



**UNIVERSIDAD MICHOACANA
DE SAN NICOLÁS DE HIDALGO**



**FACULTAD DE INGENIERÍA EN TECNOLOGÍA DE LA MADERA
MAESTRÍA EN CIENCIAS Y TECNOLOGÍA DE LA MADERA**

**“AISLAMIENTO DE RIZOBACTERIAS DE
ORIGEN FORESTAL QUE PROMUEVAN EL
DESARROLLO VEGETAL MEDIANTE
MECANISMOS DIRECTOS E INDIRECTOS”**

Tesis

Como requisito para la obtención del grado de:

Maestro en Ciencias y Tecnología de la Madera

Presenta:

Biol. Jesús De Sinaí Avalos Montes

Director y codirectora:

D. C. Crisanto Velázquez Becerra

D. C. Mariela Gómez Romero

Sinodales:

M. C. Abril Munro Rojas

D. C. Jorge Enrique Ambriz Parra

D. C. José Cruz de León

Morelia, Michoacán, abril 2026.



**Maestría en Ciencias
y
Tecnología de la Madera**

**A pesar de las adversidades, me sigue sorprendiendo la belleza en la
complejidad de las cosas... que, a pesar de lo difícil que pueda ponerse el
panorama afuera, se encuentran y se adquieren herramientas para salir de
ahí... y cuando menos te lo esperas, después de mucho trabajo duro, saliste
adelante.
Eres capaz de lograrlo.**

Agradecimientos

Es gracias al apoyo y cariño de muchas personas que acompañaron durante este proceso, que resulta difícil comenzar a mencionarlas. Definitivamente, la primera persona que viene a mi mente que debo agradecer es a la Dra. Mariela Gómez Romero, a quien le tengo mucho respeto y admiración, sus constantes palabras de motivación y apoyo en la búsqueda del posgrado, fueron clave. Al Dr. Crisanto Velázquez Becerra, quien, sin conocerme previamente, me abrió las puertas de su laboratorio y que, a pesar de las dificultades que se presentaron durante el primer año del posgrado, acompañó, guió y brindó apoyo, máximo respeto por eso.

Agradezco a la SeCiHTI, ya que, sin el apoyo, difícilmente hubiera logrado realizar este posgrado que no hizo más que llenarme de aprendizajes y conocimientos, así como al Posgrado en Ciencias y Tecnología de la Madera, que fue un posgrado que siempre me hizo sentir formar parte y arropado, por la calidez y dedicación de su personal. Mismo caso de los miembros de mi comité sinodal, quienes estuvieron para resolver dudas, para orientar, e incluso para dar alguna palabra de apoyo, muchas gracias a cada uno.

Gracias a los compañeros del laboratorio, con los que aprendí muchísimo. Gracias al Dr. José López Bucio por el apoyo y espacio en la cámara de crecimiento de su laboratorio, que fue fundamental para el proyecto. Gracias a aquellas amistades que acompañaron, que aportaron confianza y ayudaron en los momentos en los que había que ser pacientes; a mi familia, primxs, hermana, cuñado, a mi papá y a mi mamá, su amor es importante y son de lo que más valoro. Gracias a mi novia, quien estuvo y acompañó en momentos de mucho estrés y presión.

Gracias a todas aquellas personas que creyeron en mí alguna vez, a los que creyeron en mí incluso cuando yo no lo estaba haciendo, los llevo en mi corazón.

CONTENIDO

Resumen.....	6
Abstract.....	6
1. INTRODUCCIÓN.....	7
1.1. Importancia de especies forestales	7
1.2. Estrategias de las plantas en su establecimiento	8
1.3. Microorganismos que facilitan el establecimiento de las plantas	9
1.4. Aislamiento de microorganismos de la rizósfera	10
2. ANTECEDENTES	12
2.1. Especies forestales y rizobacterias.....	12
2.3. Rizobacterias y sus efectos en la promoción del crecimiento vegetal	14
3. JUSTIFICACIÓN	17
4. OBJETIVOS	18
4.1. Objetivo general	18
4.2. Objetivos específicos.....	18
5. MATERIALES Y MÉTODOS	19
5.1. Obtención y aislamiento de bacterias	19
5.1.1. Recolecta de raíces <i>in situ</i>	19
5.1.2. Dilución de muestras y aislamiento de colonias bacterianas puras.....	19
5.2. Tinción Gram.....	20
5.3. Identificación de mecanismos PGPR.....	21
5.3.1. Inhibición de agentes patógenos	21
5.3.2. Secreción de fitohormonas	23
5.3.3. Sensibilidad a antibióticos.....	23
5.4. Análisis estadísticos	24
6. RESULTADOS	25
6.1. Obtención y aislamiento de bacterias	25
6.2. Tinción Gram.....	26
6.3. Identificación de mecanismos PGPR.....	27
6.3.1. Inhibición de agentes patógenos	27
6.3.2. Secreción de fitohormonas	29
6.3.3. Sensibilidad a antibióticos.....	30
6.4. Bacterias que mostraron mecanismos PGPR.....	31
7. DISCUSIÓN.....	33
7.1. Obtención y aislamiento de rizobacterias	33
7.2. Tinción Gram.....	33
7.3. Identificación de Mecanismos PGPR.....	34
7.3.1. Inhibición de agentes patógenos	34

7.3.2.	Secreción de fitohormonas	35
7.3.3.	Sensibilidad a antibióticos.....	36
8.	CONCLUSIONES	37
9.	LITERATURA CITADA	38
10.	ANEXOS	42
	Anexo 1. Catálogo complemento de la tabla 4, de cultivo dual con <i>A. thaliana</i>	42
	Anexo 2. Comparación de efectos, complemento de la tabla 4.	43
	Anexo 3. Conteo de raíces laterales y pelos radiculares, complemento de la tabla 4. ..	44
	Anexo 4. Catalogo del experimento de las bacterias con <i>Aspergillus</i>	45
	Anexo 5. Catalogo del experimento de las bacterias con <i>Fusarium</i>	46
	Anexo 6. Catalogo del experimento de las bacterias con <i>Trametes</i>	47
	Anexo 7. Parámetros de sensibilidad a antibióticos de donde se extrajo información de la tabla 6.	48

ÍNDICE DE TABLAS Y FIGURAS

Tabla 1.	Descripción y coordenadas de los árboles recolectados.	19
Figura 1.	Esquema del procesamiento de raíces.	20
Figura 2.	Montaje del experimento de cultivo dual bacteria-hongo.	22
Figura 3.	Esquema del experimento en cultivo dual bacteria-planta.	23
Figura 4.	Esquema del experimento de sensibilidad a antibióticos.	24
Figura 5.	Catalogo del total de bacterias obtenidas.	25
Tabla 2.	Recopilación de resultados de tinción Gram en rizobacterias.	26
Figura 6.	Ejemplo de tinción Gram positiva y negativa.	26
Tabla 3.	Diámetro promedio del crecimiento de los hongos <i>Aspergillus</i> , <i>Fusarium</i> y <i>Trametes</i> en presencia de las 28 rizobacterias.	27
Tabla 4.	Valores promedio de <i>A. thaliana</i> en presencia/ausencia de rizobacterias.	29
Tabla 5.	Halos de inhibición en bacterias y el rango al que pertenecen de acuerdo con CLSI.	30
Tabla 6.	Categorías de sensibilidad de formación de halos.	31
Tabla 7.	Rizobacterias que mostraron valores deseables por arriba del control (+) en los tratamientos, valores similares al control (n) y los valores que fueron negativos (-) en el desarrollo de <i>A. thaliana</i>	32

Resumen

Los bosques enfrentan amenazas críticas que los vulnera a estrés y desequilibrios ecológicos. Ante esto, las rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR) representan una estrategia para favorecer la resiliencia vegetal. Debido a la escasa exploración que se ha realizado sobre la rizósfera de especies forestales, y sus efectos a nivel especie-específico, resulta necesario aislar e identificar PGPR de origen forestal. Para esto, se realizó una exploración de muestras de raíces de *Fraxinus uhdei* y de *Abies religiosa*, de un grosor menor a un centímetro y de 20 cm de longitud. El aislamiento bacteriano se realizó mediante la fragmentación de la raíz, que se colocaron en tubos de ensaye con solución salina, se realizaron diluciones seriadas en agua destilada estéril. Se inoculó una placa Petri (con agar nutritivo) de cada uno de los tubos de la dilución. Posteriormente se seleccionaron y realizaron resiembras de las comunidades bacterianas hasta obtener colonias puras. De las veintiocho bacterias obtenidas, se realizaron experimentos con la finalidad de encontrar actividad PGPR, como inhibición de patógenos, mediante cultivo dual con los hongos *Aspergillus*, *Fusarium* y *Trametes*; ensayo de producción de fitohormonas, a través del cultivo dual con *Arabidopsis thaliana*, se evaluó la elongación de raíz principal, densidad de raíces laterales y pelos radiculares. Por último, se testeó sensibilidad a antibióticos, como indicador de resistencia de las bacterias. Se aislaron veintiocho bacterias, veintiún de ellas cumplieron satisfactoriamente en alguna de las pruebas, y once de ellas tuvieron valores superiores y estadísticamente significativos en la promoción del crecimiento vegetal.

Palabras clave: PGPR, Mecanismos PGPR, *Arabidopsis thaliana*, Rizobacterias, Microbiología.

Abstract

Forests face critical threats that increase their vulnerability to stress and ecological imbalances. In this context, plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) represent a key strategy for enhancing plant resilience. Due to the limited exploration of the rhizosphere of forest species and the species-specific effects of PGPR, it is necessary to isolate and identify forest-origin PGPR. Root samples from *Fraxinus uhdei* and *Abies religiosa* (less than 1 cm thick and 20 cm long) were collected for bacterial isolation. Roots were fragmented and placed in test tubes with saline solution, followed by serial dilutions in sterile distilled water. Each dilution was inoculated onto nutrient agar plates. Bacterial colonies were selected and repeatedly cultured until pure isolates were obtained. Thus, 28 bacteria were isolated, and to identify PGPR mechanisms, the experiments were measured by pathogen inhibition, with dual culture with *Aspergillus*, *Fusarium*, and *Trametes*; to evaluate phytohormone production, co-culture with *Arabidopsis thaliana* were made, measuring primary root elongation, lateral root density and root hair development; moreover, antibiotic sensitivity tests to assess bacterial resistance. Twenty-eight bacterial strains were isolated, twenty-one showed positive results in at least one assay, and eleven demonstrated statistically significant and superior plant growth promotion capabilities.

Key words: PGPR, PGPR mechanisms, *Arabidopsis thaliana*, Rhizobacteria, Microbiology

1. INTRODUCCIÓN

1.1. Importancia de especies forestales

Los bosques del mundo enfrentan la necesidad de adaptarse a escenarios que amenazan sus hábitats, consecuencia del cambio climático, al cual está vinculado el aumento en la duración y frecuencia de eventos de sequía. El cambio climático y las incesantes actividades humanas, han llevado a desequilibrios y problemas ecológicos y ambientales. Estos desequilibrios provocan que las masas forestales sean mayormente susceptibles a estrés de origen biótico, como daños provocados por animales (desde invertebrados terrestres hasta mamíferos o aves) o por distintos patógenos (bacterias, hongos y virus) (Álvarez-Mandini *et al.* 2020, Halofsky *et al.* 2020, Kumari *et al.* 2024).

En México, los recursos forestales (maderables y no maderables) son económica y ambientalmente fundamentales, ya que el país cuenta con una superficie de 6,078,986 hectáreas bajo manejo forestal autorizado, con una superficie de 146,409 ha para el estado de Michoacán; la industria forestal aporta significativamente al producto interno bruto del país, ya que la madera es un material lignocelulósico y, por su naturaleza, es un recurso renovable y energéticamente eficiente, en comparación con distintos materiales, y se emplea en distintas aristas como en la construcción, producción de papel, cartón y combustible (Dávalos-Sotelo 1996, SEMARNAT 2018).

Por otro lado, el manejo forestal y la agricultura, tienen la necesidad de prácticas sostenibles y más amigables con la ecología del suelo, resulta importante desentrañar la influencia de la biota que en éste se encuentra y cómo puede influir en el crecimiento de las comunidades vegetales. Ya que en el suelo existen factores bióticos y abióticos que ejercen un impacto en las plantas, los efectos pueden estar relacionados con la fertilidad del suelo, sus características físicas y químicas, así como el contenido de materia orgánica, pH, textura, profundidad y la capacidad de retención de agua; características que generan patrones de respuesta en el desarrollo de las plantas (Aeron *et al.* 2011).

Además, debido a las amenazas que enfrenta el mundo por los efectos del cambio climático, resulta necesario buscar estrategias que puedan incrementar la resistencia de las plantas al incremento de escenarios originados por el estrés por sequía, salinidad, toxicidad por metales pesados, acidez del suelo y temperaturas extremas (Getahun *et al.* 2020). Se cree que la sequía cubre aproximadamente el 41% de la superficie terrestre (Reynolds *et al.* 2007) y podría incrementar por arriba del 50% de las tierras de cultivo, es así que podría causar una pérdida del 50% en el rendimiento de los cultivos (Kasim *et al.* 2013). La variación del entorno afecta directamente la fenología de la vegetación, el metabolismo fisiológico y a los patrones de distribución (Lai *et al.* 2023).

1.2. Estrategias de las plantas en su establecimiento

La adaptación de las plantas a las diversas condiciones ambientales alrededor del mundo, ha convertido a su crecimiento y desarrollo en un área de investigación importante de estudio para entender la eficiencia en el uso y adquisición de agua y nutrientes (Abbas *et al.* 2022). Los organismos vegetales han desarrollado adaptaciones moleculares, celulares y fisiológicas para mitigar diferentes situaciones de estrés.

Debido a la naturaleza sésil de las plantas, han desarrollado respuestas diversas y complejas frente a diferentes estímulos impuestos por organismos vivos, como patógenos y herbívoros. Estas respuestas para combatir o mitigar el impacto a distintos escenarios de estrés, abarcan mecanismos de reconocimiento, activación de diferentes sistemas de defensa, y la coordinación de señales químicas. Es imperativo la selección de estrategias y especies para diseñar protocolos de propagación, con el fin de mejorar el éxito en el establecimiento de las plantas y reducir esfuerzos vanos, lo que representa entender diferentes procesos de las plantas, como su fenología reproductiva, mecanismos de dispersión de propágulos, desarrollo de sus plántulas y su dinámica conforme a su crecimiento en relación a su entorno (Axelsson *et al.* 2021, Kumari *et al.* 2024).

Las raíces de las plantas son cruciales para el establecimiento y crecimiento, ya que absorben agua y nutrientes, anclan las plantas al suelo e interactúan con distintos organismos en la rizósfera, la plasticidad y arreglo del sistema radicular puede mejorar la capacidad de una planta para aprovechar los recursos (Abbas *et al.* 2022).

El suelo, que es uno de los requerimientos esenciales para el establecimiento de la mayoría de las plantas, es un entorno heterogéneo y bastante cambiante, que, en cuanto a sus características físico-químicas, los microorganismos que prosperan, se encuentran limitados a ciertas condiciones de microhábitats. *E. g.*, microorganismos adheridos a agregados en el suelo (libres de raíces) es conocido como detritosfera, y en los nichos proporcionados por raíces, recibe el nombre de rizósfera, donde las raíces pueden alterar las propiedades físicas (niveles de oxígeno, agregación y contenido de agua) y químicas (pH, suministro de carbono) del suelo (Lopes *et al.* 2018). Lo que diferencia a la rizósfera del suelo sin cobertura vegetal, es la abundancia de compuestos de carbono de bajo peso molecular (Dennis *et al.* 2010).

Respecto al estrés por sequía, suele acarrear consigo una disminución de la diversidad microbiana del suelo, al igual que se ve comprometida la fertilidad y la competencia por nutrientes. Por estas condiciones, se requieren medidas de intervención que utilicen microbios benéficos, que sean tolerantes a escenarios más secos y puedan conferir a las plantas de ventajas adaptativas (Getahun *et al.* 2020).

La microflora que compone la rizósfera, está conformada en gran parte de diversos elementos liberados por las plantas (e. g. exudados, residuos celulares, mucílagos). Por esto, las plantas son el factor de mayor peso en la configuración y enriquecimiento del microbioma de la rizósfera, como fuerza impulsora de la regulación de la diversidad y la actividad microbiana en las inmediaciones de las raíces de las plantas. Además, diferentes especies de plantas albergan comunidades microbianas específicas, aun cuando crecen en el mismo suelo o condiciones (Shu *et al.* 2019, Nobarinezhad & Wallace 2023).

1.3. Microorganismos que facilitan el establecimiento de las plantas

El constante dinamismo que existe en el suelo, no sólo se ve determinado por las plantas, o de sus propiedades fisicoquímicas, sino también de la salud microbiológica. El uso de microorganismos ha ganado popularidad como un proceso de biorremediación (Pizarro-Tobías *et al.* 2014). La coexistencia de las plantas y bacterias ha desarrollado eventos de simbiosis que pueden mejorar la salud, el crecimiento y la productividad de las plantas, que, a su vez, las raíces liberan azúcares, ácidos orgánicos y vitaminas, que son utilizados como nutrientes o señales para atraer bacterias (Ortiz-Castro *et al.* 2019).

Las rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal o PGPR (*Plant Growth Promoting Rhizobacteria*) se localizan en la rizósfera, espacio compartido de suelo y raíces. Las raíces son un componente esencial que influye en la biología y ecología del suelo, estas actúan como sustrato y aportan energía para que se lleven a cabo procesos microbianos, esto puede generar cambios biológicos, químicos y físicos en los suelos, las PGPRs promueven el crecimiento vegetal mediante distintos mecanismos (Gregory *et al.* 2013, Mairhofer *et al.* 2015, Biswas *et al.* 2024).

De acuerdo con Kloeppel *et al.* 1980, las PGPRs son bacterias de vida libre presentes en el suelo que colonizan de forma agresiva la rizósfera/raíces de las plantas y, cuando se aplican a semillas o cultivos, mejoran el crecimiento y rendimiento de las plantas. Vessey en 2003 complementa con que las PGPRs mejoran el crecimiento y rendimiento de las plantas de manera directa o indirecta. Los mecanismos directos: (i) fijación de nitrógeno; (ii) solubilización de fósforo; (iii) quelación de hierro mediante la producción de sideróforos; (iv) producción de fitohormonas como auxinas (ácido indolacético (AIA)), citocininas, giberelinas; (v) reducción de la concentración de etileno. Mientras que los mecanismos indirectos incluyen: (i) producción de antibióticos; (ii) agotamiento del hierro en la rizósfera; (iii) síntesis de metabolitos antifúngicos; (iv) producción de enzimas líticas de pared celular fúngica; (v) competencia por sitios en las raíces; (vi) inducción de resistencia sistémica (Abbasi *et al.* 2011).

Las raíces de las plantas suelen estar colonizadas por comunidades bacterianas específicas, que interactúan mediante los exudados y señales químicas. Algunas rizobacterias producen exometabolitos, que pueden ser tóxicos para un gran número de organismos, entre ellos, algunos patógenos que pueden ser transmitidos por el suelo. Estos compuestos pueden proveer de protección contra depredadores menores, como insectos e infecciones microbianas. Los metabolitos secundarios, estimulados por situaciones de defensa, debido a intervención de patógenos, se denominan fitoalexinas, las cuales incluyen compuestos como isoflavonoides, terpenos, alcaloides y poliacetilenos (Jousset *et al.* 2008, Joch *et al.* 2017, Böttger *et al.* 2018).

Las PGPRs pueden secretar una amplia gama de metabolitos secundarios, pueden ser antifúngicos de bajo peso molecular, antibióticos, hidrolasas y celulasas para ayudar a las plantas a resistir estrés; la aplicación de PGPRs puede regular la flora del suelo, retrasar la acidificación, aumentar la tasa de conversión de nutrientes para facilitar su absorción y así lograr el efecto de estimulación de crecimiento de manera indirecta, o bien, de manera similar, algunas PGPRs también secretan hormonas vegetales como ácido indolacético (AIA) para estimular el crecimiento vegetal (Zhang *et al.* 2024).

El proceso de selección de cepas bacterianas es importante para su éxito y para obtener su desarrollo como agentes biofertilizantes, ya que el rendimiento de las PGPRs se encuentra limitado por factores abióticos como la temperatura, humedad, y el pH del suelo. Es así que la búsqueda de PGPR adecuadas y competentes para la rizósfera de los organismos de interés, se vuelve un reto, ya que podría presentarse una incompatibilidad entre bacteria-planta. Entender y encontrar especies compatibles, podría provocar que logre utilizarse como inóculos en ensayos de biotecnología en distintas áreas como agricultura, silvicultura y la restauración ecológica (Getahun *et al.* 2020).

1.4. Aislamiento de microorganismos de la rizósfera

El suelo es un ecosistema muy complejo, debido a su amplia diversidad y a la estructura de sus comunidades, la mayoría de su biodiversidad microbiológica permanece sin cultivar bajo condiciones controladas de laboratorio, (Arshad *et al.* 2022). Los estudios de las comunidades microbianas del suelo, han hecho avanzar el conocimiento en que está enriquecido con microorganismos, los cuales son capaces de promover la salud y el crecimiento de las plantas, sin embargo, se sabe poco sobre la ecología evolutiva de sus poblaciones bacterianas específicas que habitan en el suelo (Lopes *et al.* 2018).

