HISTORIA Y EPIDEMIOLOGÍA DEL FITOPLASMA del ENANISMO ARBUSTIVO DEL MAÍZ (MBSP) EN EL CONTINENTE AMERICANO: UNA REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Fernandez F. D.; Bongiorno V. A.; Conci L. R.
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Instituto de Patología Vegetal (IPAVE). Camino a 60 Cuadras Km 5.5, Córdoba, Córdoba, Argentina.
fernandez.franco@inta.gob.ar; bongiorno.vannia@inta.gob.ar, lrconci@yahoo.com.ar

HISTORY AND EPIDEMIOLOGY OF MAIZE BUSHY STUNT PHYTOPLASMA (MBSP) IN THE AMERICAN CONTINENT: A BIBLIOGRAPHIC REVIEW

Abstract: Maize bushy stunt phytoplasma (MBSP) is the most economically important phytoplasma affecting corn (*Zea mays* L.) in the Americas. First detected in Mexico in 1955, MBSP has since been confirmed in at least nine countries across North, Central, and South America, with reported yield losses ranging from 35% to 93% depending on infection timing and vector pressure. The pathogen belongs to the 16SrI-B subgroup and has recently been proposed as a distinct species, '*Candidatus* Phytoplasma zeae', based on genomic, ecological, and vector-specificity evidence. Its principal vectors, *Dalbulus maidis* and *D. elimatus*, are restricted to the Americas and are thought to have coevolved with maize. Acquisition and latent periods in the vector range between roughly 19 and 24 days depending on temperature, and transmission efficiency is strongly influenced by leafhopper density and physiological status. At the molecular level, the effector SAP11-MBSP destabilizes TB1/CYC-clade TCP transcription factors, disrupting ear development and underlying part of the characteristic bushy phenotype. This review compiles the historical detection timeline, symptomatology, effector biology, diagnostic methods, taxonomy, genomics, and plant-vector-pathogen interactions documented for MBSP, with emphasis on its recently reassessed epidemiological relevance in Argentina. Knowledge gaps and priorities for future research are discussed.

Palabras clave: fitoplasma; *Dalbulus maidis*; *Zea mays*; 16SrI-B
Keywords: phytoplasma; *Dalbulus maidis*; *Zea mays*; 16SrI-B

Introducción

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos más relevantes de Argentina, con un área sembrada que creció de 5 a 9,7 millones de hectáreas y una producción que pasó de 21,5 a 60,5 millones de toneladas en la última década (Presello et al., 2022). Sin embargo, esta expansión se ha visto amenazada por el achaparramiento del maíz (AM), enfermedad capaz de causar pérdidas parciales o totales (Giménez-Pecci et al., 2012). Históricamente endémica del norte del país, la campaña 2023/2024 provocó su expansión al centro y sur de la región pampeana, con caídas de rendimiento de hasta el 70% (Bolsa de Comercio de Rosario, 2024). El AM es causado por un complejo de cuatro patógenos transmitidos por *Dalbulus maidis*: *Spiroplasma kunkelii* (CSS), el fitoplasma del enanismo arbustivo (MBSP), y los virus MRFV y MSMV (Jones & Medina, 2020; Oliveira et al., 1998; Vilanova et al., 2022). Aunque CSS fue el agente histórico predominante, en las últimas campañas el MBSP, considerado previamente secundario, incrementó significativamente su prevalencia (Alessio et al., 2024).

