *Cucurbita maxima*. European journal of plant pathology, 145(1), 215-219.

Maharachchikumbura, S. S., Guo, L. D., Chukeatirote, E., Bahkali, A. H., & Hyde, K. D. (2011). *Pestalotiopsis* - morphology, phylogeny, biochemistry and diversity. Fungal Diversity, 50(1), 167.

Maharachchikumbura, S. S., Hyde, K. D., Groenewald, J. Z., Xu, J., & Crous, P. W. (2014). *Pestalotiopsis* revisited. Studies in Mycology, 79, 121-186.

Maharachchikumbura, S. S., Larignon, P., AL-SADI, A. M., & Zuo-Yi, L. I. U. (2016). Characterization of *Neopestalotiopsis*, *Pestalotiopsis* and *Truncatella* species associated with grapevine trunk diseases in France. Phytopathologia Mediterranea, 55(3), 380-390.

Mahuku, G. S., & Riascos, J. J. (2004). Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Andean and Mesoamerican bean varieties and regions. European Journal of Plant Pathology, 110(3), 253-263.

Manamgoda, D. S., Cai, L., Bahkali, A. H., Chukeatirote, E., & Hyde, K. D. (2011). Cochliobolus: an overview and current status of species. Fungal diversity, 51(1), 3-42.

Manamgoda, D. S., Cai, L., McKenzie, E. H., Crous, P. W., Madrid, H., Chukeatirote, E., ... & Hyde, K. D. (2012). A phylogenetic and taxonomic re-evaluation of the *Bipolaris* - *Cochliobolus* - *Curvularia* complex. Fungal Diversity, 56(1), 131-144.

Manning, V. A., Pandelova, I., Dhillon, B., Wilhelm, L. J., Goodwin, S. B., Berlin, A. M., ... & Holman, W. H. (2013). Comparative genomics of a plant-pathogenic fungus, *Pyrenophora tritici-repentis*, reveals transduplication and the impact of repeat elements on pathogenicity and population divergence. G3: Genes| Genomes| Genetics, 3(1), 41-63.

Manoch, L., Dethoup, T., Yilmaz, N., Houbraken, J., & Samson, R. A. (2013). Two new *Talaromyces* species from soil in Thailand. Mycoscience, 54(5), 335-342.

Marin-Felix, Y., Groenewald, J. Z., Cai, L., Chen, Q., Marincowitz, S., Barnes, I., ... & De Beer, Z. W. (2017). Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. Studies in mycology, 86, 99-216.

Martin, F. N. (2000). Phylogenetic relationships among some *Pythium* species inferred from sequence analysis of the mitochondrially encoded cytochrome oxidase II gene. Mycologia, 711-727.

Martin, F. N., Abad, Z. G., Balci, Y., & Ivors, K. (2012). Identification and detection of *Phytophthora*: reviewing our progress, identifying our needs. Plant Disease, 96(8), 1080-1103.

Masago, H., Yoshikawa, M., Fukada, M., y Nakanishi, N. 1977. Selective inhibition of *Pythium* spp. on a medium for direct isolation of *Phytophthora* spp. from soils and plants. Phytopathology, 67(3), 425-428.

Matić, S., Gilardi, G., Gullino, M. L., & Garibaldi, A. (2019). Emergence of leaf spot disease on leafy vegetable and ornamental crops caused by *Paramyrothecium* and *Albifimbria* species. Phytopathology, (ja).

Matoba, Y., Kondo, N., Akino, S., Kodama, F., Naito, S., y Ebe, S. 2008. Identification and pathogenicity of *Pythium* species causing damping-off of kidney bean. Journal of General Plant Pathology, 74(1), 81-85.

Matthiesen, R. L., Ahmad, A. A., & Robertson, A. E. (2016). Temperature affects aggressiveness and fungicide sensitivity of four *Pythium* spp. that cause soybean and corn damping off in Iowa. Plant disease, 100(3), 583-591.

Mbofung, G. Y., Hong, S. G., & Pryor, B. M. (2007). Phylogeny of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* inferred from mitochondrial small subunit, elongation factor 1-α, and nuclear ribosomal intergenic spacer sequence data. Phytopathology, 97(1), 87-98.

McDonald, D., Price, M. N., Goodrich, J., Nawrocki, E. P., DeSantis, T. Z., Probst, A., ... & Hugenholtz, P. (2012). An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea. The ISME journal, 6(3), 610.

McLeod, A., Botha, W. J., Meitz, J. C., Spies, C. F., Tewoldemedhin, Y. T., & Mostert, L. (2009). Morphological and phylogenetic analyses of *Pythium* species in South Africa. Mycological Research, 113(9), 933-951.

McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). Phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. PloS one, 8(4), e61217.

McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2014). Shiny-phyloseq: Web application for interactive microbiome analysis with provenance tracking. Bioinformatics, 31(2), 282-283.

Meyer, M. C., Silva, J. C. D., Maia, G. L., Bueno, C. J., & Souza, N. L. D. (2006). Mancha de mirotécio em algodoeiro causada por *Myrothecium roridum*. Summa Phytopathologica, 390-393.