Las comunidades bacterianas asociadas a las raíces (rizobacterias), suelen diferir de las comunidades sobre el suelo, lo que sugiere que el suelo puede servir como un

reservorio bacteriano común para el microbiota vegetal subterránea y aérea. Sin embargo, el conocimiento sobre las comunidades microbianas superpuestas (tanto de bacterias como de hongos) presenta una extensa área de oportunidad para su exploración, ya que, entre la filósfera y rizósfera, se desempeña un papel importante en la ecología, la evolución, y en la promoción del crecimiento y salud de las plantas (Bao *et al.* 2020).

Dado que las especies vegetales difieren entre sí (*e. g.* sus ciclos de vida), existen variaciones en la cantidad y calidad de sus aportes a nivel subterráneo, la estructura de sus comunidades microbianas de la rizósfera, puede presentar características distintivas en su composición y diversidad. Los intercambios químicos que propician las plantas, pueden variar según la edad y la etapa de desarrollo de los organismos vegetales, asimismo, varían entre especies e incluso entre diferentes genotipos de la misma especie (Nobarinezhad & Wallace 2023).

Las PGPR deben ser capaces de proliferar y colonizar eficientemente la rizósfera. Los enfoques proactivos de manipulación de comunidades microbianas en experimentos controlados, ayudan a comprender los roles funcionales del microbioma en la configuración de las propiedades del suelo y la rizósfera. Sin embargo, la introducción de rizobacterias foráneas también puede tener impactos no dirigidos en el funcionamiento del ecosistema (nicho microbiano alterado, ciclo de nutrientes, transferencia horizontal de genes, polinización, patógenos vegetales), cuyas consecuencias están en gran parte inexploradas (Grupta *et al.* 2025).

Debido a los efectos de los fertilizantes químicos sobre el medio ambiente, los biofertilizantes representan un aliado para la agricultura orgánica, las PGPRs se consideran uno de los componentes más importantes de los biofertilizantes, son una opción económica, ecológica y accesible, y podrían utilizarse para la estabilidad de la producción agrícola sostenible (Kumari *et al.* 2018).

2. ANTECEDENTES

2.1. Especies forestales y rizobacterias

Con un 16.3% de la superficie del país, los bosques templados son el tipo de ecosistema forestal de mayor extensión en México, de sur a norte, en las regiones altas y relativamente frías del país; pueden categorizarse en bosques de latifoliadas (5.7%), bosques de coníferas (4%) y bosques mixtos (6.6%) (Arasa-Gisbet *et al.* 2018). Los bosques de oyamel o abeto, comprenden aproximadamente 0.15% de la superficie del país. Estos bosques se ven severamente afectados y amenazados por acciones por un mal manejo forestal, cambio ilegal del uso de suelo, crecimiento poblacional y cambio climático, además, el oyamel *Abies religiosa* (Kunth) Schldtl. & Cham. requiere de condiciones específicas de temperatura y humedad. Las masas forestales más densas de la especie se encuentran entre 2,400 y 3,600 msnm, ubicados en el Cinturón Volcánico Transmexicano y Sierra Madre del Sur (Palacio-Prieto *et al.* 2000, Rzedowski 2006, Montoya *et al.* 2020).

Los bosques de *A. religiosa* en el centro de México, proporcionan, no sólo beneficios económicos, como proveer de madera valiosa (utilizada en la fabricación de diversos productos); también ecológicos, culturales, estéticos y recreativos a más de 20 millones de habitantes, además, desempeñan protección contra la erosión del suelo, la captación de agua y la regulación de la escorrentía, absorción y retención del agua de lluvia (Benavides-Meza *et al.* 2011, Navarro-Sandoval *et al.* 2013).

En México, el fresno (*Fraxinus uhdei* (Wenz.) Lingelsh. de la familia Oleaceae, se distribuye principalmente desde Sinaloa y Monterrey, se encuentra en zonas templadas cálidas, con una distribución limitada en las selvas tropicales y al sur se encuentra hasta Costa Rica, (Oldfield *et al.* 2017, Guo *et al.* 2025). Es la única especie del género que se encuentra en estado silvestre que forma parte del bosque de galería, bosque mixto de Pino-Encino y bosque mesófilo de montaña. Su madera es empleada en realizar artesanías, juguetes, instrumentos musicales y muebles finos, y por su follaje caducifolio condicionado, es muy usado como ornato en ciudades y parques principalmente en el centro del país (CONABIO 2011).

Los estudios que se han realizado de PGPRs en interacción con gimnospermas, ha sido mayormente enfocado a los géneros *Araucaria*, *Picea* (abeto), *Pinus*, *Pseudotsuga* (abeto de Douglas) y *Tsuga*, debido a su importancia, tanto económica como ecológica; se encuentran en muchas regiones del mundo, y, a menudo, se asocian con varios tipos de bacterias conocidas como PGPR durante etapas primarias de desarrollo de plántulas. El creciente cultivo de gimnospermas, puede traducirse en mayores niveles de enfermedades en las plantas, y en una mayor aplicación de fertilizantes y pesticidas industriales, esto implica menores rendimientos a largo plazo y aumento en los precios generales de la madera (Cardoso *et al.* 2011).

En Barriuso *et al.* 2005, se realizó un aislado bacteriano de la micorrizósfera de poblaciones adultas silvestres de *Pinus pinaster* Aiton y *P. pinea* L. (reforestadas hace 30 años), y de la micósfera de *Lactarius deliciosus* (Fries) S.F. Gray asociada, en la Sierra de Aracena en el suroeste de España. Cuyas características fisicoquímicas del suelo fueron de una textura 55%–10%–35% (arena: arcilla: limo), de pH 6.62, C orgánico 2.13%, nitrógeno 713.8 ppm, fósforo disponible 17.04 ppm y hierro 197.8 ppm. Las bacterias Gram positivas predominaron en ambos ambientes; en la micorrizósfera fueron más abundantes los bacilos formadores de esporas, mientras que las bacterias no formadoras de esporas prevalecieron en la micósfera.

Los experimentos realizados hasta la fecha, no han podido determinar en qué grado los aislados pueden causar diferentes efectos en sus hospedantes originales en comparación con otros. Algunas PGPR aisladas en las rizósferas de *P. taeda* y *P. caribea* var. *Hondurensis*, los cuales mostraron mayor desempeño en *P. taeda*. Algunas incompatibilidades presentadas, pudieron deberse de la competencia con el microbiota nativo de su rizósfera, a la dinámica del inóculo o las concentraciones de células (Cardoso *et al.* 2011).

2.2. Suelo, raíces y organismos rizosféricos

La recuperación natural del suelo después de una perturbación, suele ser lenta, es por eso que se han desarrollado técnicas de biorremediación mediante el uso combinado de microorganismos con plantas, con el fin de acelerar la recuperación de las propiedades del suelo, aumentar la biomasa microbiana y propiciar condiciones para la recolonización de las plantas (rizorremediación) (Pizarro-Tobías *et al.* 2014).

La microflora rizosférica se ve afectada por la pudrición de la raíz, conforme al trabajo realizado por Shu *et al.* 2019, la microflora rizosférica en árboles de aguacate afectados por pudrición de la raíz, mostró un metabolismo mejorado de carbohidratos, lípidos y aminoácidos en las bacterias, mientras que lo que respecta a las vías de transporte, los mapas globales y generales, la metabolización del carbono y el procesamiento de información genética y ambiental, mostraron mayor rendimiento en presencia de hongos.

De acuerdo con Lopes *et al.* 2018, en el suelo, *Pseudomonas* es un género de amplia distribución que alberga especies de bacterias objetivo, con potencial para estudios de genómica comparativa, que podrían ayudar a comprender la ecología de una población bacteriana en hábitats del suelo. Además, muchas especies de *Pseudomonas*, especialmente aquellas en el complejo *P. fluorescens*, contienen cepas capaces de sustentar el desarrollo y turgencia vegetal, mientras que *Pseudomonas koreensis* es un subgrupo estrechamente relacionado dentro del complejo *P. fluorescens*, que contiene cepas capaces de suprimir enfermedades de las plantas y ayudar en la biorremediación del suelo.

Una cualidad de las PGPRs, es su capacidad de producir ácido indol acético (AIA) y de disolver al fosfato. Estas capacidades se encontraron en bacterias del género *Pseudomonas* aisladas de la rizósfera de *Pinus roxburghii*. El aislado *Pseudomonas aeruginosa* PN1 fue un buen promotor de crecimiento para esta planta hospedante y demostró una fuerte quimiotaxis hacia sus exudados radiculares (Cardoso *et al.* 2011).

En un estudio de Liu y colaboradores (2016) se aislaron bacterias asociadas a nódulos y rizósfera de *Oryza glaberrima*; aislaron 337 bacterias asociadas a nódulos. De las cuales, 220 se clasificaron como rizobios, conforme al análisis de secuencias del gen 16S rRNA, agrupadas en 15 cepas de los géneros *Rhizobium*, *Mesorhizobium* y *Burkholderia*. La distribución de los rizobios, fue aislada con mayor frecuencia *Rizhobium*, seguido por *Mesorhizobium* (encontrado entre 5-15 m de distancia de árboles adultos) y el género *Bukholderia*. Por otro lado, se trataron las bacterias en búsqueda de actividad antifúngica contra *Fusarium oxysporum*. De lo cual, se obtuvieron 23 aislados que mostraron con dicha actividad, 22 fueron identificados como *Burkholderia* y uno como *Pseudomonas*.

Algunas características que distinguen las PGPRs de las demás bacterias, son su capacidad de colonizar la superficie de las raíces y que, mediante su propagación y competencia con los demás microorganismos, propician condiciones que promueven el crecimiento de las plantas, a través de varios procesos, que se podrían clasificar por la función que pueden ejercer la PGPR a la rizósfera, como actividad biofertilizante, fitoestimulante, de rizorremediación y actividad biopesticida (Ikbal *et al.* 2024).

La inhibición de la actividad enzimática en suelos tratados con antibióticos puede inhibir el crecimiento o provocar la muerte de microorganismos sensibles, por otro lado, otros microorganismos pueden desarrollar un aumento de la actividad enzimática, que, debido a la presión de antibióticos, genera en algunas bacterias la capacidad de subsistir al utilizar a los antibióticos como fuente de carbono (Cycoñ *et al.* 2019).

2.3. Rizobacterias y sus efectos en la promoción del crecimiento vegetal

Conforme a la revolución orgánica “Eco-friendly”, es preciso buscar estrategias sobre el establecimiento de las especies forestales, donde sea posible restaurar las condiciones edáficas mediante la introducción de insumos bioorgánicos, que no comprometan el rendimiento del suelo, como son las PGPR. Las comunidades vegetales están en constante interacción con diferentes grupos de organismos, incluido el rizomicrobioma; donde las PGPRs ayudan a mantener la salud de las plantas en condiciones normales y de estrés (Biswas *et al.* 2024).

Algunas cepas de PGPR, se ha demostrado que promueven la tolerancia a la sequía mediante distintos procesos fisiológicos, bioquímicos, moleculares, nutricionales, metabólicos y celulares interconectados; esto se puede traducir en mayor crecimiento, elongación de las raíces, producción o inhibición de fitohormonas y producción de

compuestos orgánicos volátiles (VOC). Distintas especies y cepas de *Bacillus spp.* emiten VOC bacterianos, las cuales desempeñan funciones importantes en las interacciones planta-microbio y afectan positivamente el crecimiento de las plantas y la respuesta de tolerancia al estrés abiótico, como la sequía, la salinidad y la deficiencia de minerales (Chieb & Gachomo 2023, Barghi & Jung 2024).

Las bacterias de biocontrol *Pseudomonas fluorescens* WCS365 y *P. chlororaphis* PCL1391, fueron aplicadas a plántulas de tomate (*Solanum lycopersicum*), junto con el hongo patógeno Forl (*Fusarium oxysporum radicle-lycopersici*), aplicado al suelo, se encontró que estos ocupan los mismos sitios en la raíz del tomate, principalmente en las uniones entre células. Los microorganismos en el suelo facilitan la obtención de nitrógeno y otros nutrientes a una planta. Por otra parte, las plantas pueden alterar la rizósfera mediante la liberación de metabolitos secundarios que puedan atraer o inhibir el crecimiento de microorganismos específicos. Además, la rizósfera se encuentra constantemente sujeta a la fluctuación en la concentración de sal, pH, potencial osmótico, potencial hídrico y la estructura de las partículas del suelo, esto en una escala temporal corta (Pliego *et al.* 2011).

López-Bucio *et al.* en 2007, examinaron el impacto de *B. megaterium* en el crecimiento y desarrollo radicular. La inoculación inhibió el crecimiento de la raíz principal, pero aumentó las raíces laterales y la longitud de los pelos radiculares. El análisis celular reveló que la inhibición se debió a una menor elongación y proliferación celular en el meristemo radicular. Se evaluaron mutantes de *A. thaliana* para comprender el papel de las vías de auxinas y etileno en estos cambios, lo que se tradujo en un aumento en su producción de biomasa tras la inoculación.

En López-Bucio *et al.* 2009, se observó que *Bacillus megaterium* UMCV1 genera alteraciones y modula el crecimiento de la raíz de *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. y un decrecimiento en el número de células meristemáticas; por otro lado, producen compuestos similares a auxinas y etileno, que pueden afectar el crecimiento de las plantas; detectaron un incremento en el gen de la b-glucoronidasa, esto generó aumento en la actividad de genes indicadores de auxinas, lo que generó un incremento en las raíces laterales; esto sugiere una redistribución de auxinas que promueve su crecimiento.

B. megaterium tiene un efecto promotor significativo en la arquitectura del sistema radicular de *A. thaliana*, al aumentar la formación de raíces laterales, elongar pelos radiculares y aumento notable en la ramificación. Además, sus experimentos sugieren que la ruta de señalización de citocininas es esencial para estas respuestas, como lo demuestra la respuesta alterada en las mutantes de citocininas y la mayor expresión del marcador ARR5 (Ortiz-Castro *et al.* 2019).

Zhang *et al.* 2024, aislaron las rizobacterias FJS-3 *Burkholderia pyromania* (GDMCC No.62432), FJS-7 *Pseudomonas rhodesiae*, and FJS-16 *Pseudomonas baetica* (GDMCC No.62433) de la rizósfera de té verde (*Camelia sinensis*), las cuales tuvieron (en conjunto) un desarrollo del diámetro del tallo 41.03% por encima del control, y un tallo 12.17% más alto, y al inocular en plántulas de tabaco, FJS-3 *B. pyromania* presentó un efecto de altura de la planta, peso radicular y peso fresco 25.56%, 24.77% y 21.21% por arriba del tratamiento control.

Se ha empleado el cultivo de distintos microorganismos en co-presencia con plantas de *Arabidopsis thaliana*, lo que ha permitido comprender en profundidad los mecanismos moleculares mediante los cuales las plantas responden a la interacción de *Arabidopsis* con otras bacterias, como *Azospirillum*, por ejemplo. El pequeño tamaño de *Arabidopsis* permite su crecimiento en placas de Petri inclinadas durante períodos de hasta 15 días, se puede tener observación detallada del sistema radicular; raíz primaria, raíces laterales y pelos radiculares con la ayuda de un microscopio estereoscópico (Pelagio-Flores *et al.* 2025).

Debido a las diversas ventajas experimentales que brindan los cultivos con la planta modelo *Arabidopsis thaliana* en comparación con especies cultivadas de interés agrícola o forestal, debido a su tamaño, ciclo de vida corto y su idoneidad para el cultivo en condiciones *in vitro* en laboratorio. La convierten en una de las estrategias más sencillas para brindar información sobre mecanismos moleculares y fisiológicos conforme a la inoculación microbiana, para observar cómo modula su crecimiento y su desarrollo (Ortiz-Castro *et al.* 2009).

3. JUSTIFICACIÓN

Debido al incremento en el uso de PGPRs que puedan ayudar a la germinación y establecimiento de distintas especies vegetales, y a que la mayoría se han aislado de especies de cultivo o ciclos de vida cortos, se requiere de estudios que logren aislar rizobacterias de rizosferas forestales. De esta manera, resulta indispensable realizar una exploración en favor de obtener aislados bacterianos que puedan conferir de ventajas adaptativas a especies arbóreas de bosque templado, ya que ha sido un área poco explorada hasta el momento. Además, lograr aislar microorganismos que logren fungir como PGPR de organismos arbóreos, como *A. religiosa* y *F. uhdei*, puede proporcionar una oportunidad más amigable con el medio ambiente para realizar distintos análisis con enfoques biotecnológicos y ecológicos del sector forestal en el futuro.

4. OBJETIVOS

4.1. Objetivo general

Obtener rizobacterias de origen forestal y explorar si cuentan con mecanismos directos e indirectos de promoción de desarrollo vegetal PGPR.

4.2. Objetivos específicos

- Aislar bacterias rizosféricas de *A. religiosa* y de *F. uhdei*.
- Identificar mediante prueba de tinción de Gram a los aislados bacterianos obtenidos.
- Ensayar los mecanismos directos PGPR sobre el modelo *A. thaliana* (producción de fitohormonas).
- Ensayar mecanismos indirectos PGPR en las bacterias aisladas (inhibición de fitopatógenos y sensibilidad a antibióticos).

5. MATERIALES Y MÉTODOS

Para el presente estudio, se realizó una serie de procedimientos que abarcan desde el muestreo de raíces *in situ*, la obtención de microorganismos bacterianos de interés, y posteriormente se realizaron pruebas en búsqueda de obtener colonias bacterianas que puedan presentar algún mecanismo de promoción del desarrollo vegetal mediante la interacción de las rizobacterias en presencia de la planta tipo *A. thaliana*, hongos fitopatógenos del género *Aspergillus*, *Fusarium* y *Trametes*, además de un ensayo de sensibilidad a antibióticos.

5.1. Obtención y aislamiento de bacterias

5.1.1. Recolecta de raíces *in situ*

Se recolectaron raíces (de aproximadamente veinte centímetros de longitud) de un individuo de fresno (*Fraxinus uhdei*), dentro de las instalaciones de Ciudad Universitaria de la UMSNH, y una muestra de raíz de oyamel (*Abies religiosa*) ubicado a un costado de la localidad Felipe Tzintzun (La mesa), municipio de Salvador Escalante, Michoacán, al suroeste de la ciudad de Morelia. La toma de muestras se realizó mediante la excavación a pie de cada árbol, en búsqueda de raíces secundarias de un diámetro <1 cm; la manipulación de la muestra se realizó con pinzas esterilizadas, guantes y cubrebocas, para reducir riesgos de contaminación, y se colocaron las muestras en bolsas de cierre hermético tipo ziploc, para su posterior traslado al laboratorio.

Tabla 1. Descripción de los árboles donde se recolectó a las raíces de oyamel (*A. religiosa*) y fresno (*F. uhdei*) y coordenadas de individuos.

Individuo	Altura (m)	DAP (cm)	Coordenadas
Oyamel	12	19.74	19.389431 -101.533924
Fresno	13	24.2	19.689081 -101.205442

5.1.2. Dilución de muestras y aislamiento de colonias bacterianas puras

Posterior a su recolección, las raíces fueron almacenadas y procesadas en el Laboratorio de Microbiología de la Madera, de la Facultad de Ingeniería en Tecnología de la Madera en la UMSNH. Donde se desarrollaron las especies cultivables mediante técnicas microbiológicas de dilución.

La muestra de raíz correspondiente al árbol (~20cm de longitud) se fragmentó en cuatro submuestras (~5cm), posteriormente se colocaron en tubos de ensayo de 10 ml con solución salina de grado médico con amikacina a una concentración de **0.996 mg/ml**. (una ampolla de 500/2 mg/ml, diluida en 500 ml de solución salina) para reducir la competencia con microorganismos no deseados. Las cuatro submuestras

de raíz se colocaron en tubos de ensaye con sol. sal. para agitarse en una mezcladora (JEIOTECH Mod: CMS-350) por un periodo de una hora a 130 rpm.

Posterior al mezclado, se extrajeron las submuestras de raíz para colocarse en placas de Petri con agar nutritivo (AN), asimismo, del tubo de ensaye, se extrajo con una micropipeta, lo correspondiente a un mililitro (1 ml) de sol. sal., que se vertió en un nuevo tubo de ensaye, que previamente contaba con 9 ml de agua destilada, se agitó manualmente por un minuto, y se extrajo nuevamente un mililitro para otro tubo de ensaye, así consecutivamente hasta tener en total 7 diluciones por submuestra, adicionalmente, se vertió un mililitro de la solución de cada tubo de ensaye para verterse en placas de Petri con AN (figura 1), de las 36 placas de Petri, se seleccionaron y aislaron hongos y bacterias de las colonias con morfologías distintas, posteriormente se resembraron hasta la obtención de cultivos puros.