"El fitoplasma MBSP es una bacteria sin pared celular perteneciente a los Mollicutes, con un genoma reducido (~576 kb), y un parásito intracelular obligado que coloniza el floema de la planta y distintos tejidos del insecto vector. Taxonómicamente adscrito al subgrupo 16SrI-B, ha sido recientemente propuesto como '*Candidatus* Phytoplasma zeae' por evidencias genómicas y ecológicas (Pellegrinetti et al., 2025). Se transmite de forma persistente-propagativa por *D. maidis* (Figura 1.C) y *D. elimatus*, vectores endémicos de América asociados al maíz y sus parientes silvestres, cuya historia evolutiva está estrechamente vinculada con la diversificación del maíz y sus ancestros en Mesoamérica (Nault & DeLong, 1980; Pérez-López et al., 2016). Detectado inicialmente en México (1955), su distribución documentada abarca desde México y otros países de América Central y Sudamérica hasta registros recientes en Estados Unidos (Tabla 1). No obstante, su estudio enfrenta limitantes estructurales: la dependencia de herramientas moleculares (PCR, secuenciación) por su dificultad de cultivarlo *in vitro* ha sesgado el histórico de detecciones hacia hitos técnicos más que a vigilancia sistemática. Esto explica el subregistro en vastas regiones maiceras y la escasa comprensión de su dinámica temporal y rutas de dispersión. Esta revisión sintetiza el conocimiento sobre su biología, taxonomía, genómica y diagnóstico, con énfasis en su reciente revalorización epidemiológica en Argentina, y concluye identificando vacíos y prioridades de investigación.

Cronología de la detección del MBSP en América

El MBSP fue detectado inicialmente en México por Maramorosch (1955), quien lo atribuyó a un virus, hipótesis refutada en los años 70 cuando Bascopé Quintanilla (1977) y Nault (1980) demostraron su naturaleza bacteriana por microscopía electrónica. La primera caracterización molecular, a cargo de Lee et al. (1993), lo adscribió al grupo 16SrI, abriendo la puerta a su confirmación en diversos países. Así, en Centroamérica se reportó en Costa Rica (Harrison et al. 1996) y Nicaragua (Hruska et al. 1996); en Sudamérica, Bedendo et al. (1997) lo confirmaron en Brasil, Nault et al. (1979) documentaron su presencia en Perú (relevamiento que Hodgetts et al. 2009 ampliarían con T-RFLP), y Alvarez et al. (2014) en Colombia. Pérez-López et al. (2016) realizaron la primera detección molecular en maíces nativos de México, mientras que Pellegrinetti et al. (2025) extendieron el límite septentrional al reportarlo en Oklahoma e Iowa (EE. UU.). En el extremo austral, Giménez-Pecci et al. (2002) detectaron MBSP en Tucumán y Córdoba; no obstante, durante décadas fue secundario al CSS, situación que durante la epidemia 2023-2024 cambiaria (ver apartado de Argentina). Aunque el MBSP es el fitoplasma más frecuentemente asociado a la enfermedad del achaparramiento, Quispe et al. (2022) reportaron en Perú la co-ocurrencia de cepas del subgrupo 16SrIII-J con síntomas indistinguibles del MBSP, lo que subraya la urgente necesidad de implementar ensayos diferenciales específicos para evitar errores diagnósticos; primera descripción de infecciones mixtas de ambos subgrupos en maíz y una complicación diagnóstica relevante para el manejo de la enfermedad. La Tabla 1 sintetiza estos hitos.

Tabla 1. Cronología de la detección y caracterización del MBSP (y hallazgos asociados) en el continente americano.

Año	País / región	Hito	Referencia
1955	México	Primera descripción de síntomas; etiología viral propuesta (luego refutada)	Maramorosch (1955)
1977-1980	México	Confirmación de naturaleza micoplásmica por ME	Bascopé Quintanilla (1977); Nault (1980)
1979	Perú	Primeros reportes de la enfermedad	Nault et al. (1979)
1993	-	1ª caracterización molecular; grupo 16SrI	Lee et al. (1993)
1996	Costa Rica - Nicaragua	Detección por PCR; descripción epidémica	Harrison et al. (1996); Hruska et al. (1996)
1997	Brasil	1er reporte molecular en Sudamérica (PCR-RFLP)	Bedendo et al. (1997)
1999	Belice	Confirmación del complejo de mollicutes	Henríquez et al. (1999)
2000/02	Argentina	1er reporte; PCR y Western blot	Giménez-Pecci et al. (2002)
2009	Perú	Relevamiento regional por T-RFLP	Hodgetts et al. (2009)
2013	Argentina	Confirmación de *D. maidis* y CSS en región templada	Carloni et al. (2013)
2014	Colombia	Detección y caracterización molecular	Alvarez et al. (2014)
2016	México	1er reporte en maíces nativos	Pérez-López et al. (2016)
2017-19	Brasil	Genoma de referencia y efector SAP11-MBSP	Orlovskis et al. (2017); Pecher et al. (2019)
2022	Perú	Co-ocurrencia con fitoplasmas 16SrIII-J	Quispe et al. (2022)
2025	EE. UU.	Detección más septentrional; propuesta *'Ca.* P. zeae'	Pellegrinetti et al. (2025)

