



# COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

FISIOLOGÍA VEGETAL

## **RIZOSFERA DE *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM. EN SAN PABLO IXAYOC, ESTADO DE MÉXICO**

ROSA MIREYA LÓPEZ AMBROCIO

T E S I S  
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL  
PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTORA EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, ESTADO DE MÉXICO, MÉXICO

2023



# COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

La presente tesis titulada: **Rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. en San Pablo Ixayoc, Estado de México**, realizada por la estudiante: **Rosa Mireya López Ambrocio**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTORA EN CIENCIAS  
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD  
FISIOLOGÍA VEGETAL

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO

  
DR. RONALD FERRERA CERRATO

CO-DIRECTOR

  
DR. JUAN JOSÉ ALMARAZ SUÁREZ


ASESOR

  
DR. OSCAR GARCÍA BARRADAS

ASESORA

  
DRA. MA. CRISTINA GPE. LÓPEZ PERALTA

ASESORA

  
DRA. ARMIDA LETICIA PACHECO MOTA

ASESORA

  
DRA. LIBIA IRIS TREJO TELLEZ

Montecillo, Texcoco, Estado de México, México, marzo de 2023

**RIZOSFERA DE *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM. EN SAN PABLO  
IXAYOC, ESTADO DE MÉXICO**

**Rosa Mireya López Ambrocio, D.C.  
Colegio de Postgraduados, 2023**

**RESUMEN**

Las plantas están rodeadas de una gran cantidad de microorganismos de diferentes taxones, entre los habitantes de la rizosfera se encuentran los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), hongos rizosféricos y las bacterias promotoras de crecimiento vegetal. El objetivo de este trabajo fue caracterizar y cuantificar las poblaciones de rizobacterias, hongos micorrizicos arbusculares (HMA), hongos rizosféricos y hongos endófitos (HE) asociados a de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., en el Monte Tláloc, San Pablo Ixayoc, Estado de México. Las muestras se colectaron en julio del 2019, se seleccionaron cuatro poblaciones de *D. pseudofilix-mas* a lo largo de una cañada, en cada una se colectó suelo rizosférico de cuatro individuos. Las poblaciones de bacterias fueron cuantificadas por el método de dilución y conteo en placa, las cepas aisladas se identificaron usando el gen 16S rDNA. La colonización por hongos micorrízicos arbusculares se evaluó siguiendo el método de Phillips y Hayman, la extracción de esporas se efectuó por el método de tamizado húmedo y decantación, la identificación de las especies se realizó con base a las características morfológicas de las esporas. Los hongos rizosféricos fueron cuantificados por el método de dilución y conteo en placa. Los hongos endófitos se aislaron de raíz, pecíolo, pinna basal, pinna media y ápice, y su identificación molecular se realizó usando las secuencias del gen ITS. El suelo se caracterizó por ser ácido a ligeramente ácido, con alto contenido de fósforo (33.5 a 66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrógeno (0.33 a 0.50 %) y materia orgánica (3.5 a 4.2 %). Los valores de radiación fotosintéticamente activa fueron bajos en los cuatro sitios de muestreo (31.8 a 141.3 μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>). Las poblaciones de bacterias totales oscilaron de 230 a 923 x 10<sup>3</sup> UFC g<sup>-1</sup> suelo. Se aislaron 120 cepas bacterianas, las más abundantes fueron *Pseudomonas* y *Bacillus*, *Pseudomonas jessenii* estuvo presente en la rizosfera de todas las plantas. El 100 % de las cepas bacterianas presentaron más de una actividad de promoción del crecimiento, el grupo de fijadores nitrógeno fue el más abundante. El porcentaje de colonización por HMA en raíces fue de 37 a 47 %; se identificaron 24 morfoespecies, siete se registraron en todos los sitios de estudio (*Acaulospora alpina*, *A. mellea*, *Claroideoglopus claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *F. mosseae*, *Glomus microcarpum* y *Rhizophagus clarus*). Las poblaciones de hongos rizosféricos fluctuaron 2.4 x 10<sup>2</sup> a 7.4 x 10<sup>2</sup> UFC g<sup>-1</sup> de suelo, se identificaron cinco especies, que se agruparon en cinco géneros, el más numeroso fue *Penicillium*, la especie *P. fellutanum* estuvo presente en los tres sitios de estudio. Para hongos endófitos se aislaron 64 cepas distribuidas en 25 géneros, predominando *Cladosporium*, *Xylaria*, *Biscogniauxia* y *Epicoccum*.

**Palabras clave:** helecho, bacterias promotoras de crecimiento vegetal, hongos micorrízicos arbusculares, endófitos, diversidad.

**RHIZOSPHERA OF *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM. IN SAN PABLO  
IXAYOC, STATE OF MEXICO**

**Rosa Mireya López Ambrocio, D.C.  
Colegio de Postgraduados, 2023**

**ABSTRACT**

Plants are surrounded by a several groups of microorganisms of different taxa, among the inhabitants of the rhizosphere are arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), rhizospheric fungi, and plant growth-promoting bacteria. This work aimed to analyze and quantify the rhizospheric bacterial populations, arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), rhizospheric fungi and endophytes fungi (EF) associated of *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm roots. at Mount Tlálloc, San Pablo Ixayoc, State of Mexico. The study area corresponds to *Abies religiosa* forest and mixed forest (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). The samples were collected in July 2019. Four populations of *D. pseudofilix-mas* were selected along a ravine, in each one rhizospheric soil was collected from four individuals. Bacterial populations were quantified by the plate count and dilution method, the characterization was carried out morphologically and molecularly, the isolated strains were identified using the 16S rDNA gene. Colonization by AMF was evaluated following the Phillips and Hayman method, the extraction of spores was carried out by the method of wet sieving and decantation, the identification of the AMF species was carried out based on the morphological characteristics of the spores. Rhizospheric fungi were quantified by the plate count and dilution method. Endophytic fungi were isolated from the root, petiole, basal pinna, median pinna, and apex. The soil was characterized as being acid to slightly acid (pH 5.3-6.1), with a high content of phosphorus (33.5 to 66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrogen (0.33 to 0.50 %), organic matter (3.5-4.2 %) and lower electrical conductivity. to 1. Photosynthetically active radiation values were low at the four sites. The colony-forming units of total bacteria ranged from 230 to 923 x 10<sup>3</sup> CFU g<sup>-1</sup> soil, 120 bacterial strains were isolated, the most abundant being *Pseudomonas* and *Bacillus*; 100% of the strains presented plant growth-promoting activities, and the group of nitrogen fixers was the most abundant. The percentage of root colonization was 37 to 47 %, 24 morphospecies grouped into nine genera were identified; seven were recorded in all study sites (*Acaulospora alpina*, *A. mellea*, *Claroideoglomus claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *F. mosseae*, *Glomus microcarpum*, and *Rhizophagus clarus*). Total fungal populations fluctuated from 2.4 to 7.4 x 10<sup>2</sup> CFU g<sup>-1</sup> of soil. 17 strains were identified and grouped into five genera, the most numerous was *Penicillium*, and the species *P. fellutanum* was detected in the three study sites. For EF, 64 strains were identified, which were grouped into 25 genera, predominantly *Cladosporium*, *Xilaria*, *Biscogniauxia*, and *Epicoccum*.