Miklas, P. N., Coyne, D. P., Grafton, K. F., Mutlu, N., Reiser, J., Lindgren, D. T. y Singh, S. P. (2003). A major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana No. 5. Euphytica, 131(1): 137-146.

Miklas, P. N., Kelly, J. D., Beebe, S. E., y Blair, M. W. (2006). Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. Euphytica, 147(1-2): 105-131.

Müller, D. G., Küpper, F. C., & Küpper, H. (1999). Infection experiments reveal broad host ranges of *Eurychasma dicksonii* (Oomycota) and *Chytridium polysiphoniae* (Chytridiomycota), two eukaryotic parasites in marine brown algae (Phaeophyceae). Phycological Research, 47(3), 217-223.

Muñoz Cabañas, R. M., Hernández Delgado, S., & Mayek Pérez, N. (2005). Análisis patogénico y genético de Macrophomina phaseolina (Tassi) Goid. en diferentes hospedantes. Revista Mexicana de Fitopatología, 23(1).

Mwang'ombe, A. W., Kipsumbai, P. K., Kiprop, E. K., Olubayo, F. M., & Ochieng, J. W. (2008). Analysis of Kenyan isolates of Fusarium solani f. sp. phaseoli from common bean using colony characteristics, pathogenicity and microsatellite DNA. African Journal of Biotechnology, 7(11).

Nalim, F. A., Samuels, G. J., Wijesundera, R. L., & Geiser, D. M. (2011). New species from the *Fusarium solani* species complex derived from perithecia and soil in the Old World tropics. Mycologia, 103(6), 1302-1330.

Naseri, B. (2008). Root rot of common bean in Zanjan, Iran: major pathogens and yield loss estimates. Australas. Plant Pathol. 37, 546-551.

Naseri, B. y Marefat, A. (2011). Large-scale assessment of agricultural practices affecting Fusarium root rot and common bean yield. European journal of plant pathology, 131(2): 179-195.

Naseri, B., & Mousavi, S. S. (2015). Root rot pathogens in field soil, roots and seeds in relation to common bean (*Phaseolus vulgaris*), disease and seed production. International journal of pest management, 61(1), 60-67.

Naz, F., Tariq, A., Rauf, C. A., & Sultana, T. (2018). First report of stem and root rot of bell pepper caused by *Fusarium equiseti* in Pakistan. Journal of Plant Pathology, 100(3), 589-589.

Nechwatal, J., Wielgoss, A., & Mendgen, K. (2008). Diversity, host, and habitat specificity of oomycete communities in declining reed stands (*Phragmites australis*) of a large freshwater lake. Mycological research, 112(6), 689-696.

Nei, M., & Kumar, S. (2000). Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, New York.

Nel, W. J., Duong, T. A., Wingfield, B. D., Wingfield, M. J., & De Beer, Z. W. (2018). A new genus and species for the globally important, multihost root pathogen *Thielaviopsis basicola*. Plant pathology, 67(4), 871-882.

Nelson, P. E., Toussoun, T. A., & Marasas, W. F. O. (1983). *Fusarium* species: an illustrated manual for identification.

Nerey, Y., Pannecoucque, J., Hernandez, H. P., Diaz, M., Espinosa, R., De Vos, S., ... & Höfte, M. (2010). *Rhizoctonia* spp. causing root and hypocotyl rot in *Phaseolus vulgaris* in Cuba. Journal of Phytopathology, 158(4), 236-243.

Nguyen, N. H., Song, Z., Bates, S. T., Branco, S., Tedersoo, L., Menke, J., ... & Kennedy, P. G. (2016). FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. Fungal Ecology, 20, 241-248.

Nguyen, T. H., Mathur, S. B., & Neergaard, P. (1973). Seed-borne species of *Myrothecium* and their pathogenic potential. Transactions of the British Mycological Society, 61(2), 347-IN16.

Nicoli, A., Zambolim, L., Paula Júnior, T. J., Vieira, R. F., Teixeira, H., & Carneiro, J. E. S. (2013). Chlamydospore concentration for assessment of Fusarium root rot on common bean. Tropical Plant Pathology, 38(2), 149-151.

Nilsson R.H, Larsson K.H, Taylor AFS, Bengtsson-Palme J, Jeppesen TS, Schigel D, Kennedy P, Picard K, Glöckner FO, Tedersoo L, Saar I, Kõljalg U, Abarenkov K. 2018. The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. Nucleic Acids Research, DOI: 10.1093/nar/gky1022

Nzungize, J., Gepts, P., Buruchara, R., Buah, S., Ragama, P., Busogoro, J. P. y Baudoin, J. P. (2011). Pathogenic and molecular characterization of Pythium species inducing root rot symptoms of common bean in Rwanda. Afr. J. Microbiol. Res, 5(10): 1169-1181.