Sintomatología

Los síntomas causados por la infección del fitoplasma MBSP incluyen: (i) clorosis intervenal y enrojecimiento/amarillamiento foliar, particularmente marcado en las nervaduras; (ii) acortamiento de entrenudos que confiere el aspecto achaparrado característico; (iii) proliferación de ramificaciones laterales en el tallo; (iv) proliferación y deformación de espigas y mazorcas, con escaso llenado de granos; y (v) reducción general del crecimiento (Bedendo et al. 1997; Pellegrinetti et al. 2025) (Figura 1.A-B). La severidad sintomática varía según la cepa del fitoplasma, el genotipo del maíz hospedante y el estado fenológico al momento de la infección. Las infecciones tempranas (estadios V1–V3) producen los síntomas más severos y las mayores pérdidas de rendimiento, entre 35% y 93% (Alvarez et al. 2014; Pellegrinetti et al. 2025). Orlovskis et al. (2017) demostraron que polimorfismos en un número reducido de posiciones del genoma del MBSP, en una lipoproteína de fase variable y en una proteína ABC de exportación, se asociaron con diferencias en la proliferación de órganos, mientras que el genotipo del maíz hospedante determina en mayor medida la necrosis, el enrojecimiento y el amarillamiento foliar. Por otro lado, MBSP posee un homólogo funcional del efector SAP11 (descripto originalmente en el fitoplasma Aster Yellows Witches'-Broom). A diferencia de SAP11-AYWB, que desestabiliza TCPs de los clados CIN y CYC/TB1 en dicotiledóneas, SAP11-MBSP actúa específicamente sobre TCPs del clado TB1/CYC en maíz, lo cual altera el desarrollo de la inflorescencia femenina e induce ramificación axilar, en lugar de afectar la panoja como hace SAP11-AYWB. Esta especialización de virulencia asociada al hospedante monocotiledóneo

aporta una base molecular concreta para el escaso llenado de granos característico del MBSP (Pecher et al. 2019).

Figura 1. (A) Síntoma de enrojecimiento y achaparramiento en planta de maíz, (B) acortamiento de entrenudos y amarillamiento en planta de maíz infectada con MBSP. (C) ejemplares de *D. maidis* alimentándose sobre

Taxonomía y sistemática

El MBSP fue inicialmente clasificado dentro del grupo 16SrI (aster yellows) y asignado al subgrupo 16SrI-B, compartiendo alta identidad del gen 16S ARNr (>99%) con '*Candidatus* Phytoplasma asteris' (Lee et al. 1993), con un perfil RFLP y filogenia característicos (Figura 2.A). Esta alta identidad de secuencia fue, durante décadas, el principal obstáculo para la descripción formal del MBSP como especie independiente. Pellegrinetti et al. (2025) propusieron la nueva especie '*Candidatus* Phytoplasma zeae', con la cepa MBSP-Brazil RS como referencia, sobre la base de cuatro líneas de evidencia: (1) especificidad de vector (exclusivamente *Dalbulus spp*., endémico de América); (2) restricción de hospedante (maíz y parientes silvestres de Zea); (3) identidad de nucleótidos promedio (ANI = 97,70–98,00%) y de aminoácidos (AAI = 96,65–96,88%) con '*Ca*. P. asteris', próximas a los umbrales de delineación de especie; y (4) polimorfismos únicos en el gen 16S ARNr y en cpn60 UT que distinguen inequívocamente a las cepas de MBSP de otras del grupo 16SrI.