**Keywords:** fern, plant growth promoting bacteria, arbuscular mycorrhizal fungi, endophytes, diversity.

## **AGRADECIMIENTOS**

Al Colegio de Postgraduados campus Montecillo, por darme la oportunidad de realizar mis estudios de Doctorado.

Al Posgrado de Recursos Genética y Productividad - Fisiología Vegetal por la asesoría y el apoyo académico brindado.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada.

Al Dr. Ronald Ferrera Cerrato por su tiempo brindado, asesoría y por guiarme en la realización de este trabajo.

Al Dr. Juan José Almaraz Suárez por su tiempo dedicado, asesoría y apoyo brindado en la elaboración de este trabajo.

A la Dra. Armida Leticia Pacheco Mota por su amistad, asesoría y entusiasmo en la realización de este trabajo.

A la Dra. Ma. Cristina Gpe. López Peralta por su asesoría, motivación y tiempo dedicado a este trabajo.

A la Dra. Libia Iris Trejo Téllez por su asesoría, apoyo y tiempo dedicado en la realización de este trabajo.

Al Dr. Oscar García Barradas por su asesoría y tiempo dedicado en la realización de este trabajo.

Al Dr. Alejandro Alarcón por sus observaciones y sugerencias en la realización de este trabajo.

Al Dr. Santos Carballar Hernández por su asesoría y colaboración para realizar el capítulo relacionado con hongos micorrízicos arbusculares.

Al Biólogo Simón Morales Rodríguez el apoyo brindado y asesoriamiento en la observación de muestras de hongos rizosféricos y micorrízicos en la unidad de microscopía.

## **DEDICATORIA**

A Dios por permitirme concluir esta etapa, y por no dejarme sola en los días más difíciles al designar en mi camino a mi familia, amigos, profesores y compañeros que me inspiraron, acompañaron y motivaron todos los días.

## CONTENIDO

RESUMEN .....	iii
ABSTRACT .....	iv
AGRADECIMIENTOS.....	v
DEDICATORIA .....	vi
LISTA DE CUADROS.....	xi
LISTA DE FIGURAS .....	xiii
INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	3
OBJETIVOS E HIPÓTESIS .....	5
Objetivo general.....	5
Objetivos particulares .....	5
Hipótesis general .....	5
Hipótesis particulares.....	5
REVISIÓN DE LITERATURA .....	7
Helechos .....	7
Importancia ecológica.....	9
Helechos medicinales .....	10
Comunidades microbianas asociadas a helechos.....	12
Bacterias asociadas a helechos.....	12
Hongos rizosféricos asociados a helechos .....	14
Hongos endófitos asociados a helechos.....	17
Características del género <i>Dryopteris</i> .....	18
Descripción taxonómica y geográfica de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm.....	19
Importancia biológica de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm.: helecho mexicano como fuente de sustancias con actividades biológicas .....	20
CAPÍTULO I. AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS RIZOSFÉRICAS CULTIVABLES PRESENTES EN <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (FÉE) ROTHM.....	23

<b>1.1 RESUMEN</b> .....	23
<b>1.2 ABSTRACT</b> .....	24
<b>1.3 INTRODUCCIÓN</b> .....	25
<b>1.4 MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	26
<b>1.4.1 Área de estudio</b> .....	26
<b>1.4.2 Recolección de material biológico</b> .....	27
<b>1.4.3 Análisis físico y químico de suelo</b> .....	28
<b>1.4.4 Cuantificación de bacterias en el suelo</b> .....	28
<b>1.4.5 Aislamiento y caracterización morfológica de cepas bacterianas</b> .....	29
<b>1.4.6 Análisis cualitativo de función ecológica de las cepas bacterianas</b> .....	29
<b>1.4.7 Identificación molecular de las cepas bacterianas</b> .....	31
<b>1.4.8 Análisis estadístico</b> .....	33
<b>1.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b> .....	33
<b>1.5.1 Variables registradas en campo</b> .....	33
<b>1.5.2 Características físicas y químicas del suelo</b> .....	34
<b>1.5.3 Cuantificación de bacterias en el suelo</b> .....	35
<b>1.5.4 Correlación entre el número de bacterias y las características del suelo</b> .....	37
<b>1.5.5 Aislamiento y caracterización de bacterias del suelo</b> .....	38
<b>1.5.6 Identificación molecular de las cepas bacterianas</b> .....	39
<b>1.5.7 Análisis cualitativo de función ecológica de las bacterias aisladas</b> .....	51
<b>1.6 CONCLUSIONES</b> .....	55
<b>CAPÍTULO II. HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ASOCIADOS A</b>	
<b><i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (FÉE) ROTHM.</b> .....	57
<b>2.1 RESUMEN</b> .....	57
<b>2.2 ABSTRACT</b> .....	58
<b>2.3 INTRODUCCIÓN</b> .....	59
<b>2.4 MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	60