Nzungize, J.R., Lyumugabe, F., Busogoro, J.P. y Baudoin, J.P. (2012). *Pythium* root rot of common bean: biology and control methods. A review. Biotechnol. Agron. Soc. Environ. 16(3), 405-413.

O'Donnell, K. (2000). Molecular phylogeny of the Nectria haematococca-Fusarium solani species complex. Mycologia, 919-938.

O'Donnell, K., Gueidan, C., Sink, S., Johnston, P. R., Crous, P. W., Glenn, A., ... & van der Lee, T. (2009b). A two-locus DNA sequence database for typing plant and human pathogens within the *Fusarium oxysporum* species complex. Fungal Genetics and Biology, 46(12), 936-948.

O'Donnell, K., Humber, R. A., Geiser, D. M., Kang, S., Park, B., Robert, V. A., ... & Rehner, S. A. (2012). Phylogenetic diversity of insecticolous fusaria inferred from multilocus DNA

sequence data and their molecular identification via FUSARIUM-ID and Fusarium MLST. Mycologia, 104(2), 427-445.

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.

O'Donnell, K., Rooney, A. P., Proctor, R. H., Brown, D. W., McCormick, S. P., Ward, T. J., ... & Robert, V. A. (2013). Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important fusaria. Fungal Genetics and Biology, 52, 20-31.

O'Donnell, K., Sarver, B. A., Brandt, M., Chang, D. C., Noble-Wang, J., Park, B. J., ... & Geiser, D. M. (2007). Phylogenetic diversity and microsphere array-based genotyping of human pathogenic fusaria, including isolates from the multistate contact lens-associated US keratitis outbreaks of 2005 and 2006. Journal of clinical microbiology, 45(7), 2235-2248.

O'Donnell, K., Sutton, D. A., Fothergill, A., McCarthy, D., Rinaldi, M. G., Brandt, M. E., ... & Geiser, D. M. (2008). Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. Journal of Clinical Microbiology, 46(8), 2477-2490.

O'Donnell, K., Sutton, D. A., Rinaldi, M. G., Gueidan, C., Crous, P. W., & Geiser, D. M. (2009c). Novel multilocus sequence typing scheme reveals high genetic diversity of human pathogenic members of the *Fusarium incarnatum* - *F. equiseti* and *F. chlamydosporum* species complexes within the United States. Journal of Clinical Microbiology, 47(12), 3851-3861.

O'Donnell, K., Sutton, D. A., Rinaldi, M. G., Gueidan, C., Crous, P. W., & Geiser, D. M. (2009). Novel multilocus sequence typing scheme reveals high genetic diversity of human pathogenic members of the *Fusarium incarnatum-F. equiseti* and *F. chlamydosporum* species complexes within the United States. Journal of Clinical Microbiology, 47(12), 3851-3861.

O'Donnell, K., Sutton, D. A., Rinaldi, M. G., Magnon, K. C., Cox, P. A., Revankar, S. G., ... & Padhye, A. (2004). Genetic diversity of human pathogenic members of the Fusarium oxysporum complex inferred from multilocus DNA sequence data and amplified fragment length polymorphism analyses: evidence for the recent dispersion of a

Paulitz, T. C., Adams, K., & Mazzola, M. (2003). *Pythium abappressoriu*m—a new species from eastern Washington. Mycologia, 95(1), 80-86.

Peay, K. G., Garbelotto, M., & Bruns, T. D. (2010). Evidence of dispersal limitation in soil microorganisms: isolation reduces species richness on mycorrhizal tree islands. Ecology, 91(12), 3631-3640.

Pereira, M. B., Wallroth, M., Jonsson, V., & Kristiansson, E. (2018). Comparison of normalization methods for the analysis of metagenomic gene abundance data. BMC genomics, 19(1), 274.

Pereira, O. L., & Barreto, R. W. (2005). The mycobiota of the weed *Mitracarpus hirtus* in Minas Gerais (Brazil), with particular reference to fungal pathogens for biological control. Australasian Plant Pathology, 34(1), 41-50.

Pérez-Hernández, A., Serrano-Alonso, Y., Aguilar-Pérez, M. I., Gómez-Uroz, R., & Gómez-Vázquez, J. (2014). Damping-off and root rot of pepper caused by *Fusarium oxysporum* in Almería province, Spain. Plant disease, 98(8), 1159-1159.

Petkowski, J. E., de Boer, R. F., Norng, S., Thomson, F., & Minchinton, E. J. (2013). *Pythium* species associated with root rot complex in winter-grown parsnip and parsley crops in south eastern Australia. Australasian Plant Pathology, 42(4), 403-411.

Pfender, W. F., & Hagedorn, D. J. (1982). Comparative virulence of *Aphanomyces euteiches* f. sp. *phaseoli* and *Pythium ultimum* on *Phaseolus vulgaris* at naturally occurring inoculum levels. Phytopathology, 72(9), 1200-1204.

Pfender, W. F., y Hagedorn, D. J. 1982. *Aphanomyces euteiches* f. sp. *phaseoli*, a causal agent of bean root and hypocotyl rot. Phytopathology, 72(3): 306-310.