Métodos de diagnóstico

El diagnóstico del MBSP evolucionó desde la microscopía electrónica y la serología hasta enfoques moleculares de alta resolución. Un enfoque ampliamente utilizado para la detección de fitoplasmas es la PCR anidada basada en los cebadores P1/Tint y R16F2n/R16R2, que genera un amplicón de ~1,2 kb del 16S ARNr analizable por RFLP *in vitro* o virtual (*i*PhyClassifier) (Lee et al. 1993). Un hito relevante fue el diseño de cebadores específicos para MBS, MBS-F1/MBS-R1, dirigidos a una secuencia

exclusiva del ADN cromosómico del fitoplasma que amplifica un producto de ~740 pb y no reacciona con otros fitoplasmas del grupo 16SrI ni con *S. kunkelii*, permitiendo una confirmación directa sin RFLP posterior (Harrison et al. 1996). Para diferenciar cepas, la secuenciación de cpn60 UT ofrece mayor resolución que el 16S ARNr (Pérez-López et al. 2016), y la secuenciación genómica completa (ONT/Illumina) permite comparaciones de genoma completo, cálculo de ANI/AAI y análisis de efectores (Orlovskis et al. 2017; Pellegrinetti et al. 2025). Ya existe además un ensayo LAMP específico para MBSP, diseñado por genómica comparativa, mostró compatibilidad con material vegetal sin extracción de ADN (Egito et al. 2024).

Genómica y filogenia

El genoma completo de la cepa brasileña del MBSP fue secuenciado por Orlovskis et al. (2017), el cual presenta un tamaño de 576 kb (Figura 2.B), con la reducción típica de los mollicutes de vida parasitaria obligada. Los mapas circulares de las nuevas cepas secuenciadas MBSP-OK (Oklahoma), MBSP-IA (Iowa) y MBSP-BR (Brasil) muestran organización conservada, con genes predominantemente ligados a almacenamiento y procesamiento de información. Los análisis filogenéticos basados en el gen 16S rRNA ubican al MBSP dentro del clado 16SrI-B, junto a otros miembros del grupo *aster yellows*; sin embargo, los análisis multigénicos y de genoma completo revelan un linaje evolutivo diferenciado dentro de ese grupo, consistente con la propuesta de nueva especie (Pellegrinetti et al. 2025).