2.4.1 Área de estudio .....	60
2.4.2 Recolección de material biológico .....	60
2.4.3 Análisis físico y químico de suelo .....	61
2.4.4 Evaluación de la colonización micorrízica en las raíces de los helechos .....	61
2.4.5 Extracción de esporas y determinación de hongos micorrízicos arbusculares .....	61
2.4.6 Determinación de la abundancia, riqueza y diversidad de hongos micorrízicos arbusculares .....	62
2.4.7 Análisis estadístico .....	63
<b>2.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>	<b>63</b>
2.5.1 Características físicas y químicas del suelo .....	63
2.5.2 Evaluación de la colonización micorrízica en las raíces de los helechos .....	63
2.5.3 Abundancia, riqueza y diversidad de hongos micorrízicos arbusculares .....	68
2.5.4 Correlación de los parámetros de la micorriza arbuscular con las características del suelo .....	74
<b>2.6 CONCLUSIONES .....</b>	<b>76</b>
<b>CAPÍTULO III. HONGOS RIZOSFÉRICOS CULTIVABLES Y HONGOS ENDÓFITOS ASOCIADOS A <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (FÉE) ROTHM. ....</b>	<b>77</b>
3.1 RESUMEN .....	77
3.2 ABSTRACT .....	78
3.3 INTRODUCCIÓN .....	79
3.4 MATERIALES Y MÉTODOS .....	80
3.4.1 Área de estudio .....	80
3.4.2 Recolección de material biológico .....	80
3.4.3 Análisis físico y químico de suelo .....	81
3.4.4 Cuantificación de hongos rizosféricos .....	81
3.4.5 Aislamiento y caracterización de hongos rizosféricos .....	82
3.4.6 Aislamiento y caracterización de hongos endófitos .....	82

<b>3.4.7 Identificación molecular de los hongos rizosféricos y hongos endófitos</b> .....	83
<b>3.4.8 Análisis estadístico</b> .....	83
<b>3.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b> .....	84
<b>3.5.1 Características físicas y químicas del suelo</b> .....	84
<b>3.5.2 Variables registradas en campo</b> .....	84
<b>3.5.3 Hongos rizosféricos</b> .....	85
<b>3.5.4 Aislamiento y caracterización de hongos rizosféricos</b> .....	86
<b>3.5.5 Abundancia, riqueza y diversidad de hongos endófitos</b> .....	89
<b>3.5.6 Diversidad de hongos endófitos en órganos</b> .....	98
<b>3.6 CONCLUSIONES</b> .....	99
<b>CONCLUSIONES GENERALES</b> .....	101
<b>LITERATURA CITADA</b> .....	102
<b>ANEXOS</b> .....	118
<b>A1.</b> Características morfológicas macro y microscópicas de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm. Fila sombreada corresponde a las cepas que perdieron viabilidad. ....	118
<b>A2.</b> Secuencias 16s DNA correspondientes a cepas de bacterias aisladas de la rizosfera de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm. ....	126
<b>A3.</b> Función ecológica de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm. Fila sombreada corresponde a cepas que perdieron viabilidad. + =positivo a la prueba, - = negativo a la prueba .....	167
<b>A4.</b> Blast de hongos aislados de la rizosfera de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm. ....	172
<b>A5.</b> Blast de hongos endófitos aislados de <i>Dryopteris pseudofilix-mas</i> (Fée) Rothm. ....	176

## LISTA DE CUADROS

<b>Cuadro 1.</b> Helechos medicinales y uso. ....	11
<b>Cuadro 2.</b> Estructuras registradas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y hongos endófitos septados (HES) en raíces de helechos.....	16
<b>Cuadro 3.</b> Altitud (m), radiación fotosintéticamente activa (RFA), humedad relativa, humedad y temperatura del suelo en los cuatro sitios de estudio. ....	34
<b>Cuadro 4.</b> Características químicas del suelo en cada sitio muestreado. ....	35
<b>Cuadro 5.</b> Unidades formadoras de colonias (UFC) de microorganismos en la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> en cuatro sitios de la cañada de San Pablo, Ixayoc.....	36
<b>Cuadro 6.</b> Correlaciones entre el número de microorganismo y las características del suelo en la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> . ....	37
<b>Cuadro 7.</b> Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de rizobacterias entre los cuatro sitios de muestreo. ....	50
<b>Cuadro 8.</b> Función ecológica de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> .....	53
<b>Cuadro 9.</b> Número de esporas y abundancia relativa de los HMA presentes en la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios de muestreo.....	71
<b>Cuadro 10.</b> Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de HMA entre los cuatro sitios de muestreo.....	73
<b>Cuadro 11.</b> Listado de hongos micorrízicos arbusculares (HMA), riqueza e índices de Shannon-Wiener y de Simpson en el suelo rizosférico de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios de muestreo. + = Presencia. ....	74
<b>Cuadro 12.</b> Correlación de las propiedades del suelo con los parámetros de la micorriza arbuscular (colonización micorrizica arbuscular, hifas, arbusculos, vesículas, esporas, células moniliformes y número de esporas) en el suelo de <i>D. pseudofilix-mas</i> .....	75
<b>Cuadro 13.</b> Radiación fotosintéticamente activa (RFA), radiación ultravioleta (UV), humedad del suelo y temperatura en los cuatro sitios de estudio. ....	84
<b>Cuadro 14.</b> Unidades formadoras de colonias (UFC) de hongos rizosféricos aislados de <i>D. pseudofilix-mas</i> en tres sitios de estudio. ....	85

<b>Cuadro 15.</b> Listado de hongos rizosféricos asociados a <i>D. pseudofilix-mas</i> en los tres sitios de muestreo. + = Presencia .....	89
<b>Cuadro 16.</b> Número de aislamientos y abundancia relativa de hongos endófitos presentes en <i>D. pseudofilix-mas</i> en los tres sitios de muestreo.....	93
<b>Cuadro 17.</b> Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de hongos endófitos entre los tres sitios de muestreo. ....	94
<b>Cuadro 18.</b> Listado de hongos endófitos de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los tres sitios de muestreo. + = Presencia. ....	97