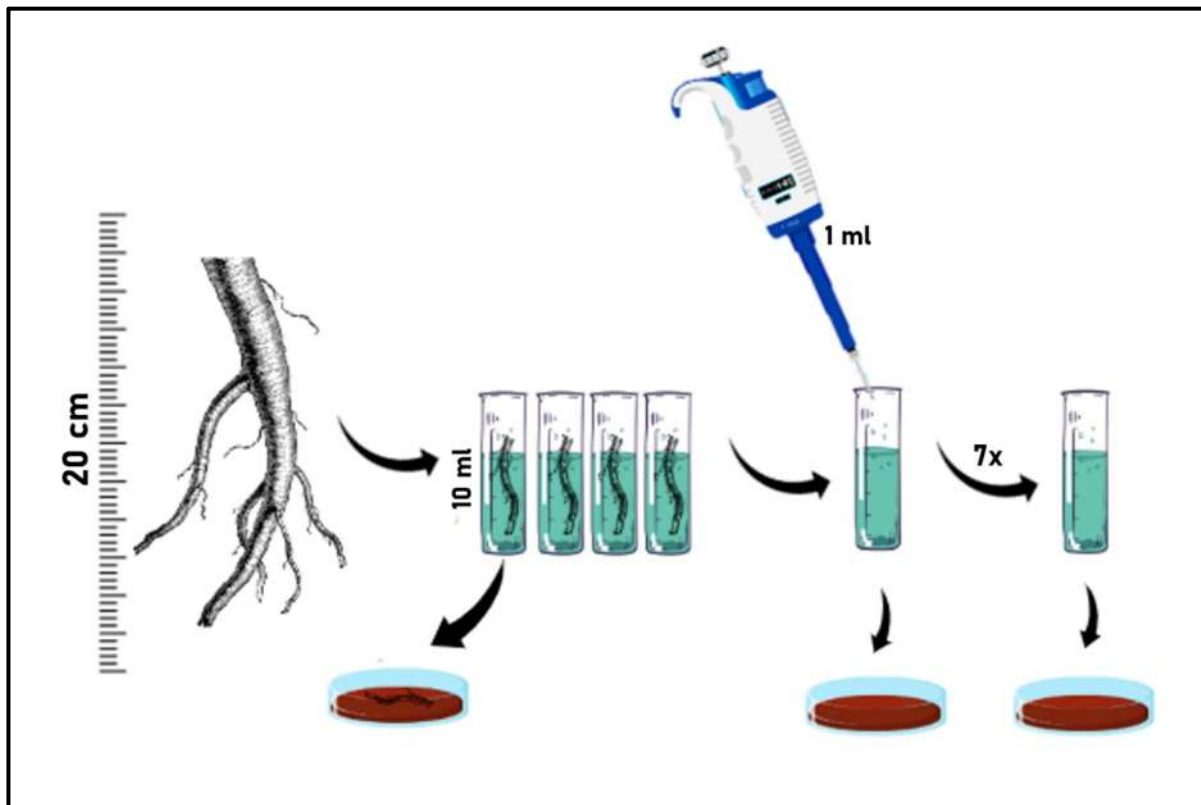


Figura 1. Esquema del procesamiento de raíces, segmentación y dilución en sol. sal. para el cultivo en placas Petri.

5.2. Tinción Gram

La tinción de Gram fue utilizada para diferenciar las bacterias aisladas en dos grupos principales: Gram positivas y Gram negativas. Para dichas pruebas, se obtuvo por donación de la Facultad de Biología de la UMSNH, los reactivos necesarios como cristal violeta, yodo Lugol y safranina, además, se utilizó alcohol como decolorante.

Se realizó un frotis sobre un portaobjetos limpio, una vez seco, se pasó el portaobjetos sobre la flama de un mechero de alcohol para la fijación de las bacterias a la superficie; se añadió cristal violeta, y pasado un minuto se enjuagó suavemente con agua destilada para eliminar excedentes del colorante: posteriormente se aplicó yodo Lugol sobre el frotis por un minuto y se eliminó el exceso con agua destilada. Para decolorar, se vertió alcohol etílico al 96% de manera controlada (de diez a quince segundos) hasta que el colorante dejó de salir, se lavó inmediatamente con agua destilada para detener la decoloración. Por último, se agregó safranina y después de transcurrido un minuto, se enjuagó cuidadosamente y para después secar el portaobjetos, cubrirlo y se observó bajo el microscopio óptico con ayuda de aceite de inmersión (100x).

5.3. Identificación de mecanismos PGPR

Para identificar si las bacterias aisladas cuentan con alguna actividad que pueda considerarse como un mecanismo PGPR, se realizaron distintas pruebas como i) experimentos de cultivo dual con hongos fitopatógenos (con *Trametes sp.*, *Aspergillus sp.* y *Fusarium sp.*) en favor de detectar patrones de inhibición; además, ii) se realizaron ensayos de cultivo dual con *Arabidopsis thaliana* col-0 para observar e identificar el efecto que podrían ejercer sobre organismos vegetales, y iii) se realizaron ensayos de sensibilidad a antibióticos por método Kirby-Bauer.

5.3.1. Inhibición de agentes patógenos

Se realizaron cultivos duales *in vitro* de las 28 colonias bacterianas obtenidas, en co-presencia de hongos fitopatógenos, con el propósito de reconocer algún efecto antagónico, con presencia de colonias del género *Trametes*, *Fusarium* y *Aspergillus*, cepas que fueron aisladas en el Laboratorio de Microbiología de la Madera (UMSNH).

Para los experimentos con *Fusarium* y *Aspergillus*, se realizó un barrido con el asa bacteriológica en los extremos externos del hongo en cuestión, para posteriormente colocar el barrido en un tubo de ensaye con 5 ml de agua destilada estéril, se agitó por 30 segundos y posteriormente se inoculó con una gota en el centro de uno de los costados de las cajas Petri (de 5.4 cm de diámetro), con AN como medio de cultivo, posteriormente, se realizó el estriado de las 28 bacterias con tres réplicas por bacteria y tres réplicas del control (figura 2).

Se realizó la medición del desarrollo fúngico conforme al diámetro mayor y diámetro menor de la colonia de los hongos cada 24 h, hasta que el desarrollo de los tratamientos control hiciera contacto con dos de los bordes de la caja Petri, y se fotografió al organismo que se consideró mayormente representativo de cada réplica triplicada.

Para detectar actividad antagónica de las bacterias con el hongo del género *Trametes* *in vitro*, se inocularon tres réplicas por bacteria en placas Petri de 5.4 cm de diámetro

con medio de cultivo AN. Posteriormente, se extrajo una muestra micelial, en forma de bloque, del borde de una colonia de siete días de crecimiento y se colocó en las placas Petri con el estriado bacteriológico y tres tratamientos control.

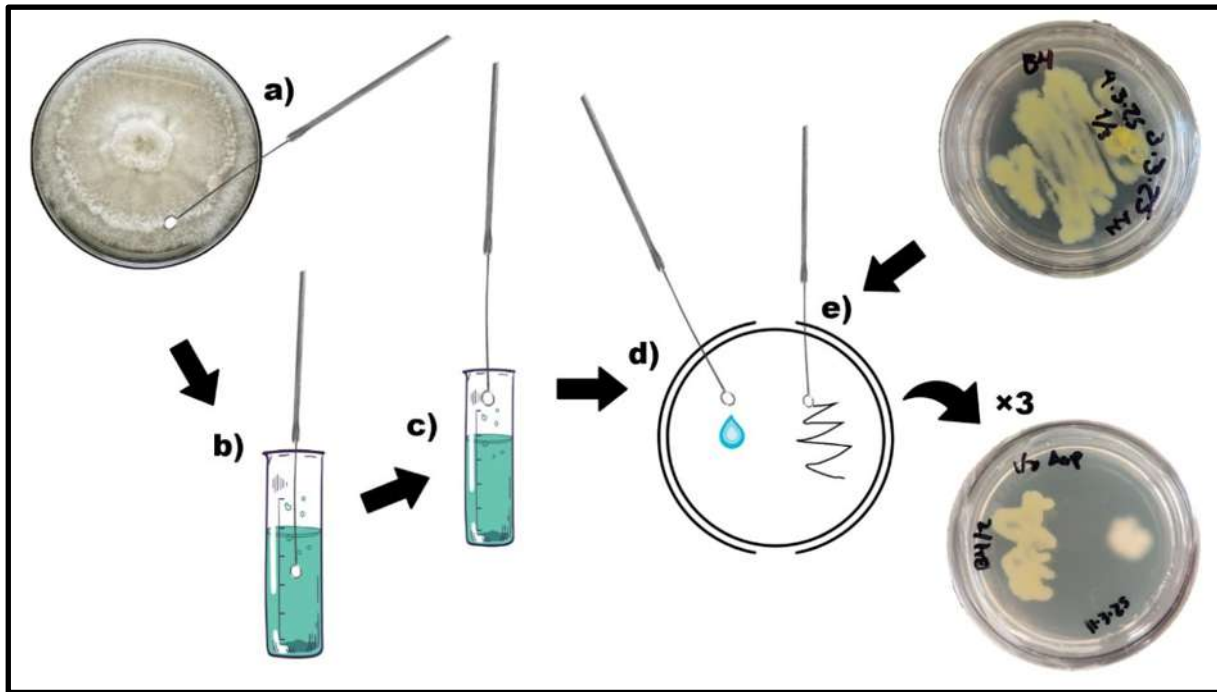


Figura 2. Montaje del experimento de cultivo dual bacteria-hongo; **a)** barrido con asa del hongo, **b)** adición del barrido a 5 ml de agua destilada estéril, **c)** toma de muestra del agua con asa, **d)** adición de una gota a cada placa Petri y **e)** adición de cada una de las 28 bacterias (réplicas triplicadas) a placas Petri.

Las placas de AN inoculadas con el cultivo dual, así como con los fitopatógenos solos (control), se mantuvieron en una cámara de crecimiento con una temperatura controlada (a 25 °C), hasta que el desarrollo colonial de los hongos control hiciera contacto con al menos dos bordes de la placa. El efecto antagónico se detectó midiendo el crecimiento radial de los hongos en placas control y tras la interacción con las cepas bacterianas seleccionadas.

La tasa de inhibición del crecimiento micelial se calculó mediante la fórmula:

$$\% \text{ de Inhibición del hongo} = \frac{(Dc - Db)}{Db} \times 100$$

Donde *Dc* representa el diámetro del crecimiento del hongo en tratamiento control, y *Db* el diámetro del crecimiento del hongo en presencia de bacterias.

5.3.2. Secreción de fitohormonas

Para el cultivo dual con la planta tipo *Arabidopsis*, se utilizaron semillas de *A. thaliana* Col-0, las cuales fueron donadas por el Laboratorio de Biología del Desarrollo Vegetal, del Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas de la UMSNH. Se desinfectaron superficialmente en alcohol al 70%, por tres minutos, posteriormente se extrajo el alcohol y se enjuagaron las semillas con agua destilada estéril, después se adicionó cloro de grado comercial en el vial Eppendorf diluido al 10% en agua destilada, durante 10 minutos, luego se enjuagó cinco veces con agua destilada estéril y se pusieron a estratificar a 4°C durante tres días para romper la latencia.

Se colocaron 10 semillas de *A. thaliana* con ayuda de una micropipeta en placas Petri, las cuales contenían como medio de cultivo medio MS (Murashige & Skoog 1962) (0.88 g sal MS, 6 g de sacarosa y 10 g de Phytigel con un pH ajustado a 5.8) con 28 bacterias aisladas y un tratamiento control (con cuatro réplicas) (figura 3), una vez selladas las placas con film, se colocaron verticalmente en una cámara de crecimiento a 25 °C, con un fotoperiodo de 16/8 h de luz/oscuridad.

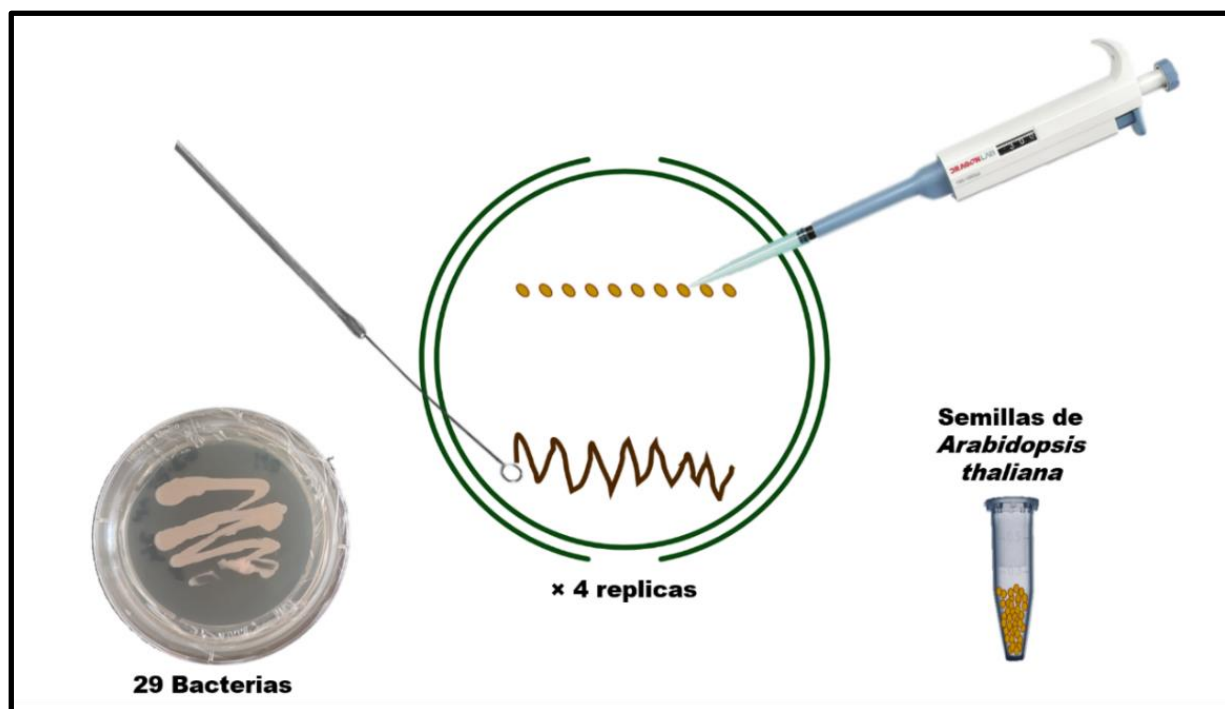


Figura 3. Esquema del montaje del experimento en cultivo dual bacteria-planta con cada una de las 28 bacterias aisladas y un control (con cuatro réplicas por tratamiento).

5.3.3. Sensibilidad a antibióticos

Para los ensayos de estudio de sensibilidad a antibióticos, se realizó una variación del método de difusión de discos (método Kirby-Bauer), que consistió del cultivo de las 28 bacterias en agar nutritivo, adicionadas con multidiscos con antibióticos para bacterias

Gram positivas (en color azul) y Gram negativas (en color rojo) modelo Multibac Serie 2, de Investigación Diagnóstica, se agregó un blanco de agua destilada estéril con papel filtro en el centro de la caja Petri (figura 4). Posteriormente se sellaron las cajas con plástico film y se colocaron en una cámara de crecimiento y se monitoreó la formación de halos alrededor de cada disco durante 5 días posteriores. Se tomaron fotografías y se midió el diámetro de inhibición (en caso de haber) mediante el programa ImageJ. Para la interpretación de los datos, se consideraron los valores reportados por el proveedor, basados en los establecidos por el *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI) que estipulan tres categorías: Sensible (S), Intermedio (I) y Resistentes (R). Además, de acuerdo con las normas establecidas por el CLSI, el diámetro de inhibición de 30 a 35 mm es indicativo de una cepa altamente sensible, mientras que diámetros de zona de inhibición inferiores a 15 mm representan cepas resistentes.

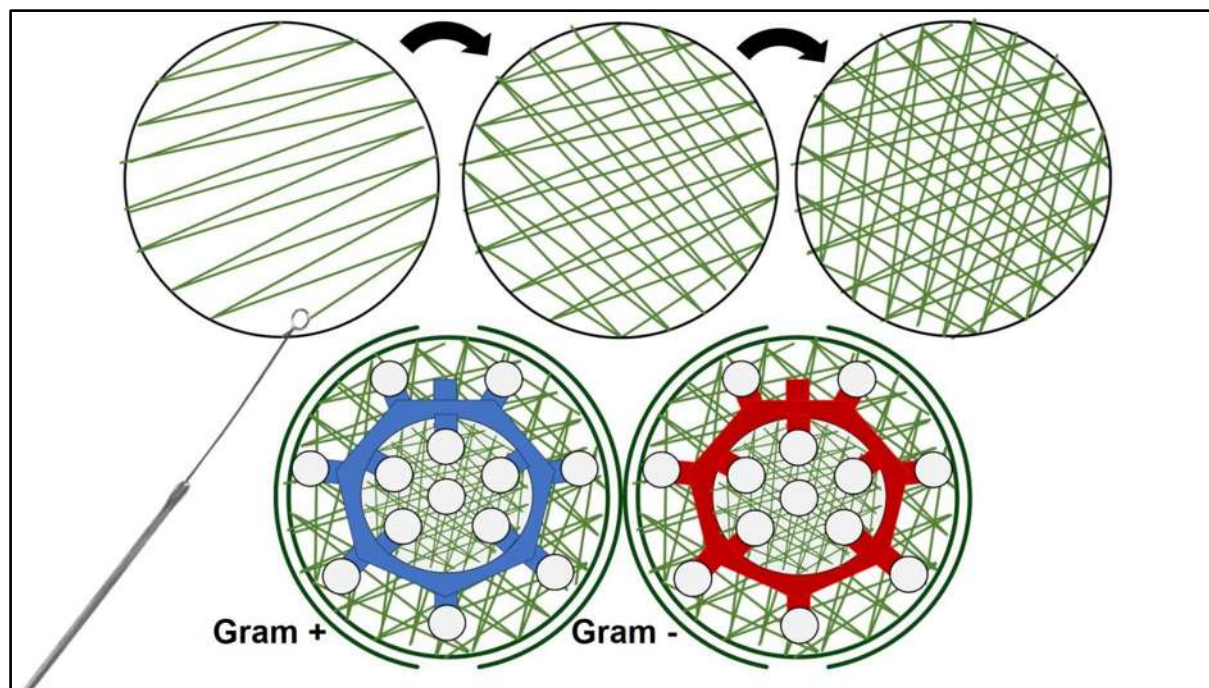


Figura 4. Esquema de montaje de experimento de sensibilidad a antibióticos con multidiscos de antibióticos para bacterias Gram positivo (azul) y Gram negativo (rojo).

5.4. Análisis estadísticos

Para los datos obtenidos de los experimentos de cultivo dual en presencia de hongos fitopatógenos (*Aspergillus*, *Fusarium* y *Trametes*) y el experimento de *A. thaliana*, se realizaron pruebas no paramétricas de Kruskal-Wallis, para posteriormente realizar prueba *post hoc* de Dunnett, la cual ayuda a comparar todos los tratamientos contra un grupo control. Mientras que, para los resultados de sensibilidad a antibióticos, se cotejó el diámetro de inhibición de bacterias a los sensidiscos y se comparó con las categorías de inhibición determinadas.

6. RESULTADOS

6.1. Obtención y aislamiento de bacterias (*Aislar bacterias rizosféricas de A. religiosa y de F. uhdei*)

Después del proceso de dilución de los tubos de ensayo de las rizobacterias, y posterior a resiembras consecutivas, se lograron aislar un total de 29 morfos de colonias bacterianas. Se aislaron 13 bacterias correspondientes a la rizósfera de *F. uhdei*, mientras que 16 bacterias correspondieron al escrutinio de *A. religiosa*. Al momento de contar con las colonias, se procedió a tener un stock constante de tres réplicas por bacteria, con resiembras cada 15 días, ya que dichas réplicas, fueron destinadas para el montaje de los experimentos posteriores, sin embargo, la bacteria B26 presentó dificultades para su resiembra, previo a los experimentos de inhibición de patógenos, secreción de fitohormonas y sensibilidad a antibióticos, razón por la cual será excluida en las pruebas posteriores.

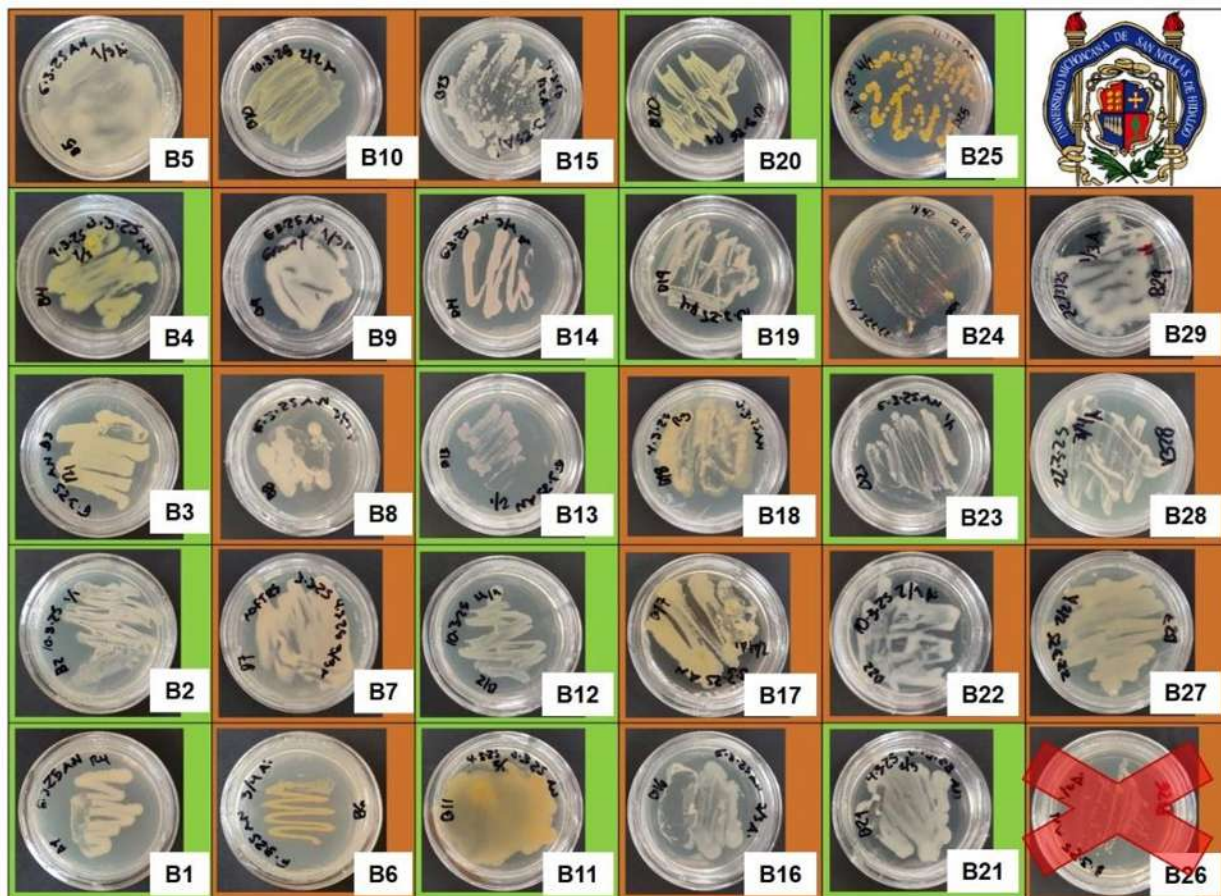


Figura 5. Catalogo del total de bacterias obtenidas en los ensayos de aislamiento de colonias puras, de origen rizosférico de fresno (en verde) y de la raíz de oyamel (color café).