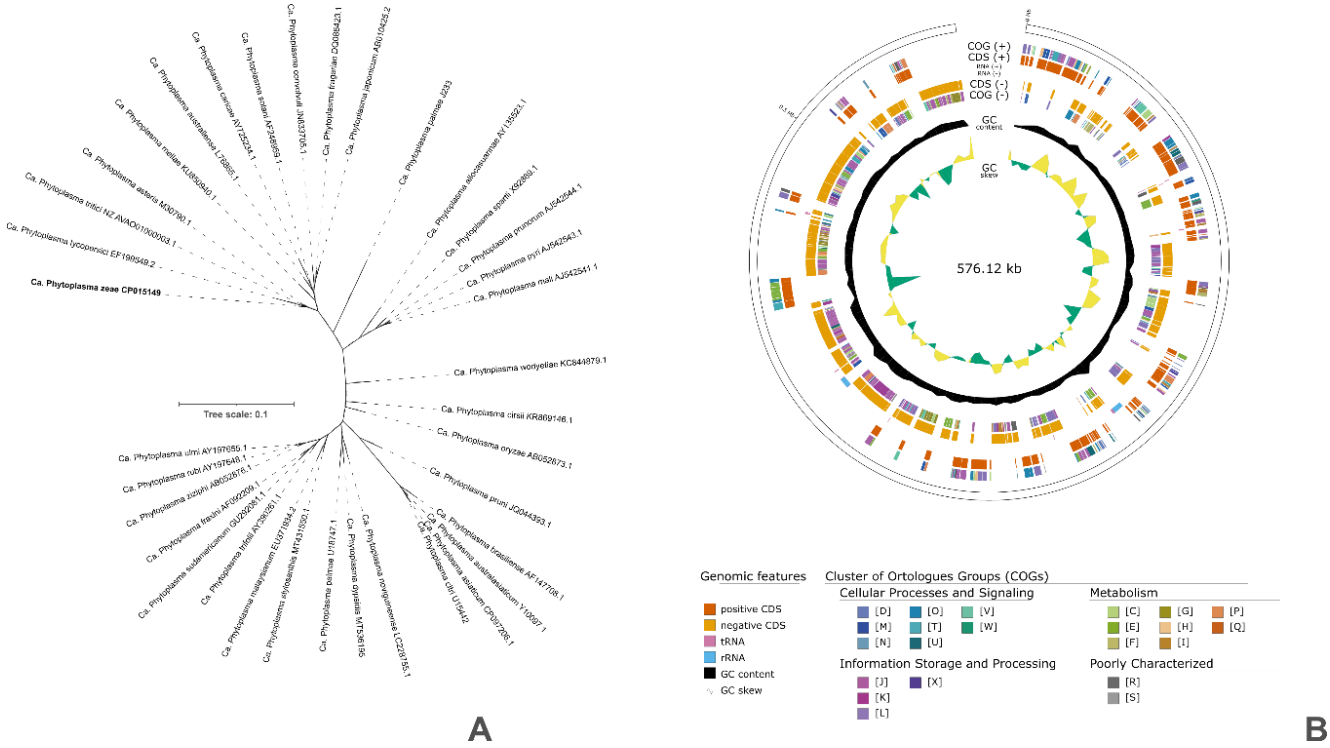

Figura 2. (A) Árbol filogenético construido con la secuencia del gen 16S rRNA (1.2 kb) en donde se muestra la posición de '*Ca*. Phytoplasma zeae' (en negrita), B) Esquema gráfico del genoma completo para la cepa representativa del '*Ca*. Phytoplasma zeae' cepa M3 (CP015149.1) en donde se indican las principales categorías de genes y su ubicación en el cromosoma.

Interacción planta-vector-patógeno

El MBSP es transmitido de forma persistente-propagativa por *D. maidis* y *D. elimatus*, siendo *D. maidis* el vector primario en toda el área de distribución de la enfermedad (Nault & DeLong 1980). La adquisición del fitoplasma requiere un mínimo aproximado de 24-48 horas de alimentación en planta infectada para completarse, aunque los ensayos experimentales suelen emplear períodos de acceso a la adquisición (AAP) de 4 a 6 días para maximizar la tasa de infección (Sabato et al. 2020). El período de latencia en el insecto (tiempo entre la adquisición y la capacidad de transmitir) fue estimado en 24,2 ± 1,9 días a 27 °C por Nault (1980), sensiblemente mayor al del CSS (19,0 ± 2,0 días) en las mismas condiciones. Sabato et al. (2020) mostraron que este período de latencia se relaciona de forma cuadrática con la temperatura, siendo inversamente proporcional entre 15 y 25 °C, con la mayor tasa de transmisión a 20-25 °C y la menor a 15 y 30 °C; además, el MBSP se transmitió con mayor eficiencia cuando fue adquirido por ninfas que por adultos. Tras superar el período de latencia, el insecto permanece infectivo de por vida, y a diferencia de otros fitoplasmas, el MBSP no se transmite transováricamente. La densidad de vectores por planta también condiciona la eficiencia de transmisión: con un período de acceso a la inoculación de 5 días, la incidencia de infección fue mayor con cinco chicharritas por planta (24,2%) que con una sola (12,3%) (Oliveira et al. 2023), dato relevante para lotes con alta presión poblacional del vector. La hipótesis de coevolución entre el MBSP, *Dalbulus spp*. y el maíz plantea que esta tríada se originó en poblaciones ancestrales de teosinte en Mesoamérica, con la domesticación del maíz como motor de la expansión geográfica del patosistema (Nault & DeLong 1980; Pellegrinetti et al. 2025), consistente con la distribución estrictamente americana del sistema y la alta especificidad de hospedante del vector.