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Diagrama del ciclo de vida del helecho, **A.** esporofito. **B.** detalle de pinna con soros redondeados que contienen esporas. **C.** dispersión de esporas. **D.** gametofito, fase haploide del ciclo de vida del helecho. **E.** gametofito con la primera hoja del esporofito (Adaptado de Anderson, 2021). ..... 8
- Figura 2.** *Dryopteris pseudofilix-mas* en el Monte Tláloc, San Pablo Ixayoc, Estado de México (foto de Almaraz-Suárez). ..... 20
- Figura 3.** Ubicación de los sitios muestreados (<https://earth.google.com>)..... 27
- Figura 4.** Evaluación de la función ecológica de cada cepa. **A** Productoras de auxinas; **B** Fijadoras de nitrógeno; **C** Solubilizadoras de fosfato. .... 30
- Figura 5.** Morfología microscópica de cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*. **A.** estreptobacilo, aislamiento P14-1, **B.** bacilo, aislamiento P13-1..... 39
- Figura 6.** Morfología bacteriana de los aislamientos de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*. ..... 39
- Figura 7.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 1. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo..... 42
- Figura 8.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 2. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo..... 43
- Figura 9.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 3. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo..... 44

<b>Figura 10.</b> Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> en el sitio 4. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 substituciones por grupo. ....	45
<b>Figura 11.</b> Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. ....	49
<b>Figura 12.</b> Porcentaje de grupos bacterianos aislados de la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> en cada sitio muestreado. ....	52
<b>Figura 13.</b> Colonización micorrízica de las raíces de helechos <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra en cada subfigura no presentan diferencias significativas. (Tukey, $\alpha=0.05$ ). Medias $\pm$ error estándar. n = 4. <b>A.</b> Colonización micorrízica arbuscular total; <b>B.</b> Hifas; <b>C.</b> Arbúsculos, <b>D.</b> Vesículas, <b>E.</b> Esporas y <b>F.</b> Células moniliformes. ....	65
<b>Figura 14.</b> Micorriza arbuscular (MA) en <i>D. pseudofilix-mas</i> : <b>A.</b> Hifas de cenocíticas (hc) y, vesícula (v) de MA, hifa septada (hs) y microesclerocios (mc) de hongo endófito (HE); <b>B</b> y <b>C.</b> Esporas de hongos micorrízicos arbusculares (e); <b>D.</b> Hifa fúngica de MA entrando por pelo radical (hr); <b>E</b> y <b>F.</b> Arbúsculos de MA (ar). ....	66
<b>Figura 15.</b> Hongos endófitos septados (HES) en raíces de <i>D. pseudofilix-mas</i> : <b>A</b> y <b>C.</b> Hifas septadas (hs); <b>B.</b> Esporas de HES (e); <b>D</b> y <b>E.</b> Microesclerocios (me); <b>F.</b> Hifa septada (hs) entrando por un pelo radical (hr). ....	67
<b>Figura 16.</b> Colonización por hongos endófitos septados (HES) en las raíces de helechos <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey, $\alpha=0.05$ ). Medias $\pm$ error estándar. n = 4. ....	68

<b>Figura 17.</b> Abundancia total de esporas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) extraídas del suelo rizosférico de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey, $\alpha=0.05$ ). Medias $\pm$ error estándar. n = 4. ....	69
<b>Figura 18.</b> Esporas hongos micorrízicos arbusculares en el suelo rizosférico de <i>D. pseudofilix-mas</i> : <b>A.</b> <i>Acaulospora alpina</i> ; <b>B.</b> <i>Septoglomus constrictum</i> ; <b>C.</b> <i>Acaulospora spinosa</i> ; <b>D.</b> <i>Acaulospora</i> sp. 1; <b>E.</b> <i>Acaulospora mellea</i> ; <b>F.</b> <i>Funneliformis geosporum</i> ; <b>G.</b> <i>Claroideoglomus</i> sp. 2; <b>H.</b> <i>Diversispora spurca</i> ; <b>I.</b> <i>Ambispora</i> sp. 2; <b>J.</b> <i>Funneliformis mosseae</i> ; <b>K.</b> <i>Glomus microcarpum</i> ; <b>L.</b> <i>Rhizophagus clarus</i> . ....	72
<b>Figura 19.</b> Ubicación de los sitios muestreados ( <a href="https://earth.google.com">https://earth.google.com</a> ).....	81
<b>Figura 20.</b> Morfología colonial y microscópica correspondiente a los hongos aislados de la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> . <b>A.</b> <i>Alternaria alternata</i> ; <b>B.</b> <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> ; <b>C.</b> <i>Penicillium concentricum</i> ; <b>D, E y F.</b> <i>Penicillium fellutanum</i> ; <b>G.</b> <i>Penicillium</i> sp. 1; <b>H.</b> <i>Penicillium</i> sp. 2.....	87
<b>Figura 21.</b> Morfología colonial y microscópica correspondiente a los hongos aislados de la rizosfera de <i>D. pseudofilix-mas</i> . <b>A.</b> <i>Scytalidium lignicola</i> ; <b>B.</b> <i>Talaromyces</i> sp.; <b>C.</b> Trichocomaceae; <b>D.</b> Fungal sp. ....	88
<b>Figura 22.</b> Morfología colonial correspondiente a los hongos endófitos aislados de <i>D. pseudofilix-mas</i> . <b>A.</b> <i>Xylaria multiplex</i> ; <b>B y C.</b> <i>Xylaria</i> sp. 1; <b>D.</b> <i>Xylaria</i> sp. 2; <b>E y F.</b> <i>Alternaria alternata</i> ; <b>G.</b> <i>Epicoccum lauyense</i> ; <b>H y I.</b> <i>Epicoccum nigrum</i> ; <b>J.</b> <i>Trichoderma atroviride</i> ; <b>K.</b> <i>Biscogniauxia mediterránea</i> ; <b>L.</b> <i>Biscogniauxia</i> sp. 1. ....	91
<b>Figura 23.</b> Morfología colonial correspondiente a los hongos endófitos aislados de <i>D. pseudofilix-mas</i> . <b>A.</b> <i>Cladosporium cladosporioides</i> ; <b>B.</b> <i>Cladosporium asperulatum</i> ; <b>C.</b> <i>Cladosporium</i> sp.; <b>D.</b> <i>Colletotrichum godetiae</i> ; <b>E.</b> <i>Fusarium oxysporum</i> ; <b>F.</b> <i>Myrmaecium rubricosum</i> ; <b>G.</b> <i>Preussia minima</i> ; <b>H.</b> <i>Preussia similis</i> ; <b>I.</b> <i>Sarocladium</i> sp.; <b>J.</b> Fungal endophyte sp.1; <b>K.</b> Fungal endophyte sp.2; <b>L.</b> <i>Annulohyphoxylon stygium</i> . ....	92
<b>Figura 24.</b> Número de especies de hongos endófitos aislados en cada órgano de <i>D. pseudofilix-mas</i> en los sitios de estudio.....	99

## INTRODUCCIÓN GENERAL

Las raíces de las plantas están rodeadas de una gran cantidad de microorganismos de diferentes taxones, algunos de ellos proveen beneficios a su planta hospedera a través de distintos mecanismos como son: la producción de fitohormonas, solubilización de fosfatos, fijación de nitrógeno, protección contra presiones ambientales y microorganismos fitopatógenos. En la rizosfera se encuentran hongos formadores de micorriza arbuscular, hongos filamentosos y bacterias promotoras de crecimiento vegetal (Frac *et al.*, 2018).