Phookamsak, R., Liu, J. K., Manamgoda, D. S., Chukeatirote, E., Mortimer, P. E., Mckenzie, E. H., & Hyde, K. D. (2014). The sexual state of *Setophoma*. Phytotaxa, 176(1), 260-269.

Photita, W., Lumyong, S., Lumyong, P., McKenzie, E. H. C., & Hyde, K. D. (2004). Are some endophytes of *Musa acuminata* latent pathogens? Fungal Diversity.

Piepenbring, M., Cáceres Mendez, O. A., Espino Espinoza, A. A., Kirschner, R., & Schöfer, H. (2007). Chromoblastomycosis caused by *Chaetomium funicola*: a case report from Western Panama. British Journal of Dermatology, 157(5), 1025-1029.

Piontelli, E. (2011). Manual de microhongos filamentosos comunes I. Escuela de Medicina, Universidad de Valparaíso. Valparaíso, Chile, 462.

Pitt, J. I., & Hocking, A. D. (1997). Fungi and food spoilage. Blackie Academic & Professional. New South Wales, Australia.

Queiroz, F. M., de Fs Muniz, M., & Menezes, M. (2001). *Alternaria brasiliensis* sp. nov., a leaf pathogen on *Phaseolus vulgaris*. Mycopathologia, 150(2), 61-65.

Radmer, L., Anderson, G., Malvick, D. M., Kurle, J. E., Rendahl, A., & Mallik, A. (2017). *Pythium*, *Phytophthora*, and *Phytopythium* spp. associated with soybean in Minnesota, their relative aggressiveness on soybean and corn, and their sensitivity to seed treatment fungicides. Plant disease, 101(1), 62-72.

Raffaele, S., Farrer, R. A., Cano, L. M., Studholme, D. J., MacLean, D., Thines, M., ... & Meyers, B. C. (2010). Genome evolution following host jumps in the Irish potato famine pathogen lineage. Science, 330(6010), 1540-1543.

Ramdial, H., Latchoo, R. K., Hosein, F. N., & Rampersad, S. N. (2016). Phylogeny and Haplotype Analysis of Fungi Within the *Fusarium incarnatum-equiseti* Species Complex. Phytopathology, 107(1), 109-120.

Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (http://www. barcodinglife. org). Molecular ecology notes, 7(3), 355-364.

Ravichandran, S. (2012). Epidemiology and Management of Purple Blotch of Onion Caused by *Alternaria porri* (Ellis) Cif (Doctoral dissertation, UAS, Dharwad).

Riit, T., Tedersoo, L., Drenkhan, R., Runno-Paurson, E., Kokko, H., & Anslan, S. (2016). Oomycete-specific ITS primers for identification and metabarcoding. MycoKeys, 14, 17.

Roberts, P. D., Urs, R. R., French-Monar, R. D., Hoffine, M. S., Seijo, T. E., & McGovern, R. J. (2005). Survival and recovery of *Phytophthora capsici* and oomycetes in tailwater and soil from vegetable fields in Florida. Annals of applied biology, 146(3), 351-359.

Robideau, G. P., De, C. O. C. K., Arthur, W., Coffey, M. D., Voglmayr, H., Brouwer, H., ... & Gachon, C. M. (2011). DNA barcoding of oomycetes with cytochrome c oxidase subunit I and internal transcribed spacer. Molecular ecology resources, 11(6), 1002-1011.

Roca, L. F., Raya, M. C., Luque, F., Agustí-Brisach, C., Romero, J., & Trapero, A. (2016). First report of *Sclerotium rolfsii* causing soft rot of potato tubers in Spain. Plant Disease, 100(12), 2535-2535.

Rodríguez, V. s.f. Manual de Plagas y Enfermedades en Frijol. Comité Estatal de Sanidad Vegetal de Guanajuato, CESAVEG; Gobierno del Estado de Guanajuato. 24 p. Disponible en: <http://www.cesaveg.org.mx/2012/folletos/folletos_12/manual_frijol.pdf>

Sánchez, B. V. (2000). Estrategia para el manejo de suelos ácidos en fríjol (Phaseolus vulgaris L.) en el estado de Chiapas, México. Agronomía Mesoamericana, 11(1): 155-158.

Sánchez, N. J. (1998). Caracterización de Phytophthora spp., agente causal de pudrición de raíz de yuca (*Manihot esculenta* Crantz), utilizando pruebas de patogenicidad y técnicas moleculares (Tesis Doctoral, Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Bogotá, Colombia).

Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A. R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. Proceedings of the national academy of sciences, 74(12), 5463-5467.

Sapkota, R., & Nicolaisen, M. (2015). An improved high throughput sequencing method for studying oomycete communities. Journal of microbiological methods, 110, 33-39.

Sartorato, A. y Rava, C. A. 1994. Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI. 300 p.

SAS Institute Inc. 2015. SAS/IML® 14.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.