El MBSP en Argentina: de agente secundario a componente epidémico

Argentina representa un caso de estudio paradigmático sobre la dinámica epidemiológica del complejo del achaparramiento. *D. maidis* fue reportado por primera vez en Tucumán en 1948 y el CSS fue identificado molecularmente en maíz argentino por Lenardón et al. (1993). El MBSP recibió menor atención que en México o Brasil, porque el CSS era el agente dominante en la región productiva norte del país. El primer reporte publicado de MBSP en Argentina fue realizado por Giménez-Pecci et al. (2002), quienes evaluaron la incidencia de enfermedades por Mollicutes y virus en maíz de Tucumán y Córdoba, detectando MBSP y CSS en el 70% de las muestras con síntomas marcados y en solo el 30% de las que presentaban síntomas leves. Durante los años siguientes, el grupo de investigación del IPAVE-CIAP documentó sistemáticamente la epidemiología del complejo del achaparramiento en el NOA y Córdoba, con foco predominante en CSS pero registrando la co-presencia de MBSP (Carloni et al. 2013). La distribución geográfica del CSS en Argentina se restringe principalmente al norte del paralelo 30° S, donde el clima cálido favorece tanto la multiplicación del vector como la replicación del espiroplasma.

La campaña 2023-2024 constituyó el escenario epidémico más severo registrado para el achaparramiento en Argentina. Un estudio prospectivo de Alessio y col. (2024) sobre muestras de siete provincias, con foco en Córdoba, reveló una composición inusualmente alta del complejo patogénico: el 60% de las muestras resultó positivo para MBSP, el 43% para CSS y el 29% presentó coinfecciones, con pérdidas estimadas

entre el 10% y 15% de la cosecha nacional. Estos datos no indican un reemplazo definitivo del CSS por el MBSP, sino que evidencian una marcada variabilidad temporal en la dominancia de los agentes, incluso en el mismo sistema de producción. La elevada prevalencia del fitoplasma en esa campaña subraya que la jerarquía entre patógenos no es fija y debe ser evaluada campaña a campaña y región a región. Esta dinámica refuerza la necesidad de diagnósticos moleculares que discriminen todos los agentes del complejo, en lugar de asumir un predominio permanente de uno sobre otro. Asimismo, subraya la necesidad de incorporar diagnósticos moleculares específicos para MBSP en los protocolos de monitoreo fitosanitario nacionales, dado que el diagnóstico visual no permite distinguir los agentes del complejo.

Conclusiones

En una década, el MBSP pasó de agente secundario en el complejo del achaparramiento a componente clave en Argentina (epidemia 2023-2024), y de cepa de '*Ca*. Phytoplasma asteris' a propuesta de nueva especie, '*Ca*. Phytoplasma zeae'. No obstante, persisten vacíos: la falta de diagnósticos moleculares de rutina que discriminen MBSP de CSS y MSMV en monitoreos nacionales, la escasa información sobre tiempos de adquisición y latencia en vectores locales, y la falta de datos sobre la dinámica estacional de infectividad de *D. maidis*. Se recomienda incorporar PCR específica y tipificación MLSA en la red de vigilancia, así como profundizar los estudios genómicos y de interacción planta-vector-patógeno del IPAVE-CIAP-INTA para mitigar futuros eventos epidémicos.

Referencias bibliográficas

Alessio F.I.; Bongiorno V.A.; Brandimarte S.; Quiroga M.; Torriko K.; Conci L.; Fernández F.D. (2024). ¿Es el maize bushy stunt phytoplasma (MBS) un jugador secundario en el complejo de achaparramiento del maíz? Datos de la campaña 2023-2024 en Argentina. Libro de Resúmenes del 6to Congreso Argentino de Fitopatología (AAF). Neuquén.