Los helechos son un grupo de plantas pobremente estudiado en relación a los microorganismos asociados a su rizosfera. Los helechos son plantas vasculares, cuya dispersión es por medio de esporas; mantienen interacciones ecológicas con distintos organismos como bacterias, algas, amebas, hongos, lombrices, y artrópodos (Anderson, 2009; Mehltreter, 2010; Lara Pérez *et al.*, 2015; Sen *et al.*, 2018). Sus rizomas y raíces son fuentes sustanciales de materia orgánica que pueden soportar una gran diversidad de comunidades microbianas (Anderson, 2009).

Conocer las comunidades bacterianas asociadas a los helechos permitiría comprender el tipo de interacción que estas plantas han establecido con estos microorganismos, así como diseñar estrategias de conservación y restauración de ecosistemas (Anderson, 2009; Sen *et al.*, 2018). Algunas especies del género *Dryopteris* poseen propiedades medicinales, generalmente se emplea el rizoma y las hojas secas para tratar heridas y hemorragias nasales; en infusiones se utilizan como antihelmíntico, para tratar enfermedades respiratorias y úlceras gástricas (Goswami *et al.*, 2016; Srivastava y Paul, 2016; Nazir *et al.*, 2021).

En México, el género *Dryopteris* está representado por trece especies. *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. es una especie mexicana, que se encuentra distribuida en los estados de Nuevo León, Michoacán, Querétaro, Hidalgo, Estado de México, Puebla, Morelos, Veracruz, Oaxaca, Chiapas y en la Ciudad de México (Mickel y Smith, 2004). Crece principalmente en bosques de *Pinus-Quercus* y en barrancas boscosas de *Juniperus*, en altitudes de 2,400 a 3,500 m, en suelos ácidos a ligeramente ácidos, con



alto contenido de materia orgánica (Rodríguez *et al.*, 2008). El propósito de esta investigación fue contribuir al conocimiento de las comunidades microbianas asociadas a la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas.* (Fée) Rothm.

## PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Los helechos son un grupo diverso de plantas vasculares con gran importancia ecológica y antropogénica; tienen un largo historial como recursos alimenticios, ceremoniales, medicinales, ornamentales y como fertilizantes (Pérez-Paredes *et al.*, 2012; Srivastava y Paul, 2016). Se calcula que la riqueza de helechos y licofitas en el mundo es superior a las 12,000 especies, para México se citan 902 especies de helechos agrupadas en 32 familias (Mickel y Smith, 2004). Para el Estado de México, se tienen registrados 228 especies (Martínez-Salas y Ramos, 2014; Tejero-Díez y Torres Díaz, 2016).

La singular importancia ecológica de los helechos se debe a que son especies pioneras en la colonización de hábitats abiertos y perturbados, promueven la formación de suelo, controlan el proceso de erosión y mantienen estable la temperatura del suelo. Así mismo, su densa red de rizomas y raíces son el microhábitat de numerosos organismos (Mehltreter, 2010). Los helechos establecen interacciones ecológicas con otros microorganismos como bacterias, cianobacterias, hongos y amebas (Jackson *et al.*, 2006; Anderson, 2009; Kim *et al.*, 2009; Fernández *et al.*, 2011; Dijkhuizen *et al.*, 2017; Sen *et al.*, 2018). Algunas especies de bacterias y hongos aislados de helechos son solubilizadoras de fosfato, fijadoras de nitrógeno, secretoras de sideróforos o proveedores de fósforo; sin embargo, la mayoría de las cepas no han sido identificadas y existe una probabilidad que se registren nuevas especies, las cuales pueden tener alguna aplicación biotecnológica (Srivastava y Paul, 2016; Sen *et al.*, 2018).

En 1993 Stierle y colaboradores sugirieron que los tejidos de *Taxus brevifolia* podrían albergar microorganismos endófitos que sintetizaran taxol; en ese mismo año, Strobel *et al.* (1993) aislaron de esta especie vegetal el hongo *Taxomyces andreanae* que tiene la capacidad de sintetizar taxol, siendo éste la fuente original de esta importante droga contra el cáncer (Sánchez-Fernández *et al.*, 2013; Venugopalan y Srivastava, 2015).

En la actualidad algunos helechos son utilizados en la medicina tradicional para tratamientos de distintas enfermedades, e incluso se han citado especies asiáticas del género *Dryopteris* con propiedades citotóxicas (Cao *et al.*, 2017). Es posible que los helechos con antecedentes etnobotánicos, y su microbiota asociada, sean fuentes

promisorias de metabolitos bioactivos con utilidad en la agricultura, medicina y en la restauración de ecosistemas. *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., es una especie mexicana, de la cual se desconocen las comunidades microbianas que interactúan en su rizosfera, así como la función ecológica que pueden llegar a tener cada una de ellas. Por lo tanto, es importante caracterizar los microorganismos cultivables de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* y conocer las funciones ecológicas de estos microorganismos.

Entonces, *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. ¿es hospedero de microorganismos rizosféricos que desempeñan una función en el crecimiento de la planta? Si esto es así, ¿qué grupos de microorganismos predominan en su rizosfera? ¿cómo influyen las condiciones del suelo en las comunidades de estos microorganismos rizosféricos?

## OBJETIVOS E HIPÓTESIS

### Objetivo general

I. Conocer las poblaciones microbianas funcionales y cultivables de la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., para describir su composición y similitud a lo largo de la cañada de San Pablo Ixayoc, Texcoco, Estado de México.