6.2. Tinción Gram (*Identificar mediante prueba de tinción de Gram a los aislados bacterianos obtenidos*)

Gracias al donativo de los reactivos cristal violeta, yodo Lugol y safranina, por parte de los laboratorios de docencia de la Facultad de Biología de la UMSNH, se logró realizar pruebas de tinción Gram sobre las bacterias aisladas, 13 de ellas resultaron con una tinción de tonos morados (Gram positivas), lo que significa que las otras 15 bacterias fueron Gram negativo (tonalidades rosadas) (tabla 2, figura 6).

Tabla 2. Recopilación de resultados de tinción Gram en rizobacterias.

Bacteria	Gram	Bacteria	Gram
B1	+	B15	+
B2	-	B16	-
B3	+	B17	+
B4	+	B18	-
B5	-	B19	-
B6	-	B20	-
B7	-	B21	+
B8	-	B22	-
B9	+	B23	-
B10	+	B24	+
B11	-	B25	-
B12	+	B27	+
B13	+	B28	-
B14	-	B29	+



Figura 6. Ejemplo de tinción Gram positiva y negativa.

6.3. Identificación de mecanismos PGPR

6.3.1. Inhibición de agentes patógenos (*Ensayar mecanismos indirectos PGPR en las bacterias aisladas*)

Durante cultivo dual *in vitro* de las 28 bacterias y tratamientos control (el hongo sin bacteria). Se exploró si alguna de las rizobacterias presenta algún efecto inhibitorio en el desarrollo de hongos de colonias fúngicas de los géneros *Trametes*, *Fusarium* y *Aspergillus*. Los análisis estadísticos de crecimiento y porcentaje de inhibición, se hicieron con los datos obtenidos a las 72 h.

Tabla 3. Diámetro promedio del crecimiento ($\pm$ desviación estándar) de los hongos *Aspergillus*, *Fusarium* y *Trametes* en presencia de las 28 rizobacterias con réplicas triplicadas.

Tratamiento	<i>Aspergillus</i>	<i>Fusarium</i>	<i>Trametes</i>
C	2.7 $\pm$ 0.26 a	3.37 $\pm$ 0.5	3.2 $\pm$ 1.02 a
B1	2.01 $\pm$ 0.15 b	3.4 $\pm$ 0.79	2.59 $\pm$ 0.37 a
B2	1.67 $\pm$ 0.1 b***	3.11 $\pm$ 0.19	2.72 $\pm$ 0.15 a
B3	1.85 $\pm$ 0.08 b**	3.51 $\pm$ 0.09	2.79 $\pm$ 0.01 a
B4	2.23 $\pm$ 0.3 a	3.41 $\pm$ 0.09	3.04 $\pm$ 0.3 a
B5	2.15 $\pm$ 0.35 a	3.12 $\pm$ 0.36	1.88 $\pm$ 0.14 a
B6	1.78 $\pm$ 0.17 b**	3.32 $\pm$ 0.11	2.74 $\pm$ 0.55 a
B7	2 $\pm$ 0.4 b	3.22 $\pm$ 0.01	1.83 $\pm$ 0.46 a
B8	1.8 $\pm$ 0.05 b**	3.11 $\pm$ 0.12	2.32 $\pm$ 0.25 a
B9	1.88 $\pm$ 0.2 b**	3.09 $\pm$ 0.26	1.82 $\pm$ 0.38 a
B10	1.9 $\pm$ 0.36 b**	3.16 $\pm$ 0.16	2.66 $\pm$ 0.19 a
B11	2.25 $\pm$ 0.2 a	2.88 $\pm$ 0.14	2.09 $\pm$ 0.69 a
B12	1.85 $\pm$ 0.21 b**	3.08 $\pm$ 0.07	2.01 $\pm$ 0.25 a
B13	1.9 $\pm$ 0.08 b**	3.19 $\pm$ 0.19	2.67 $\pm$ 0.31 a
B14	2.11 $\pm$ 0.37 a	3.37 $\pm$ 0.1	2.75 $\pm$ 0.06 a
B15	2.03 $\pm$ 0.23 b	3.34 $\pm$ 0.13	2.32 $\pm$ 0.12 a
B16	1.8 $\pm$ 0.15 b**	3.21 $\pm$ 0.12	2.15 $\pm$ 0.2 a
B17	2.71 $\pm$ 0.88 a	3.21 $\pm$ 0.18	1.49 $\pm$ 0.18 b
B18	1.67 $\pm$ 0.16 b***	3.19 $\pm$ 0.14	2.99 $\pm$ 0.22 a
B19	1.87 $\pm$ 0.07 b**	3.14 $\pm$ 0.15	2.41 $\pm$ 0.11 a
B20	1.7 $\pm$ 0.01 b***	3.25 $\pm$ 0.26	1.84 $\pm$ 0.33 a
B21	1.85 $\pm$ 0.08 b**	3.48 $\pm$ 0.07	2.57 $\pm$ 0.34 a
B22	2.13 $\pm$ 0.38 a	3.53 $\pm$ 0.05	1.44 $\pm$ 0.21 b
B23	1.83 $\pm$ 0.18 b**	3.23 $\pm$ 0.12	2.42 $\pm$ 0.16 a
B24	2.07 $\pm$ 0.07 b	2.89 $\pm$ 0.05	2.39 $\pm$ 0.18 a
B25	2.03 $\pm$ 0.16 b	3.06 $\pm$ 0.27	2.34 $\pm$ 0.1 a
B27	2.44 $\pm$ 0.14 b**	3.48 $\pm$ 0.46	4.01 $\pm$ 0.05 a
B28	1.65 $\pm$ 0.38 b***	3.73 $\pm$ 0.05	2.74 $\pm$ 0.41 a
B29	1.59 $\pm$ 0.55 b***	3.68 $\pm$ 0.49	1.24 $\pm$ 0.42 b**

Prueba Dunett Post Hoc 2-sided. Diferencias significativas $b = p < 0.05$, $b^{**} = p < 0.009$ y $b^{***} = p < 0.0009$.

El procesamiento se realizó sobre los diámetros promedio del crecimiento colonial fúngico ($\text{Diámetro promedio} = (\text{Diámetro mayor} + \text{diámetro menor}) \div 2$), se realizaron pruebas no paramétricas de Kruskal-Wallis mediante el programa Statist (tabla 3). Donde el experimento con el hongo *Fusarium*, ninguna bacteria mostró tener alguna diferencia estadísticamente significativa, mientras que con *Aspergillus*, 22 bacterias fueron estadísticamente significativas en la influencia del desarrollo del hongo. Mientras que con el hongo *Trametes*, sólo las bacterias B17, B22 y B29 fueron estadísticamente significativas con respecto al control.

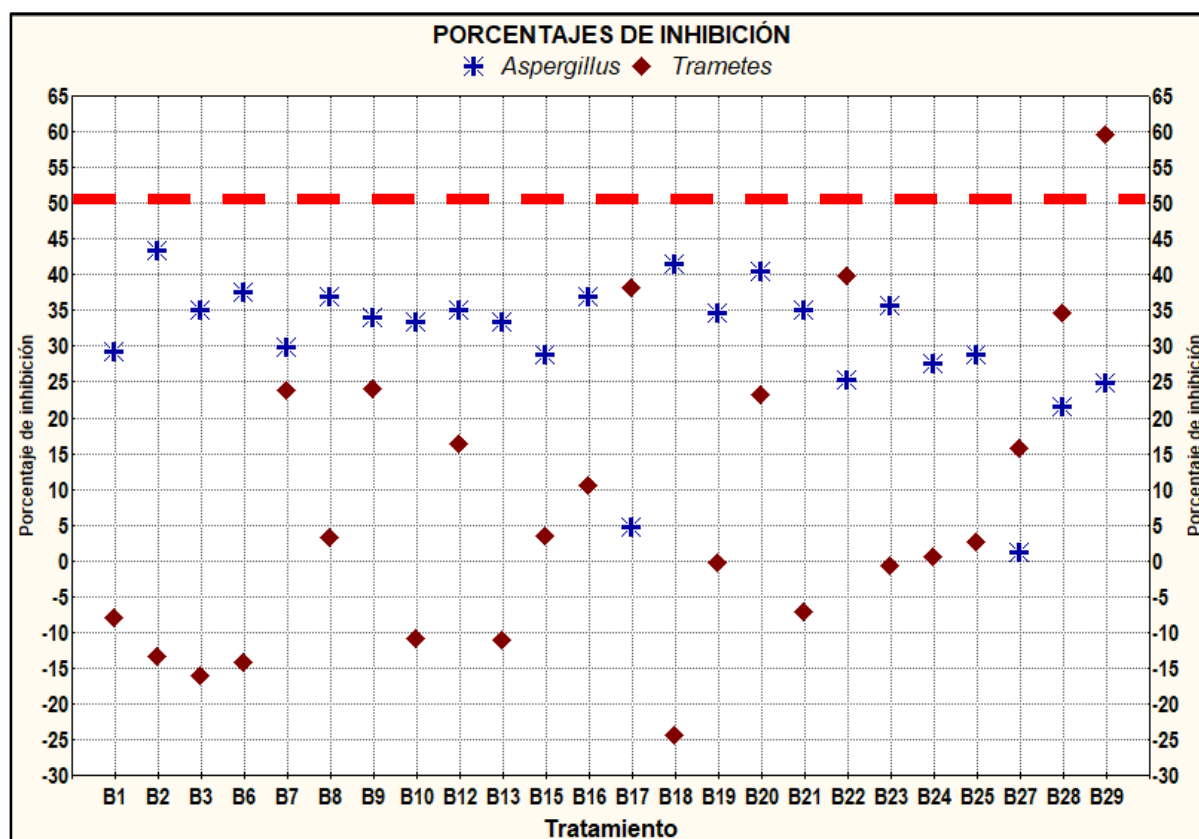


Figura 7. Porcentaje de inhibición de las bacterias que fueron estadísticamente significativas contra los hongos *Aspergillus* y *Trametes*.

Ya que estadísticamente ninguna bacteria tuvo algún efecto sobre *Fusarium*, se descartaron de las próximas pruebas, por lo que se seleccionó a las bacterias que mostraron ser altamente significativas sobre el tratamiento control en el desarrollo del hongo. En la figura 7, puede observarse el porcentaje de inhibición de las bacterias tanto con *Aspergillus* como con *Trametes*. Las rizobacterias con porcentajes de inhibición más altos, por arriba del 40% fueron B2, B18 y B20 con *Aspergillus* y el segundo valor más alto con *Trametes* fue la B22 con 39.8% de inhibición, mientras que la B29 fue el único valor por arriba del 50% de inhibición con 59.49%.

6.3.2. Secreción de fitohormonas (*Ensayar los mecanismos directos PGPR sobre el modelo A. thaliana*)

Durante el experimento de las 28 bacterias con *A. thaliana*, se midió la longitud de la raíz principal de cada una de las diez plántulas por caja Petri de las cuatro réplicas, se contó el número de raíces laterales, que, para obtener la densidad por planta, se dividió entre la longitud de la raíz principal; de los últimos cinco milímetros del ápice, se contaron los pelos radiculares perceptibles al microscopio estereoscópico para obtener la densidad por cm linear, mientras que el peso fresco se obtuvo al extraer y pesar las plántulas de cada placa Petri, y se dividió entre individuos. En la tabla 4 se puede observar los valores promedio, agrupados estadísticamente mediante prueba Dunnett en: **a)** no mostraron una diferencia significativa en relación al control, **b)** los valores con diferencia significativa positiva, es decir, los valores promedio fueron mayores al tratamiento control; y **c)** los valores que mostraron diferencia significativa negativa, es decir, que se obtuvieron valores promedio por debajo del tratamiento control.

Aunque se obtuvieron **nueve** bacterias que muestran diferencias significativas positivas sobre el control en las cuatro variables cuantificadas (bacterias B10, B12, B14, B15, B16, B19, B23, B25 y B27). Se seleccionaron las bacterias que reportaron valores significativos sobre el tratamiento control en cuanto a longitud de raíz principal y densidad de raíces laterales, ya que estas son las principales responsables del éxito en el establecimiento de una planta. De esta manera, doce bacterias mostraron influencia significativa en el desarrollo radicular de *A. thaliana* (B10, B11, B12, B14, B15, B16, B17, B18, B19, B23, B25 y B27).

Tabla 4. Variables medidas del cultivo de *A. thaliana* y las 28 rizobacterias y en tratamiento control.

Tratamiento	Longitud raíz principal (cm)	Densidad raíces laterales	Densidad pelos radiculares	Peso fresco (g)
C	3.52 ± 0.94 a	2.55 ± 0.92 a	380.75 ± 77.16 a	0.0078 ± 0.0072 a
B1	3.57 ± 0.51 a	2.14 ± 0.77 a	394.35 ± 39.19 a	0.0038 ± 0.0003 a
B2	3.46 ± 0.46 a	1.98 ± 0.93 a	381.48 ± 40.06 a	0.0032 ± 0.0003 c
B3	3.16 ± 0.83 a	2.33 ± 1.42 a	345.8 ± 43.39 a	0.0031 ± 0.0006 c
B4	3.63 ± 0.74 a	7.55 ± 2.32 b***	340.2 ± 49.33 a	0.0269 ± 0.0249 c***
B5	1.02 ± 0.23 c***	7.8 ± 2.82 b***	431.9 ± 130.6 b***	0.0023 ± 0.0008 c
B6	0.78 ± 0.19 c***	5.79 ± 2.62 b***	238.1 ± 11.35 c***	0.0061 ± 0.0069 a
B7	3.44 ± 0.46 a	3.66 ± 1.3 b*	595.4 ± 36.26 b***	0.014 ± 0.0008 b**
B8	2.81 ± 0.4 c***	4.03 ± 1.19 b***	452.75 ± 90.58 b	0.0041 ± 0.0006 c
B9	2.95 ± 0.5 c**	4.4 ± 1.7 b***	566.9 ± 119.29 b***	0.0038 ± 0.0004 a
B10	4.59 ± 0.68 b***	3.68 ± 1.04 b*	457.45 ± 62.38 b***	0.0268 ± 0.0062 b***
B11	4.64 ± 0.58 b***	3.45 ± 0.72 b	368.75 ± 86.64 a	0.0223 ± 0.0021 b***
B12	4.47 ± 0.72 b***	3.69 ± 1.08 b*	450.45 ± 94.43 b	0.0215 ± 0.0016 b***
B13	4.58 ± 0.58 b***	3.39 ± 0.98 a	795.55 ± 216.33 b***	0.0187 ± 0.0025 b***

B14	4.25 ± 0.59 b***	3.62 ± 1.31 b*	491.65 ± 172.08 b***	0.02525 ± 0.0039 b***
B15	4.83 ± 0.55 b***	4.7 ± 1.21 b***	463.25 ± 86.26 b*	0.02675 ± 0.0036 b***
B16	4.64 ± 0.42 b***	4.16 ± 1.08 b***	662 ± 179.35 b***	0.0248 ± 0.0025 b***
B17	4.57 ± 0.68 b***	4.06 ± 1.14 b***	273.9 ± 59.01 c***	0.0221 ± 0.0046 b***
B18	4.55 ± 0.54 b***	3.7 ± 0.77 b*	360.15 ± 82.74 a	0.0191 ± 0.0007 b***
B19	4.03 ± 0.41 b*	4.22 ± 0.86 b***	470.8 ± 69.35 b**	0.0198 ± 0.0029 b***
B20	2.25 ± 0.39 c***	3.29 ± 1.98 a	538.95 ± 63.62 b***	0.0245 ± 0.0021 b***
B21	3.07 ± 0.72 c	2.98 ± 1.19 a	624 ± 36.1 b***	0.0151 ± 0.0107 b***
B22	4.81 ± 0.85 b***	3.4 ± 1 a	394.35 ± 39.19 a	0.0213 ± 0.0008 b***
B23	4.54 ± 0.51 b***	4.21 ± 1.05 b***	566.9 ± 11.19 b***	0.0315 ± 0.0101 b***
B24	3.37 ± 0.63 a	5.57 ± 1.61 b***	345.8 ± 43.39 a	0.0135 ± 0.0011 b**
B25	3.99 ± 0.49 b*	4.95 ± 1.24 b***	485.7 ± 131.06 b***	0.0276 ± 0.0041 b***
B27	4.07 ± 0.37 b**	3.47 ± 0.78 b	458.1 ± 135.88 b*	0.0136 ± 0.0038 b**
B28	4.48 ± 0.58 b***	1.63 ± 0.45 c	225.42 ± 9.3 c***	0.0065 ± 0.0006 a
B29	2.61 ± 0.15 c***	3.51 ± 0.74 b	584.2 ± 74.05 b***	0.0058 ± 0.0014 a

Se muestran los valores promedio de la longitud de la raíz principal, densidad de raíces secundarias por planta, densidad de pelos radicales por centímetro lineal y peso fresco ± desviación estándar y agrupamiento de significancias por prueba de Dunnett. Diferencia significativa $p < 0.05$, $p < 0.01$ *, $p < 0.009$ ** y $p < 0.0009$ ***.

6.3.3. Sensibilidad a antibióticos (*Ensayar mecanismos indirectos PGPR en las bacterias aisladas*)

Del experimento de discos con antibióticos para Gram positivas y negativas, solamente en seis bacterias pudo observarse formación de halos de inhibición (tabla 5). Posteriormente, los diámetros de inhibición fueron cuantificados en el programa ImageJ, para consecuentemente cotejar los rangos de inhibición conforme a los estipulados por el *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI) (tabla 6).

Tabla 5. Halos de inhibición en bacterias y el rango al que pertenecen de acuerdo con CLSI.

Bacteria	Antibiótico	Halo (mm)	Sensibilidad
B3	Amikacina	11.71	R
B3	Cloranfenicol	16.64	I
B12	Vancomicina	13.16	R
B20	Cefalocina	9.88	R
B20	Amikacina	8.46	R
B20	Netilmicina	10.4	R
B23	Gentamicina	17.76	I
B23	Amikacina	14.51	R
B23	Norfloxacino	14.53	R
B25	Gentamicina	10.68	R
B25	Amikacina	13.89	R
B25	Netilmicina	9.21	R
B28	Cefalocina	16.82	I

B28	Cefotaxima	12.56	R
B28	Nitrofurantoina	10.69	R

Tabla 6. Categorías de sensibilidad de formación de halos de acuerdo con los estipulados por el *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI).

Antibiótico	Concentración	Resistente	Intermedio	Susceptible
Amikacina AK	30 µg	≤14	15-16	≥17
Cefalocina CF	30 µg	≤14	15-17	≥18
Cefotaxima CFX	30 µg	≤14	15-22	≥23
Cloranfenicol CL	30 µg	≤12	13-17	≥18
Gentamicina GE	10 µg	≤12	13-14	≥15
Netilmicina NET	30 µg	≤12	13-14	≥15
Nitrofurantoina NF	300 µg	≤14	15-16	≥17
Norfloxacino NOF	10 µg	≤12	13-16	≥17
Vancomicina VA	30 µg	≤14	15-16	≥17

6.4. Bacterias que mostraron mecanismos PGPR

Finalmente, se seleccionaron a las 21 bacterias que mostraron cumplir con valores estadísticamente significativos positivos (+) en alguna de las pruebas realizadas, en la tabla 7, puede contemplarse que, a pesar de bacterias como B20, la cual fue significativa en la disminución del desarrollo de *Aspergillus* y *Trametes*, tuvo un efecto negativo sobre el desarrollo de *A. thaliana*. Los criterios de selección de bacterias del experimento de actividad inhibitoria de patógenos, se homogenizaron los datos, con el cultivo con *Aspergillus* y *Trametes*, mientras que, para la secreción de fitohormonas, los criterios fueron la elongación de raíz principal y densidad de raíces laterales. Se consideró un efecto neutral (n) cuando al menos en una de esos criterios fue significativamente positivo y en otra sin diferencias estadísticas claras, mientras que se marcó con un símbolo de negativo (-) a aquellas bacterias que tuvieron en uno o ambos criterios un valor por debajo de lo deseable y, como un efecto positivo (+) cuando se obtuvo un valor por encima del control en alguno o ambos de los criterios de cada categoría.