Sasan, R. K., & Bidochka, M. J. (2013). Antagonism of the endophytic insect pathogenic fungus *Metarhizium robertsii* against the bean plant pathogen *Fusarium solani* f. sp. *phaseoli*. Canadian journal of plant pathology, 35(3), 288-293.

Schaad, N. W. (1979). Serological identification of plant pathogenic bacteria. Annual Review of Phytopathology, 17(1), 123-147.

Schlaeppi, K., & Bulgarelli, D. (2015). The plant microbiome at work. Molecular Plant-Microbe Interactions, 28(3), 212-217.

Schmidt, P. A., Bálint, M., Greshake, B., Bandow, C., Römbke, J., & Schmitt, I. (2013). Illumina metabarcoding of a soil fungal community. Soil Biology and Biochemistry, 65, 128-132.

Schneider, K. A. y Kelly, J. D. 2000. A greenhouse screening protocol for Fusarium root rot in bean. HortScience, 35(6): 1095-1098.

Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., ... & Miller, A. N. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. Proceedings of the National Academy of Sciences, 109(16), 6241-6246.

Schoonhoven, A.V., y Voysest, O. 1991. Common Beans. Research for Crop Improvement. CAB International, Wallingford, UK, CIAT, Cali, Colombia. 980 p.

Schröder, S., Telle, S., Nick, P., & Thines, M. (2011). Cryptic diversity of *Plasmopara viticola* (Oomycota, Peronosporaceae) in North America. Organisms Diversity & Evolution, 11(1), 3-7.

Schroeder, K. L., Okubara, P. A., Tambong, J. T., Lévesque, C. A., & Paulitz, T. C. (2006). Identification and quantification of pathogenic *Pythium* spp. from soils in eastern Washington using real-time polymerase chain reaction. Phytopathology, 96(6), 637-647.

Schroers, H. J., Baayen, R. P., Meffert, J. P., De Gruyter, J., Hooftman, M., & O'Donnell, K. (2004). *Fusarium foetens*, a new species pathogenic to begonia elatior hybrids (*Begonia*× *hiemalis*) and the sister taxon of the *Fusarium oxysporum* species complex. Mycologia, 96(2), 393-406.

Schroers, H. J., O'Donnell, K., Lamprecht, S. C., Kammeyer, P. L., Johnson, S., Sutton, D. A., ... & Summerbell, R. C. (2009). Taxonomy and phylogeny of the *Fusarium dimerum* species group. Mycologia, 101(1), 44-70.

Schroers, H. J., Samuels, G. J., Zhang, N., Short, D. P., Juba, J., & Geiser, D. M. (2016). Epitypification of *Fusisporium* (*Fusarium*) *solani* and its assignment to a common phylogenetic species in the *Fusarium solani* species complex. Mycologia, 108(4), 806-819.

Schwartz H. F. & Harveson, R. M. (2015) EUA: The American Phytopathological Society. Diseases of Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). [consultado sep., 2018]. Disponible en Internet: <http://www.apsnet.org/publications/commonnames/Pages/Bean.aspx>

Schwartz H.F. (2005) EUA: The American Phytopathological Society. Diseases of Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). [consultado feb., 2015]. Disponible en Internet: <http://www.apsnet.org/publications/commonnames/Pages/Bean.aspx>

Schwartz, H. F., Steadman, J. R., Hall, R., & Forster, R. L. (2005). Compendium of bean diseases (No. Ed. 2). American Phytopathological Society (APS Press).

Scibetta, S., Schena, L., Chimento, A., Cacciola, S. O., & Cooke, D. E. (2012). A molecular method to assess *Phytophthora* diversity in environmental samples. Journal of microbiological methods, 88(3), 356-368.

Secretaría de Economía - Dirección General de Industrias Básicas. 2010. Análisis de la cadena de valor del Frijol. México. 39p.

Semblat, J. P., Bongiovanni, M., Wajnberg, E., Dalmasso, A., Abad, P., & Castagnone-Sereno, P. (2000). Virulence and molecular diversity of parthenogenetic root-knot nematodes, *Meloidogyne* spp. Heredity, 84(1), 81-89.

Senda, M., Kageyama, K., Suga, H., & Lévesque, C. A. (2009). Two new species of *Pythium*, *P. senticosum* and *P. takayamanum*, isolated from cool-temperate forest soil in Japan. Mycologia, 101(4), 439-448.

Shang, Q., Yang, G., Wang, Y., Wu, X., Zhao, X., Hao, H., ... & Wang, R. (2016). Illumina-based analysis of the rhizosphere microbial communities associated with healthy and wilted Lanzhou lily (*Lilium davidii* var. *unicolor*) plants grown in the field. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 32(6), 1-15.

Sharrocks, A.D. 1994. The design of primers for PCR. In: PCR Technology, Current Innovations. Londres: Griffin, H.G. and Griffin, A.M. Ed. CRC Press, p. 5-11.

Siciliano, I., Bosio, P., Gilardi, G., Gullino, M. L., & Garibaldi, A. (2017). Verrucarin A and roridin E produced on spinach by *Myrothecium verrucaria* under different temperatures and CO 2 levels. Mycotoxin research, 33(2), 139-146.