Alvarez E.; Mejía J.F.; Contaldo N.; Paltrinieri S.; Duduk B.; Bertaccini A. (2014). 'Candidatus Phytoplasma asteris' strains associated with oil palm lethal wilt in Colombia. Plant Disease. 98(3): 311-318.

Bolsa de Comercio de Rosario. (2024). Informe Especial Mensual Sobre Cultivos - Año XII - N° 174. Guía Estratégica para el Agro (GEA). Rosario. Disponible en: https://www.bcr.com.ar/es/mercados/gea/estimaciones-nacionales-de-produccion/estimaciones/la-primera-proyeccion-de-siembra [Accedido en: Julio de 2026].

Bascopé Quintanilla J.B. (1977). Agente causal de la llamada "raza mesa central" del achaparramiento del maíz. Tesis. Escuela Nacional de Agricultura, Colegio de Postgraduados. Chapingo, México.

Bedendo I.P.; Davis R.E.; Dally E.L. (1997). Molecular evidence for the presence of Maize bushy stunt phytoplasma in corn in Brazil. Plant Disease. 81: 957.

Carloni E.; Carpane P.; Paradell S.; Laguna I.; Gimenez Pecci M.G. (2013). Presence of Dalbulus maidis (Hemiptera: Cicadellidae) and of Spiroplasma kunkelii in the temperate region of Argentina. Journal of Economic Entomology. 106(4): 1574-1581.

Egito I.C.S.; Rodrigues Alves A.; Carvalho I.C.B.; Ferreira L.C.; Rossato M. (2024). Specific colorimetric LAMP assay for the detection of maize bushy stunt phytoplasma in corn through comparative genomics. Tropical Plant Pathology. 49: 400–412.

Fontenele R.S.; Alves-Freitas D.M.T.; Silva P.I.T.; Foresti J.; Silva P.R.; Godinho M.T.; Varsani A.; Ribeiro S.G. (2018). Discovery of the first maize-infecting mastrevirus in the Americas using a vector-enabled metagenomics approach. Archives of Virology. 163(1): 263-267.

Giménez-Pecci M.P.; Oliveira E.; Resende R.O.; Laguna I.G.; Conci L.R.; Avila A.; Herrera P.; Galdeano E.; Virla E.; Nome C.F. (2002). Ocorrência de doenças causadas por molicutes e por vírus em milho nas Províncias de Tucumán e de Córdoba na Argentina. Fitopatologia Brasileira. 27: 403–407.

Giménez-Pecci M.P.; Laguna I.G.; Lenardon S. (2012). Enfermedades del maíz producidas por Virus y Mollicutes en Argentina. INTA. Buenos Aires.

Harrison N.A.; Richardson P.A.; Tsai J.H.; Ebbert M.A.; Kramer J.B. (1996). PCR assay for detection of the phytoplasma associated with maize bushy stunt disease. Plant Disease. 80: 263–269.

Henríquez N.P.; Kenyon L.; Quiroz L. (1999). Corn stunt complex Mollicutes in Belize. Plant Disease. 83: 77.

Hodgetts J.; Chuquillangui C.; Muller G.; Arocha Y.; Gamarra D.; Pinillos O.; Velit E.; Lozada P.; Boa E.; Boonham N.; Mumford R.; Barker I.; Dickinson M. (2009). Surveys reveal the occurrence of phytoplasmas in plants at different geographical locations in Peru. Annals of Applied Biology. 155: 33–44.

Hruska A.J.; Gladstone S.M.; Obando R. (1996). Epidemic roller coaster: maize stunt disease in Nicaragua. American Entomologist. 42: 248–252.

Jones T.K.; Medina R.F. (2020). Corn stunt disease: an ideal insect–microbial–plant pathosystem for comprehensive studies of vector-borne plant diseases of corn. Plants. 9: 747–762.