Debido a que en la mayoría de las bacterias no hubo formación de halos de inhibición, las bacterias B3, B23 y B28 fueron las únicas de la selección que formaron halos correspondientes a sensibilidad intermedia a Cloranfenicol, Gentamicina y a Cefalocina respectivamente, las cuales fueron marcadas como negativas.

Por último, once bacterias cumplieron satisfactoriamente en las tres pruebas que se realizaron en búsqueda de mecanismos PGPR.

Tabla 7. Rizobacterias que mostraron valores deseables por arriba del control (+) en los tratamientos, valores similares al control (n) y los valores que fueron negativos (-) en el desarrollo de *A. thaliana* y que tuvieron valores intermedios en presencia de antibióticos.

Bacteria (Gram)	Inhibición de patógenos	Secreción de fitohormonas	Sensibilidad a antibióticos
B2 (-)	+	n	+
B3 (+)	+	n	-
B6 (-)	+	n	+
B8 (-)	+	n	+
B9 (+)	+	n	+
B10 (+)	+	+	+
B12 (+)	+	+	+
B13 (+)	+	+	+
B15 (+)	+	+	+
B16 (-)	+	+	+
B17 (+)	+	+	+
B18 (-)	+	+	+
B20 (-)	+	-	+
B21 (-)	+	-	+
B22 (-)	+	+	+
B23 (-)	+	+	-
B24 (+)	+	+	+
B25 (-)	+	+	+
B27 (+)	+	+	+
B28 (-)	+	n	-
B29 (+)	+	-	+

En color café, se muestran las bacterias de la rizósfera de *A. religiosa* y en verde de *F. uhdei*.

7. DISCUSIÓN

7.1. Obtención y aislamiento de rizobacterias

En este estudio, se lograron obtener 28 bacterias de la rizósfera de *F. uhdei* y de *A. religiosa*, mismas que fueron sometidas a experimentos en favor de encontrar actividad que promueva el crecimiento vegetal. De manera directa, mediante la secreción de fitohormonas que en el cultivo dual de cada bacteria con *A. thaliana* hayan promovido el desarrollo de masa radicular. Como manera indirecta de promoción de crecimiento vegetal, se experimentó a través del cultivo dual hongo-bacteria de los hongos del género *Aspergillus*, *Fusarium* y *Trametes*, en búsqueda de una inhibición del desarrollo del hongo, lo que dio por resultados 12 bacterias que cumplieron los criterios.

Comparado con distintos trabajos de aislamiento de bacterias pertenecientes a la rizósfera o el suelo, la cantidad de aislados varía conforme a técnicas de aislamiento, como en Abbasi *et al.* 2011, que extrajeron núcleos de suelo (raíz y suelo) de plantas de trigo, posteriormente vaciaron 10 g de cada muestra en matraces con agua destilada estéril para hacer consecutivamente una dilución seriada 10 veces, de este proceso obtuvieron un total de 17 aislados, de los cuales 8 fomentaron el crecimiento vegetal y solubilizaron fosfato. Por otro lado, en Albdaawi *et al.* 2019, extrajeron las raíces con suelo adherido, luego extrajeron la mayor cantidad de suelo posible y colocaron los trozos de raíces en solución salina estéril, diluyeron y colocaron en placas Petri con AN enriquecido con 10% de NaCl; obtuvieron un total de 74 aislados, sin embargo, no especifican la cantidad de raíces ensayadas. Por lo que la cantidad de bacterias obtenidas en este proyecto representan una amplia área de oportunidad para distintos ensayos de diferentes enfoques.

7.2. Tinción Gram

De acuerdo con Iqbal *et al.* 2024, las rizobacterias por lo general son bacilos Gram negativos, y en menor frecuencia cocos y Gram positivas pleomórficas. Por otro lado, Albdaawi *et al.* 2019, donde el 52.7 % de sus 36 rizobacterias aisladas eran Gram negativas. Que coincide con el 53.6% de bacterias Gram negativas obtenidas en este estudio. La importancia de las bacterias Gram positivas radica en la gran versatilidad de sus metabolitos secundarios y sus amplias capacidades catabólicas, que las hace muy adecuadas como organismos de biocontrol contra insectos, nematodos, hongos y otras bacterias (Francis *et al.* 2010).

Mientras que en Paredes-Páliz *et al.* 2017, las cepas Gram negativas *Pantoea agglomerans* RSO6 y RSO7 mostraron mejores propiedades como promotoras del crecimiento vegetal, sobre la bacteria Gram positiva *Bacillus aryabhattai* RSO25, ya que las cepas RSO6 y RSO7 producen mayores cantidades de auxinas (IAA), incluso en presencia de metales pesados, además, las bacterias fueron capaces de aumentar

hasta tres veces la tasa de germinación de *Spartina densiflora* en sedimentos contaminados.

De acuerdo con Soni & Keharia 2021, algunas PGPR Gram positivas, como las del género *Bacillus* y *Paenibacillus*, tienen la capacidad de formar endosporas, lo que podría ser ventajoso para formular inoculantes microbianos con mayor vida útil, ya que las endosporas confieren tolerancia a condiciones ambientales adversas, producir una variedad de péptidos antimicrobianos para competir y prevalecer sobre los microbios competidores. Mientras que en Fan *et al.* 2012, se menciona que las Gram negativas como *Pseudomonas*, *Azospirillum* y *Burkholderia*, suelen ser colonizar más rápido y eficiente la rizósfera y la superficie de las raíces (rizoplano), debido a su movilidad (a menudo por flagelos) y su capacidad para responder rápidamente a los exudados radiculares de las plantas.

7.3. Identificación de Mecanismos PGPR

7.3.1. Inhibición de agentes patógenos

Conforme a la efectividad en el crecimiento del cultivo dual con hongos fitopatógenos, donde ninguna bacteria tuvo influencia negativa sobre el desarrollo de *Fusarium*, coincide con Albdaoui *et al.* 2019, que sometieron nueve bacterias aisladas de la rizósfera de trigo (*Triticum turgidum* subsp. *durum*), en presencia del hongo *Fusarium culmorum* y no obtuvieron diferencias significativas en actividad antifúngica. De acuerdo con Malik *et al.* 2026, los hongos del género *Fusarium* suelen extenderse a los tejidos vegetales y xilema, lo que paulatinamente pudre la raíz. Las especies de *Fusarium* poseen mecanismos complejos para evadir las defensas de las plantas, mientras que la secreción de diversas toxinas por parte de varias cepas patógenas es un factor significativo en la progresión de la enfermedad.

En Fang *et al.* 2026, se demuestra que existen microorganismos rizosféricos que pueden ejercer un biocontrol sobre *Fusarium* (e.g. *Pseudomonas* spp., *Bacillus* spp., *Streptomyces* spp., *Trichoderma* spp. y *Clonostachys* spp.), por otro lado, *Lactobacillus* spp., *Serratia* spp. y *Burkholderia* spp. son microorganismos que han demostrado inhibición mediante el estímulo de señales de respuesta de las plantas, como *Bacillus subtilis* BS06 que protege las raíces de la soja de *F. oxysporum*, mientras que *Bacillus subtilis* HSY21 reduce la incidencia a pudrición radical al suprimir genes relacionados con la patogenicidad en *F. oxysporum*. Lo que podría brindar una oportunidad de estudios que involucren la interacción del agente patógeno, planta y rizobacterias.

Por otro lado, en los experimentos con *Aspergillus*, sólo seis bacterias no mostraron diferencias significativas con el tratamiento control, lo que proporciona oportunidades para estudios posteriores que puedan brindar mayor conocimiento sobre los

mecanismos involucrados. Estos resultados coinciden con Yuttavanichakul *et al.* 2012, encontraron actividad inhibitoria sobre *Aspergillus niger*, de 11 aislados de la rizósfera de maní, con un rango de porcentajes de inhibición entre 17.98–67.81%, con una media de 41.61%, y con solo dos aislados (A45 y A67) por encima del 50%, con 51.42% y 67.8% respectivamente. Mientras que, para *Trametes*, sólo tres bacterias mostraron influencias significativas.

En cuanto a porcentajes de inhibición de las bacterias con los hongos *Aspergillus* y *Trametes*, se obtuvo un rango de 30% a 40 %, lo que podría interpretarse como una inhibición débil, sin embargo, en Halifu *et al.* 2020, sembraron *Trichoderma virens* ZT05 con *Rhizoctonia solani*, donde *T. virens* mostró un porcentaje de inhibición de 48.82% sobre *R. solani*, por otro lado, al aislar y ensayar el efecto de metabolitos secundarios, su porcentaje de inhibición incrementó a un 80.10%. Esto sugiere que la inhibición observada en las bacterias, podría incrementar si se analizaran sus metabolitos por separado, lo que representa una futura línea de investigación.

7.3.2. Secreción de fitohormonas

Respecto al estímulo del desarrollo vegetal, por parte de las bacterias durante el cultivo dual con *A. thaliana*, el aumento en la producción radicular (elongación de la raíz principal y producción de raíces laterales) aumentó en presencia de 12 aislados, es un resultado clave, ya que, de acuerdo con Liao *et al.* 2024, la señalización de producir raíces laterales, es responsable de señalizaciones de respuesta a estrés y defensa a través de la glutamina, misma que induce genes de inmunidad. Mientras que Contreras-Cornejo *et al.* 2009, indican que la formación de raíces laterales aumenta la producción de biomasa de brote, lo cual es beneficioso para el desarrollo y crecimiento de la planta. Es así que los resultados obtenidos de las bacterias que fomentaron masa radicular mayor al control, brindan una oportunidad para desarrollar posteriormente con estudios que puedan ayudar a comprender la vía por la cual se realiza la estimulación del crecimiento.

De acuerdo con la tabla 4, y en relación a lo mencionado en Contreras-Cornejo *et al.* 2009, donde usaron una cepa mutante *A. thaliana* RHD6, la cual sugieren podría usarse como herramienta para investigar el mecanismo de acción de compuestos similares a la auxina; es así que, las bacterias que mostraron mayor producción de masa radicular (raíz principal y raíces laterales), y que, además mostraron tener en promedio mayor densidad de pelos radiculares, podría ser provocado por producción de auxinas o ácido indol acético.

En el review realizado por Jiao *et al.* 2021, mencionan que diversos autores sugieren que la presencia de microorganismos puede provocar señales de respuesta como defensas (resistencia sistémica adquirida o resistencia sistémica inducida), que, pueden brindar de herramientas a la planta cuando un agente patógeno llegue, o bien,

como las señales están mediadas por etileno y ácido jasmónico, estimular el desarrollo vegetal.

7.3.3. Sensibilidad a antibióticos

Por otro lado, conforme a lo que señalan Iqbal *et al.* 2024 sobre la producción de compuestos antimicrobianos de las PGPR, no sólo les brinda una ventaja competitiva sobre patógenos, sino también pueden actuar como moléculas señalizadoras que activen los mecanismos de defensa propios de las plantas como la producción de proteínas antimicrobianas, enzimas y metabolitos secundarios. Los mecanismos de resistencia a antibióticos se asocian como un fenómeno de causa y efecto. La presencia de genes de resistencia en bacterias con loci genéticos de biosíntesis de antibióticos es una estrategia de autoprotección, por lo que los determinantes de resistencia a antibióticos evolucionan específicamente para tolerar la actividad letal de los antibióticos (Bernier & Surette 2013).

Otra posible razón por la que en la mayoría de las bacterias no se mostró sensibilidad a los antibióticos, puede deberse a la capacidad de subsistir al utilizar a los antibióticos como fuente de carbono que pueden adquirir algunos microorganismos (Cycoń *et al.* 2019), lo que nuevamente, brinda un área de oportunidad a estudios que puedan proporcionar información más puntual al respecto. Ya que de acuerdo con Mahdi *et al.* 2022, la mayoría de las PGPRs presentan resistencia a al menos un antibiótico y/o albergan genes de resistencia a antibióticos.

8. CONCLUSIONES

Contar un catálogo de doce rizobacterias de origen forestal que cumplan con la promoción del crecimiento vegetal, de manera directa e indirecta, brinda una amplia área de oportunidad para estudios posteriores que puedan enfocarse en áreas de biotecnología, restauración ecológica o rizerremediación, ya una vez probada la influencia en organismos vegetales con la planta modelo *Arabidopsis thaliana*, se podría considerar el uso combinado de las PGPRs obtenidas en este estudio con las especies forestales *Abies religiosa* y *Fraxinus uhdei*.

La clasificación de tinción de Gram, brinda información sobre posibles rutas que las bacterias podrían desempeñar, por ejemplo, bacterias Gram positivos influyen principalmente en acciones contra patógenos o en la accesibilidad de nutrientes, mientras que bacterias Gram negativas mayormente se involucran en la secreción de fitohormonas e influir más directamente en el desarrollo de las plantas, dicha información podría proporcionar una oportunidad a explorar más profundamente en estudios posteriores.

Además, contar con siete PGPRs Gram positivas, podría brindar una ventaja para la elaboración de productos secos (como polvos) debido a la posible resistencia de las esporas, lo que simplificaría su almacenamiento y aplicación.

El uso en ensayos posteriores de alguna de las doce bacterias obtenidas en este estudio, podría proporcionar información más clara y profunda sobre sus mecanismos de acción, así como podría ayudar en el entendimiento de las rutas metabólicas que estén involucradas en la estimulación directa del crecimiento vegetal, así como los mecanismos en los que las rizobacterias podrían proveer de ventajas para la defensa de microorganismos patógenos, ya sea de manera directa contra el patógeno o mediante señales de respuesta y defensa.

9. LITERATURA CITADA

- ❖ Abbasi, M. K., Sharif, S., Kazmi, M., Sultan, T., & Aslam, M. (2011). Isolation of plant growth promoting rhizobacteria from wheat rhizosphere and their effect on improving growth, yield and nutrient uptake of plants. *Plant Biosystems - An International Journal Dealing with All Aspects of Plant Biology*, 145(1), 159–168. <https://doi.org/10.1080/11263504.2010.542318>
- ❖ Aeron A., Kumar S., Pandey P., and D.K. Maheshwari. (2011) Emerging Role of Plant Growth Promoting Rhizobacteria in Agrobiolgy. Chapter 1. D.K. Maheshwari (Ed.) Bacteria in Agrobiolgy: Crop Ecosystem. Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2011. DOI 10.1007/978-3-642-18357-7
- ❖ Albdaawi R. N., Khyami-Horani H., Ayad J. Y., Alananbeh K. M. and Al-Sayaydeh R. (2019) Isolation and Characterization of Halotolerant Plant Growth Promoting Rhizobacteria From Durum Wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) Cultivated in Saline Areas of the Dead Sea Region. *Front. Microbiol.* 10:1639. doi: 10.3389/fmicb.2019.01639
- ❖ Arshad M., Naqqash T., Tahir M., Leveau J. H., Zaheer A., Tahira S. A., Saeed N. A., Asad S. and Sajid M. (2022) Comparison of bacterial diversity, root exudates and soil enzymatic activities in the rhizosphere of AVP1-transgenic and nontransgenic wheat (*Triticum aestivum* L.) *J Appl Microbiol.* 2022;133:3094–3112. DOI: 10.1111/jam.15751
- ❖ Bao L., Cai W., Cao J., Zhang X., Liu J., Chen H., Wei Y., Zhuang X., Zhuang G. and Bai Z. (2020) Microbial community overlap between the phyllosphere and rhizosphere of three plants from Yongxing Island, South China Sea. *MicrobiologyOpen.* 2020;9:e1048. <https://doi.org/10.1002/mbo3.1048>
- ❖ Barriuso, J., Pereyra, M. T., García, J. A. L., Megías, M., Mañero, F. J. G., & Ramos, B. (2005). Screening for Putative PGPR to Improve Establishment of the Symbiosis *Lactarius deliciosus*-*Pinus* sp. *Microbial Ecology*, 50(1), 82–89. doi:10.1007/s00248-004-0112-9
- ❖ Benavides-Meza, H. M., Gazca Guzmán, M. O., López López, S. F., Camacho Morfín, F., Fernández Grandizo, D. Y., de la Garza López de Lara, M. P., & Nepamuceno Martínez, F. (2011). Variabilidad en el crecimiento de plántulas de ocho procedencias de *Abies religiosa* (H.B.K.) Schlecht. et Cham., en condiciones de vivero. *Madera y Bosques*, 17(3), 83-102.
- ❖ Bernier, S. P., & Surette, M. G. (2013). Concentration-dependent activity in natural environments. *Frontiers in Microbiology*, 4. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00020>
- ❖ Biswas D., Chakraborty A., K., Srivastava V. & Mandal A. (2024) Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR): Reports on Their Colonization, Beneficial Activities, and Use as Bioinoculant. *Advances in Agriculture*. Volume 2024, Article ID 8173024, 15 pages. <https://doi.org/10.1155/2024/8173024>
- ❖ Böttger, A., Vothknecht, U., Bolle, C., Wolf, A. (2018). Plant Secondary Metabolites and Their General Function in Plants. In: *Lessons on Caffeine, Cannabis & Co. Learning Materials in Biosciences*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-99546-5_1
- ❖ Cardoso, E.J.B.N., Vasconcellos, R.L.d.F., Ribeiro, C.M., Miyauchi, M.Y.H. (2011). PGPR in Coniferous Trees. In: Maheshwari, D. (eds) *Bacteria in Agrobiolgy: Crop Ecosystems*. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-18357-7_12
- ❖ Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). (2011). *Fraxinus uhdei*. (Ficha técnica). Info-especies. Árboles. Recuperado de http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/53-oleac1m.pdf
- ❖ Contreras-Cornejo H. A., Macías-Rodríguez L., Cortés-Penagos C. and López-Bucio J., *Trichoderma virens*, a Plant Beneficial Fungus, Enhances Biomass Production and Promotes Lateral Root Growth through an Auxin-Dependent Mechanism in *Arabidopsis*, *Plant Physiology*, Volume 149, Issue 3, March 2009, Pages 1579–1592, <https://doi.org/10.1104/pp.108.130369>

- ❖ Cycoń, M., Mroziak, A., & Piotrowska-Seget, Z. (2019). Antibiotics in the Soil Environment—Degradation and Their Impact on Microbial Activity and Diversity. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00338>
- ❖ Dávalos-Sotelo, R., (1996). Importancia ecológico-económica del aprovechamiento de los bosques. *Madera y Bosques*, 2(2), 3-10. [fecha de Consulta 4 de Junio de 2024]. ISSN: 1405-0471. Recuperado de: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61720202>
- ❖ Dennis, P. G., Miller, A. J., and Hirsch, P. R. (2010) Are root exudates more important than other sources of rhizodeposits in structuring rhizosphere bacterial communities? *FEMS Microbiol Ecol* 72: 313–327.
- ❖ Fan, B., Borriss, R., Bleiss, W., & Wu, X. (2012). Gram-positive rhizobacterium *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42 colonizes three types of plants in different patterns. *Journal of microbiology (Seoul, Korea)*, 50(1), 38–44. <https://doi.org/10.1007/s12275-012-1439-4>
- ❖ Fang D., He S., Li L., Zhou M., Gao Z., Zhang S. & Li X. Host plants shape rhizosphere microbiomes to counteract *Fusarium*: molecular mechanisms and translational strategies, *Physiological and Molecular Plant Pathology*. Volume 141. 2026. 103044. ISSN 0885-5765. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.103044>.
- ❖ Francis, I., Holsters, M. and Vereecke, D. (2010), The Gram-positive side of plant–microbe interactions. *Environmental Microbiology*, 12: 1-12. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.01989.x>
- ❖ GADM. (s. f.). *Salvador Escalante (municipality), Michoacán, Mexico* [Mapa]. Recuperado el [fecha de acceso], de <https://gadm.org/maps/MEX/michoacan/salvadorescalante.html>
- ❖ Getahun A., Muleta D., Assefa F. and Kiros S. (2020) Plant Growth-Promoting Rhizobacteria Isolated from Degraded Habitat Enhance Drought Tolerance of Acacia (*Acacia abyssinica* Hochst. ex Benth.) Seedlings. *Hindawi, International Journal of Microbiology*. Volume 2020, Article ID 8897998, 13 pages. <https://doi.org/10.1155/2020/8897998>
- ❖ Gregory P. J., Bengough A. G., George T. S. and Hallett P. D. Rhizosphere Engineering by Plants: Quantifying Soil–Root Interactions. 2013. *Advances in Agricultural Systems Modeling*, Volume 4. Pp. 1-30. doi:10.2134/advagricsystmodel4.c1
- ❖ Halifu, S., Deng, X., Song, X., Song, R., & Liang, X. (2020). Inhibitory Mechanism of *Trichoderma virens* ZT05 on *Rhizoctonia solani*. *Plants*, 9(7), 912. <https://doi.org/10.3390/plants9070912>
- ❖ Halofsky J. E., Peterson D. L. and Harvey B. J. (2020). Changing wildfire, changing forests: the effects of climate change on fire regimes and vegetation in the Pacific Northwest, USA. *Fire Ecology*, 16:4, pp.1-26.
- ❖ Hong-Sheng Liao, Kim-Teng Lee, Yi-Hsin Chung, Soon-Ziet Chen, Yi-Jie Hung, Ming-Hsiun Hsieh, Glutamine induces lateral root initiation, stress responses, and disease resistance in *Arabidopsis*, *Plant Physiology*, Volume 195, Issue 3, July 2024, Pages 2289–2308, <https://doi.org/10.1093/plphys/kiae144>
- ❖ Jiao X, Takishita Y, Zhou G and Smith DL (2021) Plant Associated Rhizobacteria for Biocontrol and Plant Growth Enhancement. *Front. Plant Sci.* 12:634796. doi: 10.3389/fpls.2021.634796
- ❖ Jianjin Guo, Shan-Shan Zhang, Jing Gao, Yan Guo, Chi-Tang Ho, Naisheng Bai. The genus *Fraxinus* L. (Oleaceae): A review of botany, traditional and modern applications, phytochemistry, and bioactivity. *Phytochemistry*. Vol. 232. 2025, 114371. ISSN 0031-9422, <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2024.114371>
- ❖ Joch M., Mrázek J., Skřivanová E., Čermák L. & Marounek M. (2017) Effects of pure plant secondary metabolites on methane production, rumen fermentation and rumen bacteria populations in vitro. *J Anim Physiol Anim Nutr.* 2018;102:869–881. DOI: 10.1111/jpn.12910
- ❖ Jousset A., Scheu S. & Bonkowski M. (2008) Secondary metabolite production facilitates establishment of rhizobacteria by reducing both protozoan predation and the competitive effects of indigenous bacteria *Functional Ecology*, 22, 714–719 doi: 10.1111/j.1365-2435.2008.01411.x