### Objetivos particulares

- I. Cuantificar y aislar las poblaciones de rizobacterias, hongos rizosféricos, hongos micorrízicos arbusculares y hongos endófitos asociados a *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. en el Monte Tláloc, San Pablo Ixayoc, Estado de México.
- II. Describir la composición funcional de las bacterias aisladas.
- III. Evaluar la colonización por hongos micorrízicos arbusculares (HMA) en las raíces de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. en cada sitio muestreado.
- IV. Caracterizar los aislamientos de rizobacterias, hongos rizosféricos y hongos endófitos; y determinar taxonómicamente los morfotipos de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) asociados a *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. obtenidos en cada sitio muestreado.

### Hipótesis general

I. **Si** bajo un mismo clima local el helecho *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. se distribuye a lo largo de una cañada en diferentes poblaciones, **entonces** se espera que los componentes microbiológicos rizosféricos sean similares en los individuos muestreados.

### Hipótesis particulares

- I. **Si** los rizomas y raíces de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. son fuentes de materia orgánica, **entonces** su rizosfera puede albergar hongos, bacterias y microorganismos fijadores de nitrógeno, solubilizadores de fosfato, celulolíticos, productores de auxinas y ligninolíticos.

- II. **Si** en los registros del microbiota rizosférica asociada a otros helechos cumplen diferentes funciones ecológicas, **entonces** identificar molecular y morfológicamente las bacterias y hongos presentes en la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. es importante para registrarlas y definir su potencial de uso biotecnológico.
  
- III. **Si** en los grupos microbianos del suelo existen géneros dominantes y algunas veces suele ser específica de las plantas hospedantes, **entonces** la composición de especies de hongos y bacterias asociadas a *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. es similar en cada sitio muestreado.

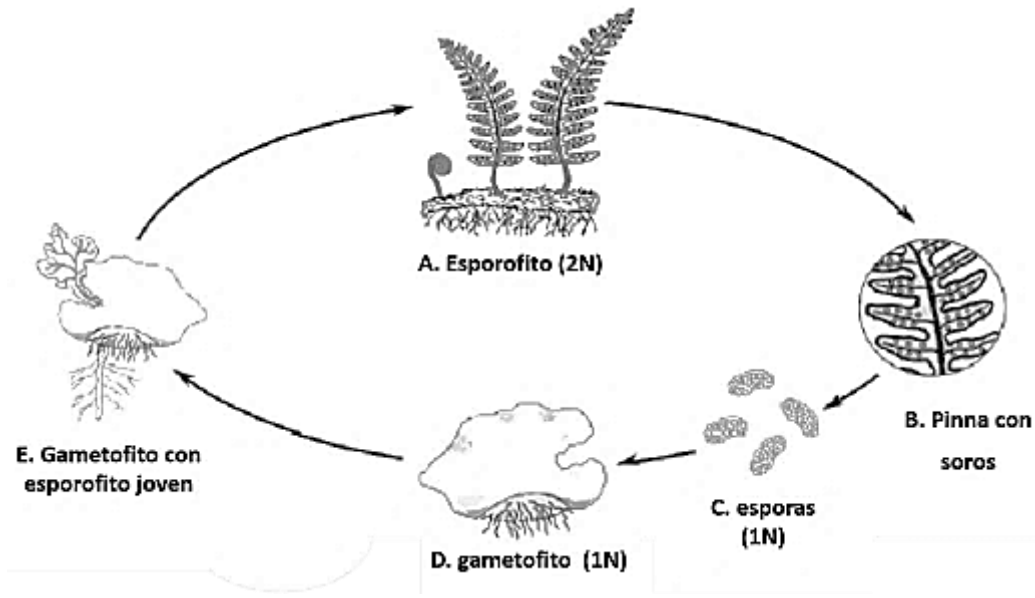
## REVISIÓN DE LITERATURA

### Helechos

Los helechos son plantas vasculares, cuya dispersión es por medio de esporas. Las esporas están constituidas por una célula y poseen estructuras de protección, el perisporio. Los helechos se caracterizan por presentar dos fases alternadas de generaciones independientes, el gametofito y el esporofito (**Figura 1**). El gametofito es haploide de vida libre e inconspicuo, en él se desarrollan anteridios y la célula huevo; después de la fertilización de la célula huevo se origina un cigoto, dando lugar a nueva generación de esporofito. La fase dominante es el esporofito, productor de esporas haploides, que diseminan el material genético producto de la meiosis (Álvarez-Zúñiga *et al.*, 2012; Martínez-Salas y Ramos, 2014; Anderson, 2021).

Esta alternancia suele presentar multiplicación vegetativa, un gametofito puede dar origen a un esporofito sin unión de gametos y un esporofito puede dar origen a un gametofito sin producción de esporas, a estos fenómenos se les llama apogamia y aposporia, respectivamente (Álvarez-Zúñiga *et al.*, 2012; Martínez-Salas y Ramos, 2014). La formación de esporofitos apogámicos es común en muchas especies de helechos y se ha determinado que la pérdida de humedad en su hábitat, insuficiencia de nutrientes en el suelo, así como cambios en la intensidad de luz son factores que intervienen en este tipo de propagación (Reyes-Jaramillo y Mendoza, 2014).

Entre los hábitos que presentan pueden ser terrestres, epipétricos, epífitos, arborescentes, trepadores, hemiepífitos y acuáticos. Su tamaño puede estimarse desde unos cuantos milímetros a varios metros de longitud (Mickel y Smith, 2004). Generalmente, los esporofitos no desarrollan crecimiento secundario, las estelas de los tallos pueden ser protostelas, sifonostelas o dictiostelas, sus hojas son micrófilas o megáfilas. Los esporangios se forman en las frondas, marginal o abaxialmente, y son de dos tipos: eusporangios y leptosporangios, los primeros poseen una cubierta de varias capas, sin un mecanismo específico de apertura, los leptoesporangios están cubiertos por una sola capa de células, y tienen un anillo como un mecanismo de apertura (Martínez-Salas y Ramos, 2014; Cleal y Thomas, 2019).



**Figura 1.** Diagrama del ciclo de vida del helecho, **A.** esporofito. **B.** detalle de pinna con soros redondeados que contienen esporas. **C.** dispersión de esporas. **D.** gametofito, fase haploide del ciclo de vida del helecho. **E.** gametofito con la primera hoja del esporofito (Adaptado de Anderson, 2021).