Silverio, M. L., Calvacanti, M. A. D. Q., Silva, G. A. D., Oliveira, R. J. V. D., & Bezerra, J. L. (2016). A new epifoliar species of *Neopestalotiopsis* from Brazil. Agrotrópica, 28(2), 151-158.

Sinclair, L., Osman, O. A., Bertilsson, S., & Eiler, A. (2015). Microbial community composition and diversity via 16S rRNA gene amplicons: evaluating the illumina platform. PloS one, 10(2), e0116955.

Singh, S.P. ed. (1999). Holanda: Dordrecht, Springer. Common Bean Improvement in the Twenty-First Century. [consultado nov., 2014]. Disponible en Internet <http://link.springer.com/10.1007/978-94-015-9211-6>

Singh, S.P., Gepts, P. y Debouck, D.G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Economic Botany, 45 (3): 379-396.

Snini, S. P., Tannous, J., Heuillard, P., Bailly, S., Lippi, Y., Zehraoui, E., ... & Puel, O. (2016). Patulin is a cultivar-dependent aggressiveness factor favouring the colonization of apples by *Penicillium expansum*. Molecular plant pathology, 17(6), 920-930.

Sobral, L. V., Melo, K. N., Souza, C. M., Silva, S. F., Silva, G. L., Silva, A. L., ... & Cruz, R. (2017). Antimicrobial and enzymatic activity of anemophilous fungi of a public university in Brazil. Anais da Academia Brasileira de Ciências, 89(3), 2327-2340.

Solarte, F., Muñoz, C. G., Maharachchikumbura, S. S., & Álvarez, E. (2018). Diversity of *Neopestalotiopsis* and *Pestalotiopsis* spp., Causal Agents of Guava Scab in Colombia. Plant disease, 102(1), 49-59.

Song, A., Zhao, S., Chen, S., Jiang, J., Chen, S., Li, H., ... & Chen, F. (2013). The abundance and diversity of soil fungi in continuously monocropped chrysanthemum. The Scientific World Journal, 2013.

Sousa, E. S., Melo, M. P., Mota, J. M., Sousa, E. M. J., Beserra Jr, J. E. A., & Matos, K. S. (2017). First report of *Fusarium falciforme* (FSSC 3+ 4) causing root rot in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Brazil. Plant Disease, 101(11), 1954-1954.

Stadler, M., & Fournier, J. (2006). Pigment chemistry, taxonomy and phylogeny of the *Hypoxyloideae* (Xylariaceae). Revista Iberoamericana de Micologia, 23(3), 160-170.

Stanghellini, M. E., Mohammadi, M., Förster, H., & Adaskaveg, J. E. (2014). *Pythium brassicum* sp. nov.: a novel plant family-specific root pathogen. Plant disease, 98(12), 1619-1625.

Steadman, J. R., Kerr, E. D., & Mumm, R. F. (1975). Root rot of bean in Nebraska: primary pathogen and yield loss appraisal. Plant Disease Reporter, 59(4), 305-308.

Steciow, M. M. (2003). *Saprolegnia oliviae* sp. nov. isolated from an Argentine river (Tierra del Fuego Province, Argentina). FEMS microbiology letters, 219(2), 253-259.

Steciow, M. M., & Elíades, L. A. (2002). *Thraustotheca terrestris* (Oomycetes), a new species from Argentine agricultural soil. Nova Hedwigia, 75(1-2), 227-235.

Stewart, J. E., Kim, M. S., James, R. L., Dumroese, R. K., & Klopfenstein, N. B. (2006). Molecular characterization of *Fusarium oxysporum* and *Fusarium commune* isolates from a conifer nursery. Phytopathology, 96(10), 1124-1133.

Strausbaugh, C. A. (2018). Incidence, distribution, and pathogenicity of fungi causing root rot in Idaho long-term sugar beet storage piles. Plant disease, 102(11), 2296-2307

Summerell, B. A. (2017). Fusarium: Introduction to the morphology. 17th International *Fusarium* Laboratory Workshop (IFLW). Junio 25 – 30 de 2017. Kansas State University. USA.

Summerell, B. A., Leslie, J. F., Liew, E. C., Laurence, M. H., Bullock, S., Petrovic, T., ... & Burgess, L. W. (2011). *Fusarium* species associated with plants in Australia. Fungal Diversity, 46(1), 1-27.

Summerell, B. A., Salleh, B., & Leslie, J. F. (2003). A utilitarian approach to *Fusarium* identification. Plant disease, 87(2), 117-128.

Tachibana, H., Ihara, S., Kobayashi, S., Kaneda, Y., Takeuchi, T., y Watanabe, Y. 1991. Differences in Genomic DNA Sequences between Pathogenic and Nonpathogenic

Isolates of *Entamoeba histolytica* Identified by Polymerase Chain Reaction. Journal of Clinical Microbiology, 29 (10): 2234-2239.