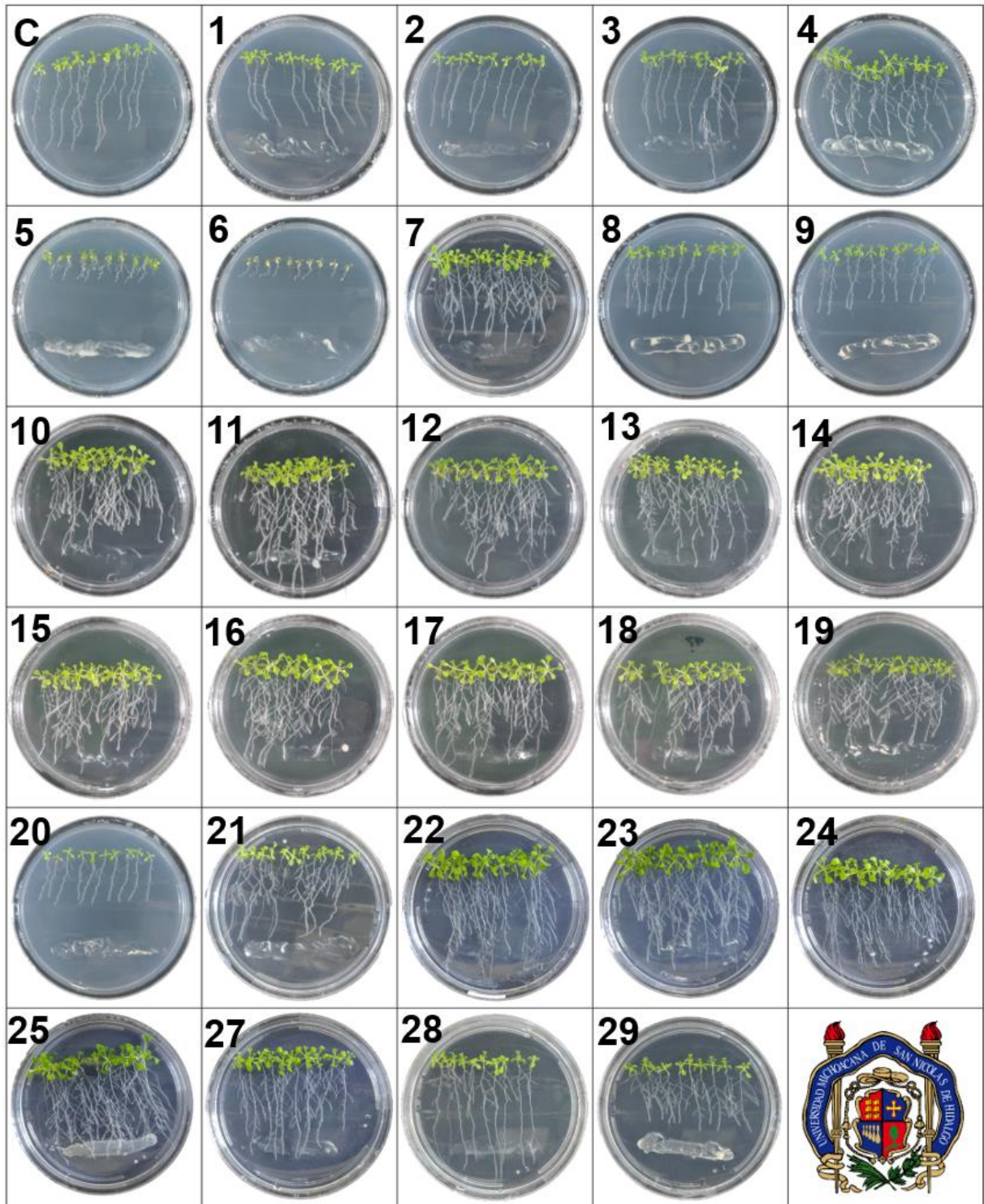
- ❖ Kasim W. A., Osman M. E., Omar M. N., I. Abd El-Daim A., Bejai S., and Meijer J. "Control of drought stress in wheat using plant-growth-promoting bacteria," *Journal of Plant Growth Regulation*, vol. 32, no. 1, pp. 122–130, 2013.
- ❖ Kumari R., Pandey E., Bushra S. & Faizan S. (2024) Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR) induced protection: A plant immunity perspective. *Physiologia Plantarum*, 176(5), e14495. Available from: <https://doi.org/10.1111/ppl.14495>
- ❖ Lai J., Zhao T., Qi S. Spatiotemporal Variation in Vegetation and Its Driving Mechanisms in the Southwest Alpine Canyon Area of China. *Forests* **2023**, 14, 2357. <https://doi.org/10.3390/f14122357>
- ❖ Liu, L., Yu, S., Xie, Z.-P., & Staehelin, C. (2016). *Distance-dependent effects of pathogenic fungi on seedlings of a legume tree: impaired nodule formation and identification of antagonistic rhizosphere bacteria*. *Journal of Ecology*, 104(4), 1009–1019. doi:10.1111/1365-2745.12570
- ❖ Lopes L. D., Pereira e S. M. de C., Weisberg J. A., Davis II E. W., Yan Q., Varize C. de S., Chih-Feng W., Chang J. H., Loper J. E. & Andreote F. D., (2018) Genome variations between rhizosphere and bulk soil ecotypes of a *Pseudomonas koreensis* population. *Environmental Microbiology* (2018) 20(12), 4401–4414. doi:10.1111/1462-2920.14363
- ❖ López-Bucio, J., Campos-Cuevas, J. C., Hernández-Calderón, E., Velásquez-Becerra, C., Farías-Rodríguez, R., Macías-Rodríguez, L. I., & Valencia-Cantero, E. (2007). *Bacillus megaterium* Rhizobacteria promote growth and alter root-system architecture through an auxin- and ethylene-independent signaling mechanism in *Arabidopsis thaliana*. *MPMI*, 20(2), 207–217. <https://doi.org/10.1094/MPMI-20-2-0207>
- ❖ López-Bucio J., Campos-Cuevas J C., Valencia-Cantero E., Velázquez-Becerra C., Farías-Rodríguez R. & Macías-Rodríguez L. I. (2009) *Bacillus megaterium* modifica la arquitectura de la raíz de *Arabidopsis* independientemente de auxinas y etileno. *Biológicas*, no. 11, pp. 01 – 08.
- ❖ Mairhofer S., Sturrock C. J., Bennett M. J., Mooney S. J. and Pridmore T. P. Extracting multiple interacting root systems using X-ray microcomputed tomography. *The Plant Journal* (2015) 84, 1034–1043 pp.
- ❖ Malik F., Malik M., Fatma T. & Faraz-Bhatti M. Characterization of the mitochondrial genome of *Fusarium oxysporum* and comparative insights into *Fusarium* spp. mitochondrial evolution. *Gene Reports*, Volume 42, 2026, 102416. ISSN 2452-0144. <https://doi.org/10.1016/j.genrep.2025.102416>.
- ❖ Mohd. Zobair Iqbal, Kshitij Singh, Ram Chandra, Recent advances of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) for eco-restoration of polluted soil, *Cleaner Engineering and Technology*, Volume 23, 2024, 100845, ISSN 2666-7908, <https://doi.org/10.1016/j.clet.2024.100845>.
- ❖ Navarro-Sandoval, J. L., Vargas-Hernández, J. J., Gómez-Guerrero, A., Ruíz-Posadas, L. de M., & Sánchez-García, P. (2013). Morfología, biomasa y contenido nutrimental en *Abies religiosa* con regímenes diferentes de fertilización en vivero. *Agrociencia*, 47(7), 707-721.
- ❖ Nobarinezhad M. H and Wallace L. E. (2023) Fine-scale genetic structure in rhizosphere microbial communities associated with *Chamaecrista fasciculata* (Fabaceae). *Ecology and Evolution*. 13:e10570. <https://doi.org/10.1002/ece3.10570>
- ❖ Oldfield, S., Samain, M.-S., & Martínez Salas, E. (2017). *Fraxinus uhdei*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017: e.T96444707A96444709. Recuperado de <https://www.iucnredlist.org/species/96444707/96444709#geographic-range>
- ❖ Ortiz-Castro, R., Valencia-Cantero, E., & López-Bucio, J. (2008). Plant growth promotion by *Bacillus megaterium* involves cytokinin signaling. *Plant Signaling & Behavior*, 3(4), 263-265. <https://doi.org/10.4161/psb.3.4.5204>
- ❖ Ortiz-Mendoza R., Aguirre-Calderón O. A., Gómez-Cárdenas M., Treviño-Garza E. J., & González-Tagle M. A. 2021. «Crecimiento De Procedencias De *Pinus Greggii* Engelm. Ex Parl. En Suelos Degradados De La Mixteca Alta, Oaxaca». *Revista Mexicana De Ciencias Forestales* 12 (64). México, ME. <https://doi.org/10.29298/rmcf.v12i64.710>
- ❖ Paredes-Páliz K. I., Mateos-Naranjo E., Doukkali, B., Caviedes, M. A., Redondo-Gómez S., Rodríguez-Llorente I. D. & Pajuelo E. (2017). Modulation of *Spartina densiflora* plant growth and

- metal accumulation upon selective inoculation treatments: A comparison of gram negative and gram positive rhizobacteria. *Marine Pollution Bulletin*, 125(1-2), 77–85. doi:10.1016/j.marpolbul.2017.07.072
- ❖ Pelagio-Flores R., Ravelo-Ortega G., García-Pineda E. & López-Bucio J. (2025) A century of *Azospirillum*: plant growth promotion and agricultural promise. *Plant Signaling & Behavior*, 20:1, 2551609, DOI: 10.1080/15592324.2025.2551609
 - ❖ Pizarro-Tobías P., Fernández M., Niqui J. L., Solano J., Duque E., Ramos J. & Roca A. (2014) “Restoration of a Mediterranean forest after a fire: bioremediation and rhizoremediation field-scale trial”. *Microbial Biotechnology*. 8, 77–92.
 - ❖ Pliego, C., Kamilova, F., Lugtenberg, B. (2011). Plant Growth-Promoting Bacteria: Fundamentals and Exploitation. In: Maheshwari, D. (eds) *Bacteria in Agrobiological Crop Ecosystems*. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-18357-7_11
 - ❖ Reynolds J. F., Smith D. M. S., Lambin E. F. *et al.*, “Global desertification: building a science for dryland development,” *Science*, vol. 316, no. 5826, pp. 847–851, 2007.
 - ❖ Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT). (2018). *Anuario Estadístico de la Producción Forestal*. [PDF]. SEMARNAT.
 - ❖ Shu B., Liu L., Wei Y., Zhang D. and Shi S. (2019) Differential selection pressure exerted by root rot disease on the microbial communities in the rhizosphere of avocado (*Persea americana* Mill.) *Annals of Applied Biology*. 2019;175:376–387. DOI: 10.1111/aab.12547
 - ❖ Soni, R. & Keharia, H. Phytostimulation and biocontrol potential of Gram-positive endospore-forming Bacilli. *Planta* 254, 49 (2021). <https://doi.org/10.1007/s00425-021-03695-0>
 - ❖ Vessey, J.K. Plant growth promoting rhizobacteria as biofertilizers. *Plant and Soil* **255**, 571–586 (2003). <https://doi.org/10.1023/A:1026037216893>
 - ❖ Yuttavanichakul W., Lawongsa P., Wongkaew S., Teaumroong N., Boonkerd., Nomura N. and Tittabutr P. Improvement of peanut rhizobial inoculant by incorporation of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) as biocontrol against the seed borne fungus *Aspergillus niger*. *Biological Control*, Volume 63, Issue 2. 2012. Pages 87-97. ISSN 1049-9644. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2012.06.008>.
 - ❖ Zhang T., Jian Q., Yao X., Guan L., Li L., Liu F., Zhang C., Li D. & Tang H., Lu L. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) improve the growth and quality of several crops. *Heliyon*. Volume 10, Issue 10, 2024, e31553, ISSN 2405-8440, <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e31553>.

10. ANEXOS

Anexo 1. Catálogo complemento de la tabla 4, de bacterias en cultivo dual con *A. thaliana*.

Arabidopsis thaliana



Anexo 2. Comparación de efectos positivos y negativos, complemento de la tabla 4.

Control



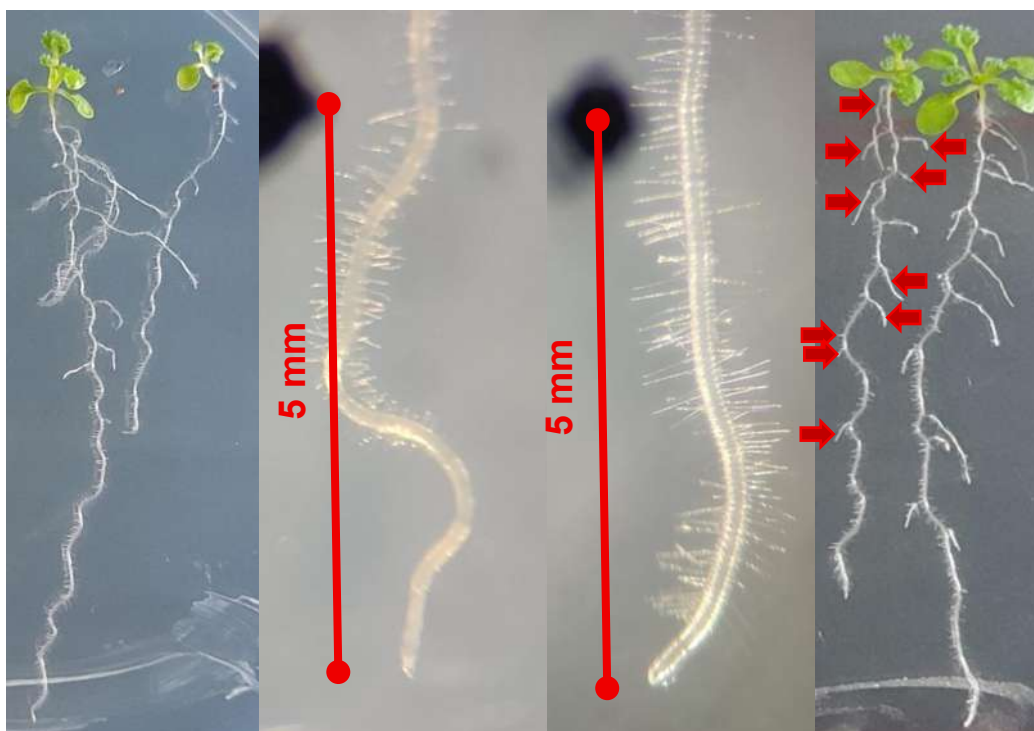
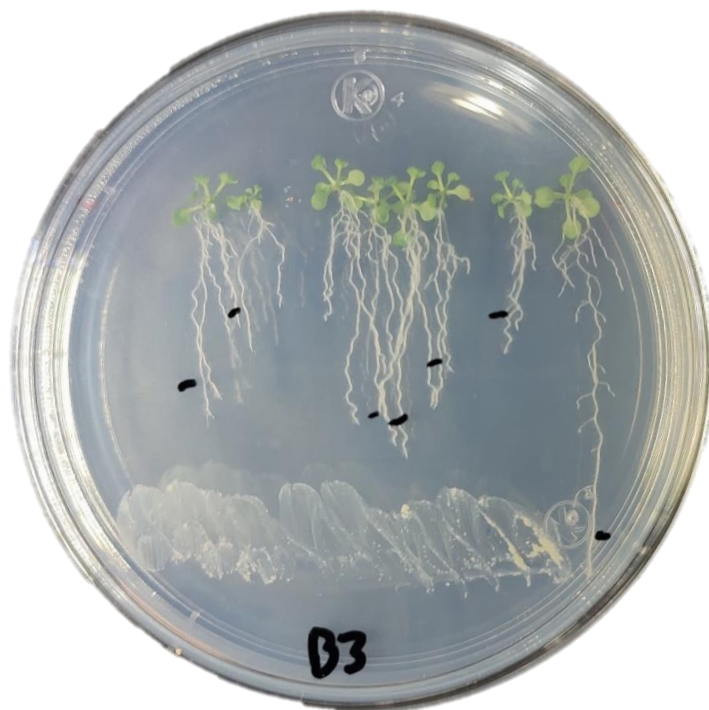
B5



B22

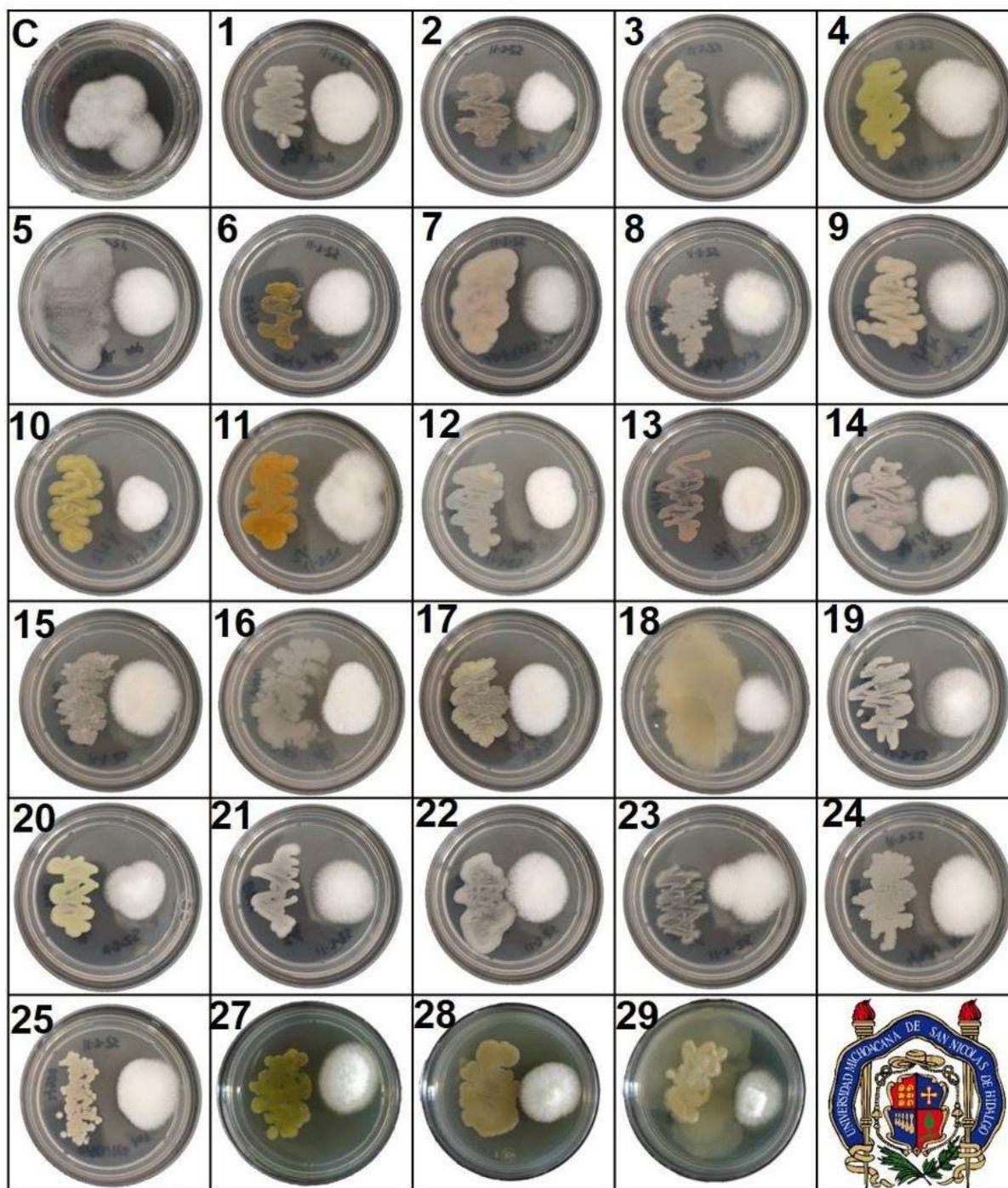


Anexo 3. Metodología del conteo de raíces laterales y pelos radiculares para obtención de densidad, complemento de la tabla 4.