Los helechos, en su mayoría son plantas con metabolismo fotosintético C3, no obstante, algunas especies epífitas son CAM obligadas; por ejemplo, los helechos epífitos *Drymoglossum piloselloides* y *Pyrrosia longifolia* pasan de la fotosíntesis C3 en la etapa de gametofito a CAM en la etapa de esporofito (Ong *et al.*, 1986; Krieg y Chambers, 2022). El intervalo de altitud en que se distribuyen es alrededor de 1,000 a 3,500 m, se considera que la diversidad de especies de helechos es mayor en altitudes intermedias por que se presentan las condiciones propicias de humedad y temperatura. Este grupo de plantas se relaciona estrechamente con la humedad ambiental por el modo de su reproducción; sin embargo, a escala local los factores edáficos adquieren relevancia (Martínez-Salas y Ramos, 2014; Sánchez-González *et al.*, 2016).

En México están distribuidas en diferentes hábitats, la mayor cantidad de especies se encuentra en los estados de Oaxaca, Chiapas y Veracruz (Martínez-Salas y Ramos, 2014). Los bosques templados son ricos en número de especies seguido por bosque tropical bajo, bosque de pino-encinos, bosque tropical caducifolio, xerófilos y vegetación acuática (Riba, 1988).

## Importancia ecológica

Los helechos que existen en la actualidad representan una herencia genética de gran valor por ser un grupo de plantas vasculares antiguas, juegan un papel importante en el equilibrio del agua, regeneración de los bosques, son colonizadores pioneros de hábitats abiertos y perturbados (Mehltreter, 2010; Menéndez *et al.*, 2011). Asimismo, son elementos importantes en los diferentes estratos forestales; por ejemplo, las especies epífitas tienen un papel destacado en el balance hídrico por el agua que se reserva en sus matas (Acebey, 2015). De la misma forma, los helechos arborescentes desarrollan un manto de raíces con alta capacidad de almacenamiento de agua y son excelentes anfitriones de un gran número de especies epífitas. Otras especies, con su densa red de rizomas y raíces, modifican las condiciones del hábitat, controlan el proceso de erosión, mantienen estable la temperatura del suelo y promueven su formación (Mehltreter, 2010).

Los helechos interactúan con muchas especies de animales, son el microhábitat para numerosos organismos, los cuales podrían extinguirse juntos con sus anfitriones (Mehltreter, 2010). También se consideran indicadores de perturbación y deterioro ambiental, algunos poseen gran capacidad de expansión e invaden ambientes perturbados como laderas taladas y bosques recientemente quemados (Rodríguez *et al.*, 2008).

Se ha observado que las características edáficas y el microclima influyen en la riqueza y su distribución de los helechos (Acebey, 2015). Este grupo de plantas contribuyen el 4% de la diversidad de plantas vasculares en la Tierra, algunas especies están en riesgo por el cambio climático y por la pérdida de hábitat provocada por actividades antropogénicas (como la fragmentación, la tala de árboles y el cambio de uso del suelo); otras especies se benefician de estas alteraciones, pero la mayoría desaparecen (Mehltreter, 2010). En México, el 3 % de la pteridoflora es considerada en la NOM-059-SEMARNAT-2010, trece especies se encuentran en la categoría de “protección especial”, seis “amenazadas” y seis en “peligro de extinción”. Las especies registradas en la norma pertenecen a los géneros: *Asplenium*, *Cibotium*, *Cyathea*, *Sphaeropteris*, *Nephrolepis*, *Dicksonia*, *Huperzia*, *Marattia*, *Campyloneurum*, *Psilotum* y *Selaginella* (Tejero-Díez *et al.*, 2014).



Los helechos proveen servicios ecosistémicos básicos, algunas comunidades étnicas del estado de Puebla, México han organizado una infraestructura ecoturística y aprovechan la belleza escénica del porte de los helechos en las cañadas y ríos (Tejero-Díez *et al.*, 2014). Este grupo de plantas, también regulan la humedad en sus microambientes y son fuentes sustanciales de materia orgánica; sus raíces y rizomas pueden soportar un gran número de poblaciones microbianas, de las cuales, se conoce poco. Investigaciones recientes, sugieren que estudiar y conocer la comunidad bacteriana de helechos, nos permitiría diseñar estrategias de conservación y restauración de ecosistemas (Anderson, 2009; Sen *et al.*, 2018).

### **Helechos medicinales**

Desde la antigüedad los helechos han sido útiles para la humanidad como material de provisión, se han usado como fuente de alimento, medicina y ornamento (Pacheco y Bautista, 2001; Goswami *et al.*, 2016). Un gran número son utilizados en la medicina tradicional por sus propiedades antibacterianas, antifúngicas y citotóxicas (**Cuadro 1**). Los estudios fitoquímicos han demostrado que poseen una amplia gama de alcaloides, flavonoides, polifenoles, terpenoides y esteroides. Las estructuras de estos compuestos suelen diferir de los metabolitos producidos por otros grupos de plantas, por lo tanto, son una fuente potencialmente valiosa de la diversidad química (Cao *et al.*, 2017).

México tiene herencia cultural en el uso de hierbas medicinales, la cual se inició varios siglos antes de la conquista. En el caso de los helechos, especies de *Anemia* se usan para curar enfermedades urinarias; *Adiantum* sp. y *Phlebodium areolatum* se utilizan para aliviar afecciones de las vías respiratorias. La herbolaria mexicana representa un recurso viable para encontrar nuevos tratamientos contra enfermedades degenerativas y podría ayudar a solucionar algunos problemas de salud en la población (Vázquez-Ramírez *et al.*, 2005; Figueroa *et al.*, 2009; Fernández *et al.*, 2011; Juárez-Rosete *et al.*, 2013).