Talhinhas, P., Sreenivasaprasad, S., Neves-Martins, J., & Oliveira, H. (2005). Molecular and phenotypic analyses reveal association of diverse *Colletotrichum acutatum* groups and a low level of *C. gloeosporioides* with olive anthracnose. Applied and Environmental Microbiology, 71(6), 2987-2998.

Talhinhas, P., Sreenivasaprasad, S., Neves-Martins, J., & Oliveira, H. (2002). Genetic and morphological characterization of *Colletotrichum acutatum* causing anthracnose of lupins. Phytopathology, 92(9), 986-996.

Tamayo, P.J. & Londoño, M.E. (2001). Manejo integrado de plagas y enfermedades del frijol: Manual de campo para su reconocimiento y control. Corpoica, La Selva, Rionegro, Antioquia, Colombia. Boletín Técnico 10, PRONATTA, 80p.

Tamura, R., Hashidoko, Y., Ogita, N., Limin, S. H., & Tahara, S. (2008). Requirement for particular seed-borne fungi for seed germination and seedling growth of *Xyris complanata*, a pioneer monocot in topsoil-lost tropical peatland in Central Kalimantan, Indonesia. Ecological research, 23(3), 573-579.

Tan, T. K., & Pek, C. L. (1997). Tropical mangrove leaf litter fungi in Singapore with an emphasis on *Halophytophthora*. Mycological Research, 101(2), 165-168.

Tan, Y. P., Crous, P. W., & Shivas, R. G. (2018). Cryptic species of *Curvularia* in the culture collection of the Queensland Plant Pathology Herbarium. MycoKeys, 35, 1-25.

Tan, Y. P., Madrid, H., Crous, P. W., & Shivas, R. G. (2014). Johnalcornia gen. et. comb. nov., and nine new combinations in *Curvularia* based on molecular phylogenetic analysis. Australasian Plant Pathology, 43(6), 589-603.

Taylor, D. L., Walters, W. A., Lennon, N. J., Bochicchio, J., Krohn, A., Caporaso, J. G., & Pennanen, T. (2016). Accurate estimation of fungal diversity and abundance through improved lineage-specific primers optimized for Illumina amplicon sequencing. Appl. Environ. Microbiol., 82(24), 7217-7226.

Taylor, J. W. (2011). One fungus= one name: DNA and fungal nomenclature twenty years after PCR. IMA fungus, 2(2), 113-120.

Tedersoo, L., Bahram, M., Põlme, S., Kõljalg, U., Yorou, N. S., Wijesundera, R., ... & Smith, M. E. (2014). Global diversity and geography of soil fungi. science, 346(6213), 1256688.

Tedersoo, L., Tooming-Klunderud, A., & Anslan, S. (2018). PacBio metabarcoding of Fungi and other eukaryotes: errors, biases and perspectives. New Phytologist, 217(3), 1370-1385.

Terán, H., Lema, M., Webster, D. y Singh, S. P. 2009. 75 years of breeding pinto bean for resistance to diseases in the United States. Euphytica, 167(3): 341-351.

Thakur, S., Weir, B. S., & Guttman, D. S. (2016). Phytopathogen genome announcement: draft genome sequences of 62 Pseudomonas syringae type and pathotype strains. Molecular Plant-Microbe Interactions, 29(4), 243-246.

Thirumalaisamy, P. P., Dutta, R., Jadon, K. S., Nataraja, M. V., Padvi, R. D., Rajyaguru, R., & Yusufzai, S. (2018). Association and characterization of the *Fusarium incarnatum - F. equiseti* species complex with leaf blight and wilt of peanut in India. Journal of General Plant Pathology, 1-7.

Tojo, M., Nakazono, E., Tsushima, S., Morikawa, T., & Matsumoto, N. (1998). Characterization of two morphological groups of isolates of *Pythium ultimum* var. *ultimum* in a vegetable field. Mycoscience, 39(2), 135-144.

Toju, H., Tanabe, A. S., Yamamoto, S., & Sato, H. (2012). High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples. PloS one, 7(7), e40863.

Torres, D. P., Silva, M. A., Pinho, D. B., Pereira, O. L., & Furtado, G. Q. (2013). First report of *Curvularia gladioli* causing a leaf spot on *Gladiolus grandiflorus* in Brazil. Plant disease, 97(6), 847-847.

Tóth, B., Csősz, M., Dijksterhuis, J., Frisvad, J. C., & Varga, J. (2007). *Pithomyces chartarum* as a pathogen of wheat. Journal of Plant Pathology, 405-408.

Tsror, L. (2010). Biology, epidemiology and management of *Rhizoctonia solani* on potato. Journal of Phytopathology, 158(10), 649-658.

Tulloch, M. (1972). The Genus *Myrothecium* Tode ex FR. Mlycol. Papers, (130), 1-42.

Ureña-Padilla, A. R., MacKenzie, S. J., Bowen, B. W., y Legard, D. E. 2002. Etiology and population genetics of *Colletotrichum* spp. causing crown and fruit rot of strawberry. Phytopathology, 92(11): 1245-1252.