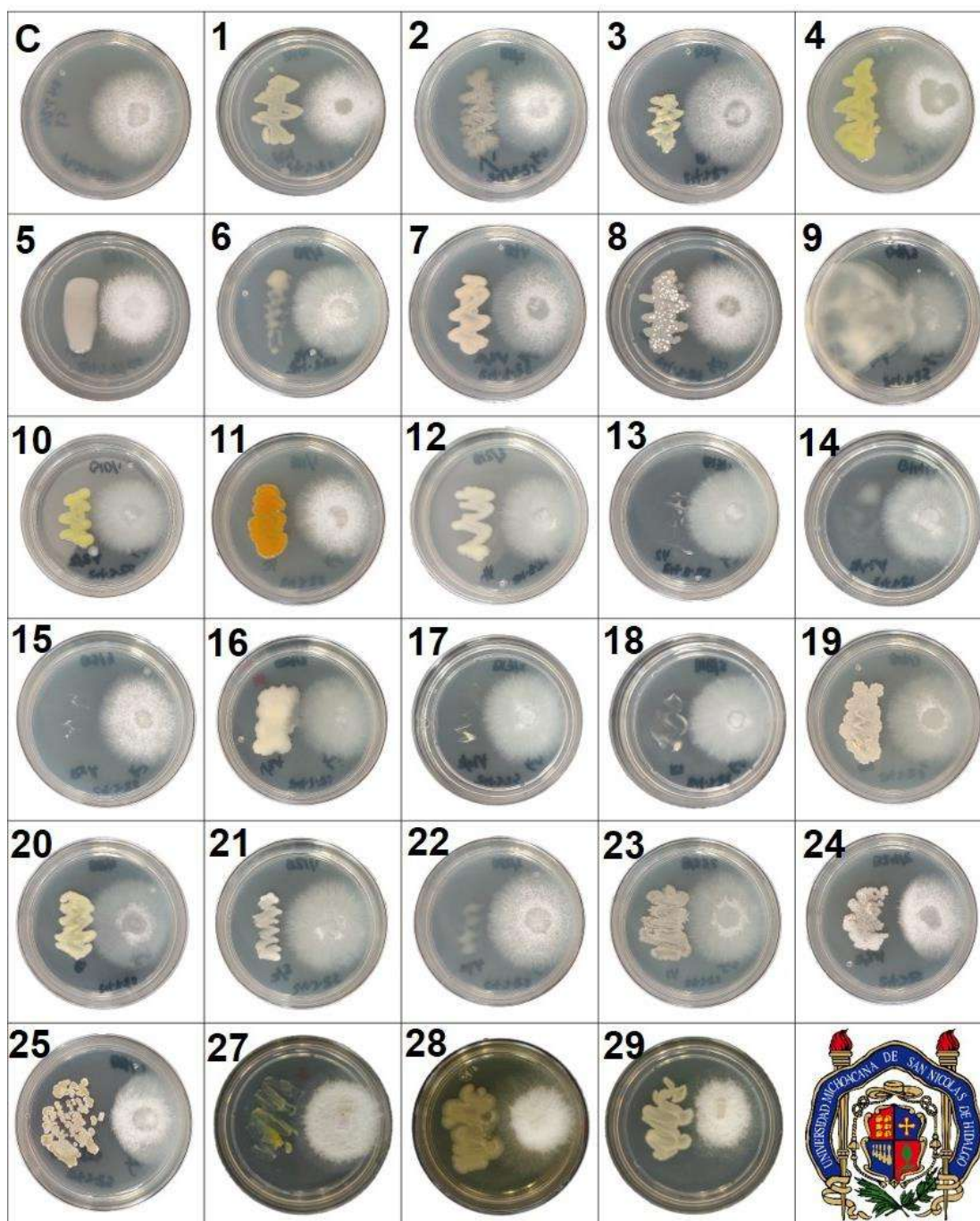
Anexo 4. Complemento de tabla 3 de inhibición de patógenos, catalogo del experimento de las bacterias con *Aspergillus*.

Aspergillus



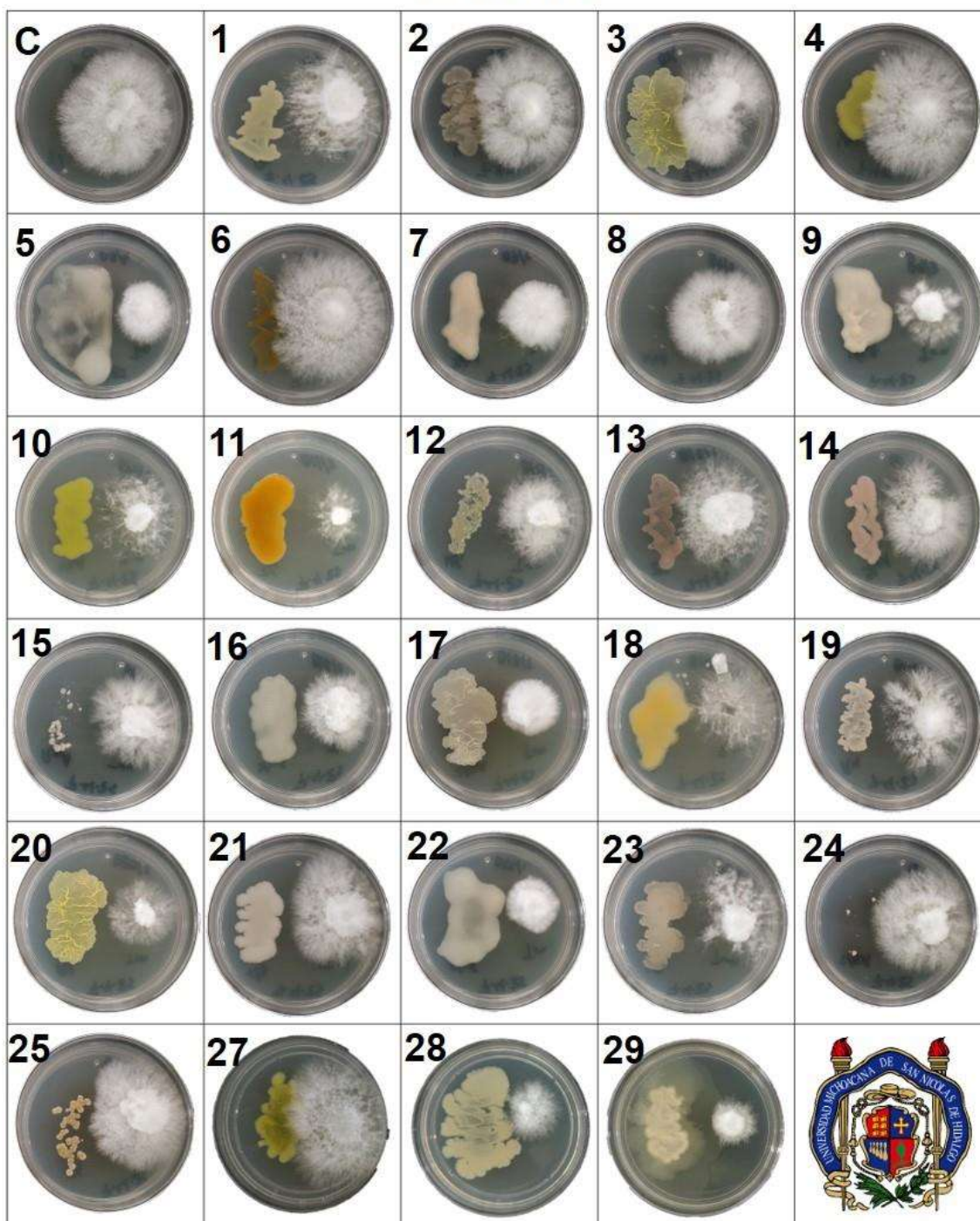
Anexo 5. Complemento de tabla 3 de inhibición de patógenos, catalogo del experimento de las bacterias con *Fusarium*.

Fusarium



Anexo 6. Complemento de tabla 3 de inhibición de patógenos, catalogo del experimento de las bacterias con *Trametes*.

Trametes



Anexo 7. Parámetros de sensibilidad a antibióticos de donde se extrajo información de la tabla 6. (tomado de <https://docslib.org/doc/4228108/disk-diffusion-susceptibility-test-procedure>)

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC [®] 25922 ^e	<i>S. aureus</i> ATCC [®] 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC [®] 27853	<i>E. coli</i> ATCC [®] 35218 ^e	<i>H. influenzae</i> ATCC [®] 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC [®] 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC [®] 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC [®] 49619 ^e
Amdinocillin	AMD-10	10ug				23-29	-	-	-	-	-	-	-
for Enterobacteriaceae			≤ 15	-	≥ 16								
Amikacin ⁵	AN-30	30ug				19-26	20-26	18-26	-	-	-	-	-
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 14	15--16	≥ 17								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15--16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae ^{17,19}			≤ 14	15--16	≥ 17								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15--16	≥ 17								
Amoxicillin/Clavulanic Acid ^{5,103,104,vi} (Augmentin)	AmC-30	20/10ug				18-24	28-36	-	17-22	15-23	-	-	-
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 19	-	≥ 20								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{86,91}			≤ 19	-	≥ 20								
for Enterobacteriaceae			≤ 13	14--17	≥ 18								
Ampicillin ^{9,13}	AM-10	10ug				16-22	27-35	-	6	13-21	-	-	30-36
for Enterobacteriaceae ^{14,17}			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,55,59,60}			≤ 28	-	≥ 29								
for <i>Enterococcus</i> species ^{76,77,80,81}			≤ 16	-	≥ 17								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{85,87,91}			≤ 18	19--21	≥ 22								
for beta-hemolytic streptococci ^{53,119,120}			-	-	≥ 24								
for <i>Vibrio cholerae</i> ¹⁷			≤ 13	14-16	≥ 17								
for <i>N. meningitidis</i> ¹³⁵			-	-	-								
Ampicillin/Sulbactam ⁵	SAM-20	10/10ug				19-24	29-37	-	13-19	14-22	-	-	-
for Enterobacteriaceae			≤ 11	12--14	≥ 15								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 11	12--14	≥ 15								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁹¹			≤ 19	-	≥ 20								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 11	12--14	≥ 15								
Azithromycin ⁴	AZM-15	15ug				-	21-26	-	-	13-21	-	-	19-25
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁸³			-	-	≥ 12								
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 13	14--17	≥ 18								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ⁷			≤ 13	14--17	≥ 18								
for <i>Streptococcus pneumoniae</i> ⁷			≤ 13	14--17	≥ 18								
for <i>N. meningitidis</i> ^{53,134,136}			-	-	≥ 20								
Azlocillin ^{9,13}	AZ-75	75ug				-	-	24-30	-	-	-	-	-
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 17	-	≥ 18								
Aztreonam ^{5,6,13}	ATM-30	30ug				28-36	-	23-29	-	30-38	-	-	-
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁸³			-	-	≥ 26								
for Enterobacteriaceae ^{16,26}			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 15	16--21	≥ 22								
Bacitracin	B-10	10U				-	12-22	-	-	-	-	-	-
Carbencillin ^{9,13}	CB-100	100ug				23-29	-	18-24	-	-	-	-	-
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 13	14--16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae			≤ 19	20--22	≥ 23								
Cefaclor ¹³	CEC-30	30ug				23-27	27-31	-	-	-	25-31	-	24-32
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{86,91}			≤ 16	17--19	≥ 20								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 14	15--17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15--17	≥ 18								
Cefamandole ^{11,13,91}	MA-30	30ug				26-32	26-34	-	-	-	-	-	-
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20}			≤ 14	15--17	≥ 18								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15--17	≥ 18								
Cefazolin ^{11,13}	CZ-30	30ug				21-27	29-35	-	-	-	-	-	-
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20,21,22}			-	-	-								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15--17	≥ 18								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Cefdinir ¹³	CDR-5	5ug				24-28	25-32	–	–	–	24-31	40-49	26-31
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 16	17–19	≥ 20								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,86}			–	–	≥ 20								
for Enterobacteriaceae ²⁸			≤ 16	17–19	≥ 20								
Cefditoren ¹³		5ug				22-28	20-28	–	–	25-34	–	–	27-35
Cefepime ^{5,11,13,110,111}	FEP-30	30ug				31-37	23-29	24-30	–	25-31	–	37-46	28-35
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 26								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 31								
for beta-hemolytic streptococci ^{53,119}			–	–	≥ 24								
for viridans group streptococci			≤ 21	22–23	≥ 24								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20,23}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15–17	≥ 18								
Cefixime ¹³	CFM-5	5ug				23-27	–	–	–	25-33	–	37-45	16-23
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,86}			–	–	≥ 21								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 31								
for Enterobacteriaceae ²⁹			≤ 15	16–18	≥ 19								
Cefmetazole	CMZ-30	30ug				26-32	25-34	–	–	16-21	–	31-36	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 12	13–15	≥ 16								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁴			≤ 27	28–32	≥ 33								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 12	13–15	≥ 16								
Cefonicid ^{11,13}	CID-30	30ug				25-29	22-28	–	–	–	30-38	–	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁹¹			≤ 16	17–19	≥ 20								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20}			≤ 14	15–17	≥ 18								
Cefoperazone ^{11,13}	CFP-75	75ug				28-34	24-33	23-29	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 15	16–20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20,32}			≤ 15	16–20	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 15	16–20	≥ 21								
Cefotaxime ^{5,11,13,103,107,109,112}	CTX-30	30ug				29-35	25-31	18-22	–	31-39	–	38-48	31-39
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,85}			–	–	≥ 26								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 31								
for <i>N. meningitidis</i> ⁵³			–	–	≥ 34								
for beta-hemolytic streptococci ^{53,119}			–	–	≥ 24								
for viridans group streptococci			≤ 25	26–27	≥ 28								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–22	≥ 23								
for Enterobacteriaceae ^{14,15,16,19,20,24,32,40}			≤ 22	23–25	≥ 26								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–22	≥ 23								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15–22	≥ 23								
Cefotetan ^{5,12}	CTT-30	30ug				28-34	17-23	–	–	–	–	30-36	–
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 19	20–25	≥ 26								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 12	13–15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 12	13–15	≥ 16								
Cefoxitin ^{15,12}	FOX-30	30ug				23-29	23-29	–	–	–	–	33-41	–
for <i>N. gonorrhoeae</i> ^{94,95}			≤ 23	24–27	≥ 28								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>S. aureus</i> and <i>S. lugdunensis</i>			≤ 21	–	≥ 22								
for coag-neg <i>Staph.</i> (not <i>S. lugdunensis</i>)			≤ 24	–	≥ 25								
Cefpodoxime ¹³	CPD-10	10ug				23-28	19-25	–	–	25-31	–	35-43	28-34
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,86}			–	–	≥ 21								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 29								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 17	18–20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae ^{29,40}			≤ 17	18–20	≥ 21								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Cefprozil ¹³	CPR-30	30ug				21-27	27-33	–	–	–	20-27	–	25-32
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{86,91}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ³⁰			≤ 14	15–17	≥ 18								
Ceftaroline	CPT-30	30ug				26-34	26-35	–	–	29-39	–	–	31-41
Ceftazidime ^{6,11,13}	CAZ-30	30ug				25-32	16-20	22-29	–	27-35	–	35-43	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,85}			–	–	≥ 26								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 31								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20,26,32,40}			≤ 17	18–20	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Burkholderia cepacia</i>			≤ 17	18–20	≥ 21								
Ceftazidime/Avibactam	CZA-50	30/20ug				27-35	16-22	25-31	28-35	28-34	--	--	23-31
for Enterobacteriaceae			≤ 20	--	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 17	--	≥ 18								
Ceftibuten ¹³	CTB-30	30ug				27-35	–	–	–	29-36	–	–	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 28								
Ceftizoxime ^{11,13}	ZOX-30	30ug				30-36	27-35	12-17	–	29-39	–	42-51	28-34
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 26								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 38								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–19	≥ 20								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20,27,32}			≤ 21	22–24	≥ 25								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–19	≥ 20								
Ceftobiprole ^k		30ug				30-36	26-34	24-30	–	28-36	30-38	–	33-39
Ceftolozane/Tazobactam	C/T40	30/10ug				24-32	10-18	25-31	25-31	23-29	–	–	21-29
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 16	17-20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae			≤ 17	18-20	≥ 21								
Ceftriaxone ^{5,11,13,103,107,109,112}	CRO-30	30ug				29-35	22-28	17-23	–	31-39	–	39-51	30-35
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{53,85}			–	–	≥ 26								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁵³			–	–	≥ 35								
for <i>N. meningitidis</i> ⁵³			–	–	≥ 34								
for beta-hemolytic streptococci ^{53,119}			–	–	≥ 24								
for viridans group streptococci			≤ 24	25–26	≥ 27								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 13	14–20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae ^{14,15,16,19,20,24,32}			≤ 19	20–22	≥ 23								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 13	14–20	≥ 21								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 13	14–20	≥ 21								
Cefuroxime (oral) ^{5,13}	CXM-30	30ug				20-26	27-35	–	–	–	28-36	33-41	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 14	15–22	≥ 23								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15–22	≥ 23								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁹¹			≤ 16	17–19	≥ 20								
Cefuroxime (parenteral) ^{5,11,13}	CXM-30	30ug				20-26	27-35	–	–	–	28-36	33-41	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> (parenteral) ⁹¹			≤ 16	17–19	≥ 20								
for <i>N. gonorrhoeae</i> (parenteral) ^{94,95}			≤ 25	26–30	≥ 31								
for <i>Staphylococcus</i> species (parenteral) ^{45,50,62}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae (parenteral) ^{16,19,20,25}			≤ 14	15–17	≥ 18								
Cephalothin ^{1,11,13}	CF-30	30ug				15-21	29-37	–	–	–	–	–	26-32
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ^{16,19,20}			≤ 14	15–17	≥ 18								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Chloramphenicol ^{4,6}	C-30	30ug				21-27	19-26	–	–	31-40	–	–	23-27
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁸⁵			≤ 25	26--28	≥ 29								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 20	–	≥ 21								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁵³			≤ 12	13--17	≥ 18								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 12	13--17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ¹⁴			≤ 12	13--17	≥ 18								
for <i>N. meningitidis</i>			≤ 19	20--25	≥ 26								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Vibrio cholerae</i> ¹²⁹			≤ 12	13--17	≥ 18								
Cinoxacin	CIN-100	100ug				26-32	–	–	–	–	–	–	–
for Enterobacteriaceae ³¹			≤ 14	15--18	≥ 19								
Ciprofloxacin ^{5,6}	CIP-5	5ug				30-40	22-30	25-33	–	34-42	–	48-58	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 21								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 27	28--40	≥ 41								
for <i>N. meningitidis</i> ¹³⁶			≤ 32	33--34	≥ 35								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{53,70}			≤ 15	16--20	≥ 21								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 15	16--20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 15	16--20	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 15	16--20	≥ 21								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 15	16--20	≥ 21								
Clarithromycin ^{4,151}	CLR-15	15ug				–	26-32	–	–	11-17	–	–	25-31
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			≤ 10	11--12	≥ 13								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 16	17--20	≥ 21								
for <i>S. pneumoniae</i> ⁷			≤ 16	17--20	≥ 21								
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 13	14--17	≥ 18								
Clinafloxacin		5ug				31-40	28-37	27-35	–	34-43	–	–	27-34
Clindamycin ^{4,18}	CC-2	2ug				–	24-30	–	–	–	–	–	19-25
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ^{116,121}			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷²			≤ 14	15--20	≥ 21								
Daptomycin ^{5,viii}		30ug				–	18-23	–	–	–	–	–	19-26
Delafloxacin	DLX-5	5µg				28-35	32-40	23-29	–	40-51	–	–	28-36
for <i>Staphylococcus aureus</i> (methicillin-resistant and susceptible isolates)			≤ 19	20-22	≥ 23								
for <i>Staphylococcus haemolyticus</i>			≤ 20	21--23	≥ 24								
for <i>Streptococcus pyogenes</i> ⁵³			--	--	≥ 20								
for <i>Streptococcus anginosus</i> Group ⁵³ (<i>S. anginosus</i> , <i>S. intermedius</i> , <i>S. constellatus</i>)			--	--	≥ 25								
for <i>Enterococcus faecalis</i>			≤ 18	19-20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae (<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>E. cloacae</i> only)			≤ 18	19-21	≥ 22								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 19	20-22	≥ 23								
Dirithromycin ⁴		15ug				–	18-26	–	–	–	–	–	18-25
for <i>Staphylococcus</i> species ^{53,69}			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>S. pneumoniae</i> ⁷			≤ 13	14--17	≥ 18								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 13	14--17	≥ 18								
Doripenem	DOR-10	10ug				27-35	33-42	28-35	–	21-31	–	–	30-38
Doxycycline ^{2,5,128,146,150}	D-30	30ug				18-24	23-29	–	–				
for <i>Staphylococcus</i> species ⁵³			≤ 12	13--15	≥ 16								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 12	13--15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae			≤ 10	11--13	≥ 14								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 9	10--12	≥ 13								
Eravacycline	ERV-20	20ug				16-23	19-26	–	–	–	–	–	–
for Enterobacteriaceae			--	--	≥15								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Enoxacin	ENX-10	10ug				28-36	22-28	22-28	–	–	–	43-51	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{7,70}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 31	32–35	≥ 36								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 14	15–17	≥ 18								
Ertapenem⁵	ETP-10	10ug				29-36	24-31	13-21	–	20-28	27-33	–	28-35
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,53,62}			≤ 15	16–18	≥ 19								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 19								
for Enterobacteriaceae ³²			≤ 15	16–18	≥ 19								
Erythromycin^{4,7,III}	E-15	15ug				–	22-30	–	–	–	–	–	25-30
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16–20	≥ 21								
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 13	14–22	≥ 23								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ¹¹⁶			≤ 15	16–20	≥ 21								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 13	14–22	≥ 23								
Fosfomycin³⁸	FOS-200	200ug				22-30	25-33	–	–				
for <i>Enterococcus</i> species ^{38,39,83}			≤ 12	13–15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae ^{18,38,39}			≤ 12	13–15	≥ 16								
Garenoxacin		5ug				28-35	30-36	19-25	–	33-41	–	–	26-33
Gatifloxacin⁸	GAT-5	5ug				30-37	27-33	20-28	–	33-41	–	45-56	24-31
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 19	20–22	≥ 23								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 18								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 33	34–37	≥ 38								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 17	18–20	≥ 21								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 17	18–20	≥ 21								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15–17	≥ 18								
Gemifloxacin		5ug				29-36	27-33	19-25	–	30-37	–	–	28-34
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 18								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 19	20–22	≥ 23								
for Enterobacteriaceae ^{14,34,35}			≤ 15	16–19	≥ 20								
Gentamicin^{6,III}	GM-10	10ug				19-26	19-27	16-21	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species ⁵³			≤ 12	13–14	≥ 15								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 12	13–14	≥ 15								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 12	13–14	≥ 15								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 12	13–14	≥ 15								
Grepafloxacin	GRX-5	5ug				28-36	26-31	20-27	–	32-39	–	44-52	21-28
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 24								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 27	28–36	≥ 37								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16–18	≥ 19								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16–18	≥ 19								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 14	15–17	≥ 18								
Imipenem⁵	IPM-10	10ug				26-32	–	20-28	–	21-29	–	–	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 16								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 13	14–15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae ³²			≤ 13	14–15	≥ 16								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 13	14–15	≥ 16								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 13	14–15	≥ 16								
Kanamycin	K-30	30ug				17-25	19-26	–	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 13	14–17	≥ 18								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 13	14–17	≥ 18								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Levofloxacin ^{5,6,136}	LVX-5	5ug				29-37	25-30	19-26	–	32-40	–	–	20-25
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i>			–	–	≥ 17								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 13	14--16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{53,70}			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 13	14--16	≥ 17								
for <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>			≤ 13	14--16	≥ 17								
Linezolid ⁵	LZD-30	30ug				–	25-32	–	–	–	–	–	25-34
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁴			≤ 20	–	≥ 21								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 20	21--22	≥ 23								
for <i>S. pneumoniae</i> ⁵³			–	–	≥ 21								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ⁵³			–	–	≥ 21								
Linopristin-flopristin	LFE-10	10ug				–	25-31	–	–	25-31	–	–	22-28
Lomefloxacin	LOM-10	10ug				27-33	23-29	22-28	–	33-41	–	45-54	–
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			–	–	≥ 22								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 26	27--37	≥ 38								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 18	19--21	≥ 22								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 18	19--21	≥ 22								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 18	19--21	≥ 22								
Loracarbaf	LOR-30	30ug				23-29	23-31	–	–	–	26-32	–	22-28
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,60}			≤ 14	15--17	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ^{86,91}			≤ 15	16--18	≥ 19								
for Enterobacteriaceae ²⁸			≤ 14	15--17	≥ 18								
Mecillinam	MEL-10	10ug				24-30	–	–	–	–	–	–	–
for Enterobacteriaceae ¹⁸			≤ 11	12--14	≥ 15								
Meropenem ^{5,103}	MEM-10	10ug				28-34	29-37	27-33	–	20-28	–	–	28-35
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,53,62}			≤ 13	14--15	≥ 16								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁸⁶			–	–	≥ 20								
for <i>N. meningitidis</i>			–	–	≥ 30								
for Enterobacteriaceae ³²			≤ 13	14--15	≥ 16								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 13	14--15	≥ 16								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 13	14--15	≥ 16								
for <i>Burkholderia cepacia</i>			≤ 15	16--19	≥ 20								
Meropenem-Vaborbactam	MEV-30	20/10ug				31-37	32-38	29-35	–	–	–	–	–
for Enterobacteriaceae			≤ 13	14--16	≥ 17								
Methicillin ^{10,13}	MET-5	5ug				–	17-22	–	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,55,61}			≤ 9	10--13	≥ 14								
Mezlocillin ^{9,13}	MZ-75	75ug				23-29	–	19-25	–	–	–	–	–
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 15	–	≥ 16								
for Enterobacteriaceae			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 17	18--20	≥ 21								
Minocycline ²	MI-30	30ug				19-25	25-30	–	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 14	15--18	≥ 19								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 14	15--18	≥ 19								
for <i>N. meningitidis</i> ^{53,136}			–	–	≥ 26								
for Enterobacteriaceae			≤ 12	13--15	≥ 16								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15--18	≥ 19								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 12	13--15	≥ 16								
for <i>Burkholderia cepacia</i>			≤ 14	15--18	≥ 19								
for <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>			≤ 14	15--18	≥ 19								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Moxalactam	MOX-30	30ug				28-35	18-24	17-25	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 14	15–22	≥ 23								
for Enterobacteriaceae ¹⁶			≤ 14	15–22	≥ 23								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 14	15–22	≥ 23								
Moxifloxacin⁶	MXF-5	5ug				28-35	28-35	17-25	–	31-39	–	–	25-31
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 20	21–23	≥ 24								
for <i>H. influenzae</i> and parainfluenzae ⁵³			–	–	≥ 18								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 14	15–17	≥ 18								
Nafcillin^{10,13}	NF-1	1ug				–	16-22	–	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,55}			≤ 10	11–12	≥ 13								
Nalidixic Acid	NA-30	30ug				22-28	–	–	–	–	–	–	–
for Enterobacteriaceae ^{31,34,36}			≤ 13	14–18	≥ 19								
for <i>N. meningitidis</i>			≤ 25	–	≥ 26								
Neomycin	N-30	30ug	≤ 12	13–16	≥ 17	17-23	18-26	–	–	–	–	–	–
Netilmicin	NET-30	30ug				22-30	22-31	17-23	–	–	–	–	–
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 12	13–14	≥ 15								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 12	13–14	≥ 15								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 12	13–14	≥ 15								
Nitrofurantoin	F/M-300	300ug				20-25	18-22	–	–	–	–	–	23-29
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 14	15–16	≥ 17								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 14	15–16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15–16	≥ 17								
Norfloxacin	NOR-10	10ug				28-35	17-28	22-29	–	–	–	–	15-21
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 12	13–16	≥ 17								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 12	13–16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 12	13–16	≥ 17								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 12	13–16	≥ 17								
Novobiocin	NB-30	30ug				–	22-31	–	–	–	–	–	–
on Mueller Hinton agar			≤ 17	18–21	≥ 22								
on Mueller Hinton/Sheep Blood (veterinary use)			≤ 14	15–16	≥ 17								
Ofloxacin^{6,13}	OFX-5	5ug				29-33	24-28	17-21	–	31-40	–	43-51	16-21
for <i>H. influenzae</i> and parainfluenzae ⁵³			–	–	≥ 16								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁵			≤ 24	25–30	≥ 31								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 12	13–15	≥ 16								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 12	13–15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae ^{14,34}			≤ 12	13–15	≥ 16								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁷⁰			≤ 14	15–17	≥ 18								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 12	13–15	≥ 16								
Omadacycline (Acute Bacterial Skin and Skin Structure Infections, ABSSI)	OMC-30	30ug				22-28	22-30	--	--	21-29	--	--	24-32
for <i>Klebsiella pneumoniae</i> , and <i>Enterobacter</i> <i>cloacae</i> only			≤ 15	16–17	≥ 18								
for <i>Staphylococcus aureus</i> (including methicillin resistant strains)			≤ 18	19–20	≥ 21								
for <i>Staphylococcus lugdunensis</i>			≤ 25	26–28	≥ 29								
for <i>Enterococcus faecalis</i> (including VRE)			≤ 15	16–17	≥ 18								
<i>Streptococcus anginosus</i> group (<i>S. anginosus</i> , <i>S. intermedius</i> , and <i>S. constellatus</i>)			≤ 17	18–23	≥ 24								
<i>Streptococcus pyogenes</i>			≤ 15	16–18	≥ 19								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Omadacycline (Community Acquired Bacterial Pneumonia, CABP)	OMC-30	30ug				22-28	22-30	--	--	21-29	--	--	24-32
for <i>Klebsiella pneumoniae</i> only			≤ 15	16--17	≥ 18								
for <i>Staphylococcus aureus</i> (methicillin-susceptible isolates only)			≤ 20	21--22	≥ 23								
for <i>Haemophilus influenzae</i> and <i>Haemophilus parainfluenzae</i>			≤ 16	17--19	≥ 20								
for <i>Streptococcus pneumoniae</i>			≤ 16	17--19	≥ 20								
Oxacillin ¹⁰	OX-1	1ug				--	18-24	--	--	--	--	--	≤12 ^{vii}
for <i>S. aureus</i> ^{45,55,57,58}			≤ 10	11--12	≥ 13								
for coag-neg <i>Staph.</i> and <i>S. lugdunensis</i> ^{45,55}			--	--	--								
for <i>S. pneumoniae</i> ¹⁰⁵ (penicillin G susceptibility)			--	--	≥ 20								
Oxolinic Acid	OA-2	2ug				20-24	10-13	--	--	--	--	--	--
Penicillin ^{9,13,45,55,103,104,119,124,125,126,147,148}	P-10	10U				--	26-37	--	--	--	--	26-34	24-30
for <i>Staphylococcus species</i> ⁵⁶			≤ 28	--	≥ 29								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ^{93,95,97,98}			≤ 26	27--46	≥ 47								
for beta-hemolytic streptococci ^{53,106,107,108,109,120}			--	--	≥ 24								
for <i>Enterococcus species</i> ^{76,77,80,81}			≤ 14	--	≥ 15								
for <i>N. meningitidis</i> ¹³⁵			--	--	--								
Piperacillin ^{5,9,13}	PIP-100	100ug				24-30	--	25-33	12-18	--	--	--	--
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 17	--	≥ 18								
for Enterobacteriaceae			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Acinetobacter species</i>			≤ 17	18--20	≥ 21								
Piperacillin/Tazobactam ⁵	TZP-110	100/10ug				24-30	27-36	25-33	24-30	33-38	--	--	--
for Enterobacteriaceae			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 17	--	≥ 18								
for <i>Acinetobacter species</i>			≤ 17	18--20	≥ 21								
for <i>Staphylococcus species</i> ^{45,50,62}			≤ 17	--	≥ 18								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁹¹			--	--	≥ 21								
Plazomicin	PLZ-30	30ug				21-27	19-25	15-21					
for Enterobacteriaceae			≤ 13	14--15	≥ 16								
Quinupristin-dalfopristin ^{5,6}	QD-15	15ug				--	21-28	--	--	15-21	--	--	19-24
for <i>Enterococcus species</i> ⁸⁴			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ¹¹⁵			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Staphylococcus species</i> ⁴⁷			≤ 15	16--18	≥ 19								
Razupenem	RZM	10ug				21-26	--	--	--	24-30	--	--	29-36
Rifampin ^{3,5}	RA-5	5ug				8-10	26-34	--	--	22-30	--	--	25-30
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i>			≤ 16	17--19	≥ 20								
for <i>N. meningitidis</i> ¹³⁶			≤ 19	20--24	≥ 25								
for <i>Staphylococcus species</i>			≤ 16	17--19	≥ 20								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 16	17--18	≥ 19								
for <i>Enterococcus species</i>			≤ 16	17--19	≥ 20								
Sparfloxacin	SPX-5	5ug				30-38	27-33	21-29	--	32-40	--	43-51	21-27
for <i>Staphylococcus species</i> ^{53,70}			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
Spectinomycin	SPT-100	100ug								--	--	23-29	--
for <i>N. gonorrhoeae</i> ⁹⁴			≤ 14	15--17	≥ 18								
Streptomycin ^{6,53,146,149,iii}	S-10	10ug				12-20	14-22	--	--	--	--	--	--
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 11	12--14	≥ 15								
Sulfisoxazole ^{37,136,138,iv}	G-0.25	0.25mg				15-23	24-34	--	--	--	--	--	--
for <i>Staphylococcus species</i> ⁷³			≤ 12	13--16	≥ 17								
for <i>Vibrio cholerae</i>			≤ 12	13--16	≥ 17								
for Enterobacteriaceae			≤ 12	13--16	≥ 17								