Lee I.M.; Hammond R.W.; Davis R.E.; Gundersen D.E. (1993). Universal amplification and analysis of pathogen 16S rDNA for classification and identification of mycoplasmalike organisms. Phytopathology. 83: 834–842.

Lenardón S.L.; Laguna I.G.; Gordon D.T.; Truol G.A.; Gómez J.; Bradfute O.E. (1993). Identification of Corn Stunt Spiroplasma in maize from Argentina. Plant Disease. 77: 100.

Maramorosch K. (1955). Multiplication of Maize bushy stunt virus in the insect vector. Phytopathology. 45: 25.

Nault L.R. (1980). Maize bushy stunt and corn stunt: a comparison of disease symptoms, pathogen host ranges, and vectors. Phytopathology. 70: 659–662.

Nault L.R.; Bradfute O.E.; Gordon D.T. (1979). Maize virus and mycoplasma diseases in Peru. International Journal of Pest Management, *27*(3), 363-369.

Nault L.R.; DeLong D.M. (1980). Evidence for co-evolution of leafhoppers in the genus Dalbulus (Cicadellidae: Homoptera) with maize and its ancestors. Annals of the Entomological Society of America. 73: 349–353.

Oliveira, E.; Waquil J.; Fernandes F.; Paivai E.; Resende R.; KITAJIMA E. (1998). Enfezamento palido e enfezamento vermelho na cultura do milho no Brasil Central. Fitopatología Brasileira 23 (1):45–4.

Oliveira C.M.D.; de Oliveira Sabato E.; Barros B.A. (2023). Natural infectivity of Dalbulus maidis populations and incidence of corn stunt and virus diseases in maize over time. Tropical Plant Pathology. 48(5): 575-580.

Orlovskis Z.; Canale M.C.; Haryono M.; Lopes J.R.S.; Kuo C.H.; Hogenhout S.A. (2017). A few sequence polymorphisms among isolates of Maize bushy stunt phytoplasma associate with organ proliferation symptoms of infected maize plants. Annals of Botany. 119: 869–884.

Pecher P.; Moro G.; Canale M.C.; Hogenhout S.A. (2019). Phytoplasma SAP11 effector destabilization of TCP transcription factors differentially impact development and defence of Arabidopsis versus maize. PLoS Pathogens. 15: e1008035.

Pellegrinetti T.A.; Molligan J.; Santos A.A.; Pérez-López E. (2025). 'Candidatus Phytoplasma zeae': community-driven delineation of the maize bushy stunt phytoplasma, a Dalbulus-transmitted corn pathogen confined to the Americas. bioRxiv 2025.08.28.671991 [Preprint].

Pérez-López E.; Luna-Rodríguez M.; Olivier C.Y.; Dumonceaux T.J. (2016). Maize bushy stunt phytoplasma affects native corn at high elevations in Southeast Mexico. European Journal of Plant Pathology. 146: 169–181.

Presello, D. A.; Giménez, F. J.; Ferraguti, F. J. (2022). La producción de maz en Argentina. ACI Avances en Ciencias e Ingenieras, 14(1) (vid. págs. 4, 5).

Quispe R.E.; Casas-Llanos F.; Saavedra C.; Cuellar W.J.; Gutiérrez D. (2022). Diverse phytoplasmas associated with maize bushy stunt disease in Peru. European Journal of Plant Pathology. 162: 407–419.

Sabato E.O.; Landau E.C.; Barros B.A.; Oliveira C.M. (2020). Differential transmission of phytoplasma and spiroplasma to maize caused by variation in the environmental temperature in Brazil. European Journal of Plant Pathology. 157: 163–171.

Vilanova, E. S.; Ramos A.; Souza de Oliveira M.C.; Esteves M.; Gonçalves M.; Lopes J. (2022). First report of a mastrevirus (Geminiviridae) transmitted by the corn leafhopper. Plant Disease 106 (5): 1330–1333. Doi:10.1094/PDIS-09-21-1882-SC