Urrutia Anaya, I. y Pacheco Aguilar, J. R. s.f. Aislamiento e identificación de *Pythium* sp, un fitopatógeno de interés agrícola en el estado de Querétaro. 4p.

Urtiaga, R. (1986). Indice de enfermedades en plantas de Venezuela y Cuba (No. SB599 U72). Nuevo Siglo.

pyriform haustoria based on Bayesian analysis of partial LSU rDNA sequence data. Mycological Research, 108(9), 1011-1024.

Vyas, N., Dua, K. K., & Prakash, S. (2007). Efficacy of *Lagenidium giganteum* metabolites on mosquito larvae with reference to nontarget organisms. Parasitology research, 101(2), 385-390.

Wang, H., Xiao, M., Kong, F., Chen, S., Dou, H. T., Sorrell, T., ... & Xu, Y. C. (2011). Accurate and practical identification of 20 *Fusarium* species by seven-locus sequence analysis and reverse line blot hybridization, and an in vitro antifungal susceptibility study. Journal of clinical microbiology, 49(5), 1890-1898.

Wang, X. W., Houbraken, J., Groenewald, J. Z., Meijer, M., Andersen, B., Nielsen, K. F., ... & Samson, R. A. (2016). Diversity and taxonomy of *Chaetomium* and *Chaetomium*-like fungi from indoor environments. Studies in Mycology, 84, 145-224.

Watanabe, K., & Tojo, M. (2006). Stem and root rot of scarlet runner bean (*Phaseolus coccineus*) caused by *Pythium myriotylum*. Journal of General Plant Pathology, 72(2), 126-128.

Watanabe, T. (2002). Pictorial atlas of soil and seed fungi: morphologies of cultured fungi and key to species. Second Edition CRC press.

Watson, A. (2009) [en línea]. New South Wales Government: NSW Department of Primary Industries. Publications and resources. PrimerFacts. Soil-borne diseases of beans [consultado abr., 2014]. Disponible en Internet: <http://www.dpi.nsw.gov.au/__data/assets/pdf_file/0009/304398/Soil-borne-diseases-of-beans.pdf>

Webster, J. & Weber, R. (2007). Introduction to fungi. Cambridge University Press. 841 p.

White, R. (2014) [en línea]. Reino Unido: ILDIS - International Legume Database and Information Service, Universidad de Southampton, Escuela de Ciencias Biológicas. [consultado feb., 2015]. Disponible en Internet: <http://www.ildis.org/>

White, T. J., Bruns, T., Lee, S. J. W. T. y Taylor, J. W. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. M. A. Innis, D. H. Gelfand, and J. J. Sninsky, eds. Academic Press, San Diego, C. A. 18: 315-322.

Wiriyajitsomboon, P. (2015). Characterization of *Setophoma terrestris* causing pink root in onion, disease management, and age-related resistance. Michigan State University.

throughput Illumina sequencing. Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers, 116, 99-105.

Zhang, Y., Maharachchikumbura, S. S., McKenzie, E. H., & Hyde, K. D. (2012). A novel species of *Pestalotiopsis* causing leaf spots of *Trachycarpus fortunei*. Cryptogamie, Mycologie, 33(3), 311-319.

Zheng, F., Chen, L. W., Ma, R., Xu, G., Ding, X. F., Zheng, F. Q., & Xie, C. P. (2018). First Report of Southern Blight in Pitaya (*Hylocereus undatus*) Caused by *Sclerotium rolfsii* in China. Plant Disease, 102(2), 441-441.

Zheng, Y., Xin, Y., Shi, X., & Guo, Y. (2010). Anti-cancer effect of rubropunctatin against human gastric carcinoma cells BGC-823. Applied microbiology and biotechnology, 88(5), 1169-1177.)

Zhou, H. W., Li, D. F., Tam, N. F. Y., Jiang, X. T., Zhang, H., Sheng, H. F., ... & Zou, F. (2011). BIPES, a cost-effective high-throughput method for assessing microbial diversity. The ISME journal, 5(4), 741.

Zhou, H. W., Li, D. F., Tam, N. F. Y., Jiang, X. T., Zhang, H., Sheng, H. F., ... & Zou, F. (2011). BIPES, a cost-effective high-throughput method for assessing microbial diversity. The ISME journal, 5(4), 741-749.

Zhou, X., Li, M., Huang, S., Gao, H., Tang, J., Chen, Y., & Chen, M. (2018). *Fusarium oxysporum* causes *Paris polyphylla* var. *chinensis* stem rot in Chongren (North Fujian, China). Journal of Plant Pathology, 100(1), 119-119.

Zimowska, B. E. A. T. A. (2008). Fungi threatening the cultivation of sage (*Salvia officinalis* L.) in south-eastern Poland. Herba Pol, 54(1), 15-24.

Zitnick-Anderson, K. K., & Nelson Jr, B. D. (2015). Identification and pathogenicity of *Pythium* on soybean in North Dakota. Plant disease, 99(1), 31-38.