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Telavancin	TLV-30	30ug				-	16-20	-	-	-	-	-	17-24
Telithromycin ^{4,5}	TEL-15	15ug				-	24-30	-	-	17-23	-	-	27-33
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 18	19--21	≥ 22								
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁸⁶			≤ 11	12--14	≥ 15								
Tetracycline ^{2,5,6,146,150}	Te-30	30ug				18-25	24-30	-	-	14-22	-	30-42	27-31
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁹²			≤ 25	26--28	≥ 29								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ^{92,99}			≤ 30	31--37	≥ 38								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ⁹²			≤ 18	19--22	≥ 23								
for <i>S. pneumoniae</i> ⁹²			≤ 18	19--22	≥ 23								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁵³			≤ 14	15--18	≥ 19								
for <i>Enterococcus</i> species			≤ 14	15--18	≥ 19								
for Enterobacteriaceae			≤ 11	12--14	≥ 15								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 11	12--14	≥ 15								
for <i>Vibrio cholerae</i> ¹²⁸			≤ 14	15--18	≥ 19								
Ticarcillin ^{5,9,13}	TIC-75	75ug				24-30	-	21-27	6	-	-	-	-
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 14	-	≥ 15								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15--19	≥ 20								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15--19	≥ 20								
Ticarcillin/Clavulanic Acid ⁵ (Timentin)	TIM-85	75/10ug				24-30	29-37	20-28	21-25	-	-	-	-
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁴⁴			≤ 14	-	≥ 15								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15--19	≥ 20								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 14	15--19	≥ 20								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{45,50,62}			≤ 22	-	≥ 23								
Tigecycline	TGC-15	15ug				20-27	20-25	9-13	-	23-31	-	30-40	23-29
for <i>Staphylococcus aureus</i>			-	-	≥ 19								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			-	-	≥ 19								
for <i>Enterococcus faecalis</i>			-	-	≥ 19								
for Enterobacteriaceae			≤ 14	15-18	≥ 19								
Tobramycin	NN-10	10ug				18-26	19-29	19-25	-	-	-	-	-
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 12	13--14	≥ 15								
for Enterobacteriaceae ¹⁹			≤ 12	13--14	≥ 15								
for <i>Pseudomonas aeruginosa</i>			≤ 12	13--14	≥ 15								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 12	13--14	≥ 15								
Trimethoprim ^{iv}	TMP-5	5ug				21-28	19-26	-	-	-	-	-	-
for <i>Staphylococcus</i> species			≤ 10	11--15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae			≤ 10	11--15	≥ 16								
Trimethoprim/Sulfamethoxazole ^{5,iv}	SXT	1.25/23.75 ug				23-29	24-32	-	-	24-32	-	-	20-28
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i>			≤ 10	11--15	≥ 16								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Staphylococcus</i> species ⁵³			≤ 10	11--15	≥ 16								
for Enterobacteriaceae ¹⁴			≤ 10	11--15	≥ 16								
for <i>N. meningitidis</i> ^{136,138}			≤ 25	26--29	≥ 30								
for <i>Burkholderia cepacia</i> ¹⁴⁶			≤ 10	11--15	≥ 16								
for <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>			≤ 10	11--15	≥ 16								
for <i>Vibrio cholerae</i>			≤ 10	11--15	≥ 16								
for <i>Acinetobacter</i> species			≤ 10	11--15	≥ 16								
Trospectomycin		30ug				10-16	15-20	-	-	22-29	-	28-35	-
Trovaflaxacin	TVA-10	10ug				29-36	29-35	21-27	-	32-39	-	42-55	25-32
for <i>H. influenzae</i> and <i>parainfluenzae</i> ⁵³			-	-	≥ 22								
for <i>N. gonorrhoeae</i> ^{53,95}			-	-	≥ 34								
for <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i>			≤ 15	16--18	≥ 19								
Ulifloxacin (prulifloxacin) ^{vi}		5ug				32-38	20-26	27-33	-				

Antimicrobial Agent	Code	Disk Potency	Zone Diameter Interpretive Stds (mm) ^a			QC Zone Diameter Limits (mm)							
			Resistant ^b	Intermediate ^c	Susceptible ^d	<i>E. coli</i> ATCC® 25922 ⁱ	<i>S. aureus</i> ATCC® 25923	<i>P. aeruginosa</i> ATCC® 27853	<i>E. coli</i> ATCC® 35218 ^x	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49247	<i>H. influenzae</i> ATCC® 49766	<i>N. gonorrhoeae</i> ATCC® 49226	<i>S. pneumoniae</i> ATCC® 49619 ^y
Vancomycin⁵	Va-30	30ug				–	17-21	–	–	–	–	–	20-27
for <i>S. pneumoniae</i> ¹⁰³			–	–	≥ 17								
for <i>Streptococcus</i> other than <i>S. pneumoniae</i> ⁶⁹			–	–	≥ 17								
for <i>Enterococcus</i> species ^{77,79,82}			≤ 14	15--16	≥ 17								
for <i>Staphylococcus</i> species ^{53,63,64,65,66,67}			–	–	–								

Formato de Declaración de Originalidad y Uso de Inteligencia Artificial

Coordinación General de Estudios de Posgrado
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo



A quien corresponda,

Por este medio, quien abajo firma, bajo protesta de decir verdad, declara lo siguiente:

- Que presenta para revisión de originalidad el manuscrito cuyos detalles se especifican abajo.
- Que todas las fuentes consultadas para la elaboración del manuscrito están debidamente identificadas dentro del cuerpo del texto, e incluidas en la lista de referencias.
- Que, en caso de haber usado un sistema de inteligencia artificial, en cualquier etapa del desarrollo de su trabajo, lo ha especificado en la tabla que se encuentra en este documento.
- Que conoce la normativa de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, en particular los Incisos IX y XII del artículo 85, y los artículos 88 y 101 del Estatuto Universitario de la UMSNH, además del transitorio tercero del Reglamento General para los Estudios de Posgrado de la UMSNH.

Datos del manuscrito que se presenta a revisión		
Programa educativo	Maestría en Ciencias y Tecnología de la Madera	
Título del trabajo	AISLAMIENTO DE RIZOBACTERIAS DE ORIGEN FORESTAL QUE PROMUEVAN EL DESARROLLO VEGETAL MEDIANTE MECANISMOS DIRECTOS E INDIRECTOS	
	Nombre	Correo electrónico
Autor/es	Jesús de Sinaí Avalos Montes	ch.sinaí@gmail.com
Director	Crisanto Velázquez Becerra	crisanto.velazquez@umich.mx
Codirector	Mariela Gómez Romero	mariela.gomez@umich.mx
Coordinador del programa	Abril Munro Rojas	mae.cs.tecnologia.madera@umich.mx

Uso de Inteligencia Artificial		
Rubro	Uso (sí/no)	Descripción
Asistencia en la redacción	Sí	Apoyo en condensación para resumen/ abstract y cohesión textual.

Formato de Declaración de Originalidad y Uso de Inteligencia Artificial

Coordinación General de Estudios de Posgrado
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo



Uso de Inteligencia Artificial		
Rubro	Uso (sí/no)	Descripción
Traducción al español	Sí	Traducción rápida de artículos para comprensión primaria de temas nuevos
Traducción a otra lengua	Sí	Traducción del resumen a inglés como punto de partida para su escritura
Revisión y corrección de estilo	No	
Análisis de datos	No	
Búsqueda y organización de información	Sí	Búsqueda inicial de artículos científicos sobre temas nuevos con DOI de fuentes confiables
Formateo de las referencias bibliográficas	No	
Generación de contenido multimedia	No	
Otro		

Datos del solicitante	
Nombre y firma	JESUS DE JUAN PIVATO S. MARTINEZ
Lugar y fecha	15 de abril 2026 en Morelia, Michoacán, México.

Jesús de Sinaí Avalos Montes

AISLAMIENTO DE RIZOBACTERIAS DE ORIGEN FORESTAL QUE PROMUEVAN EL DESARROLLO VEGETAL MEDIANTE MEC...

 Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::3117:579302844

Fecha de entrega

16 abr 2026, 8:01 a.m. GMT-6

Fecha de descarga

16 abr 2026, 8:07 a.m. GMT-6

Nombre del archivo

AISLAMIENTO DE RIZOBACTERIAS DE ORIGEN FORESTAL QUE PROMUEVAN EL DESARROLLO VEGE....pdf

Tamaño del archivo

3.2 MB

57 páginas

18.518 palabras

101.542 caracteres

24% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- Texto citado
- Texto mencionado
- Coincidencias menores (menos de 10 palabras)

Exclusiones

- N.º de fuente excluida

Fuentes principales

- 24%  Fuentes de Internet
- 11%  Publicaciones
- 0%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alerta de integridad para revisión

-  **Caracteres reemplazados**
103 caracteres sospechosos en N.º de páginas
Las letras son intercambiadas por caracteres similares de otro alfabeto.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.