**Cuadro 1.** Helechos medicinales y uso.

<b>Helechos</b>	<b>Modo de empleo/Propiedades</b>
<i>Asplenium nidus</i> L.	Citotóxico y efecto inhibitorio en el crecimiento de las células HepG2 y HeLa
<i>Campyloneurum amphostenon</i> (Kunze ex Klotzsch) Fée	Para tratar la inflamación interna de los órganos sexuales femeninos
<i>Cheilanthes hirta</i> Sw.	Como tratamiento para herpes, resfriados, dolores de garganta y como antihelmíntico
<i>Dicranopteris linearis</i> (Thunb.) Bernh.	Efecto citotóxico en las líneas celulares MCF-7, HeLa, HT-29, HL-60, K-562 y MDA-MB-231
<i>Dryopteris crassirhizoma</i> Nakai	Actividad citotóxica, inhibe la proliferación de líneas celulares humanas de cáncer de próstata y la replicación del virus de inmunodeficiencia humana
<i>Dryopteris filix-mas</i> (L.) Schott	Actividad vermífuga
<i>Dryopteris fragrans</i> (Sw.) Underw.	Actividad citotóxica. Alivia los síntomas de la psoriasis y dermatitis atópica
<i>Pteris multifida</i> Poir.	Actividad citotóxica en líneas de células humanas HL60 causantes de leucemia
<i>Pteris vittata</i> L.	Como tratamiento para la disentería, astringente y contra <i>Escherichia coli</i> .
<i>Pleopeltis polypodioides</i> (L.) E.G. Andrews y Windham, <i>Adiantum caudatum</i> L., <i>A. capillus-veneris</i> L.	Como laxante y astringente
<i>Campyloneurum angustifolium</i> (Sw.) Fée	Para tratar desórdenes urogenitales
<i>Tectaria incisa</i> Cav., <i>Thelypteris francoana</i> (E. Fourn.) C.F. Reed	Para tratar el dolor de estómago
<i>Phlebodium decumanum</i> (Willd.) J. Sm.	Como tratamiento para la tosferina, afecciones del bazo, abortivo y como supresor del apetito
<i>Pleopeltis crassinervata</i> (Fée) T. Moore	Como tratamiento para desinfectar la boca ulcerada, y contra <i>Salmonella typhi</i> y <i>Shigella flexneri</i>
<i>Pleopeltis polylepis</i> (Roemer ex Kunze) T. Moore	Como tratamiento para la gonorrea, para las várices y el dolor de pecho

Adaptado de Font Quer, 1993; Singh *et al.* 2008; Zakaria *et al.*, 2011; Mahmood *et al.* 2012; Rodzi *et al.*, 2013; Han *et al.*, 2015; Santos 2016, Cao *et al.*, 2017; Jarial *et al.*, 2018.

## **Comunidades microbianas asociadas a helechos**

Las principales interacciones que establecen los helechos con otro organismo son: neutralismo, antagonismo y mutualismo (Anderson, 2009; Mehltreter, 2010). En la primera, ninguno de los dos organismos es afectado o beneficiado; en las interacciones antagónicas, un organismo recibe algún beneficio a costa del otro, y en las relaciones mutualistas el beneficio es mutuo. A veces, las interacciones antagónicas y mutualistas pueden convertirse en relaciones muy específicas, por ejemplo, *Azolla* y su cianobacteria fijadora de nitrógeno *Anabaena azollae* (Mehltreter, 2010). En esta interacción, el procarionte fija nitrógeno atmosférico para sí misma y para el helecho; mientras que *Azolla* le provee protección y una fuente segura de carbono. El estudio de esta simbiosis ha sido de interés por su potencial como biofertilizante y en limpieza de aguas residuales (Sánchez-Viveros, 2020).

Actualmente, la interacción mutualista más extendida, o tal vez la más estudiada, que establecen la mayoría de especies de helechos, es la micorriza (hongo-raíz). No obstante, se ha citado que son capaces de establecer interacciones mutualistas con un grupo de hongos misceláneos (hongos endófitos septados), hongos del grupo de Mucoromycotina y distintas especies de rizobacterias (Lara-Pérez, 2017; Sen *et al.*, 2018).

## **Bacterias asociadas a helechos**

Watrud *et al.*, (2003), son investigadores pioneros en el estudio de la interacción helecho-bacteria. Su trabajo consistió en aislar rizobacterias de *Pteridium aquilinum* en tres localidades; observaron que la composición de las comunidades bacterianas es diferente en cada sitio; sin embargo, poseen especies de *Pseudomonas* en común, principalmente *Pseudomonas marginalis*. De este mismo helecho, también se han aislado cepas rizosféricas de *Paenibacillus filicis* (Byung-Chun *et al.*, 2009).

En el trabajo de Anderson (2009) se analizan las comunidades microbianas rizosféricas de *Thelypteris noveboracensis*. Sus resultados indican que la densidad de bacterias oscila de 2.5 a 7.1 x 10<sup>9</sup> UFC g<sup>-1</sup>, y que estas poblaciones se relacionan directamente como alimento de amebas desnudas y amebas testadas. También señala que bacterias

presentes en la rizosfera de *T. noveboracensis* estimulan la presencia de protozoos y nematodos, además mineralizan y reciclan los nutrientes del suelo, mejorando así el crecimiento de la planta.

Sen *et al.* (2018) aislaron y caracterizaron 26 cepas de rizobacterias de los helechos *Pronephrium nudatum* y *Bolbitis heteroclita*, en su mayoría fueron *Bacillus subtilis* y *Bacillus toyonensis*, de las cuales el 100 % producen ácido indolacético y sideróforos. Los autores consideran que las rizobacterias aisladas son específicas de su hospedero, ya que aparecen en todos los sitios de muestreo. Algunas de las bacterias aisladas de la rizosfera de helechos se agrupan en géneros que han sido descritos como rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR por sus siglas en inglés), como son *Pseudomonas* y *Bacillus*. El término Plant Growth Promoting Rhizobacteria fue acuñado por J. W. Kloepper y M. N. Schroth en 1978, para describir las bacterias que habitan la rizosfera y que afectan positivamente el desarrollo de las plantas. Estas bacterias tienen la capacidad de colonizar activamente el sistema radical, y estimulan el crecimiento de las plantas a través de uno o más mecanismos (Moreno *et al.*, 2018).

Respecto a bacterias endófitas asociadas a helechos, Araujo *et al.* (2010) analizaron el raquis y las pinnas de *Dicksonia sellowiana* en condiciones silvestres y en invernadero, en los dos casos los segmentos de raquis fueron colonizados con mayor frecuencia por bacterias endófitas en comparación con las pinnas. En total aislaron 158 cepas de bacterias endófitas, 108 fueron Gram-positivos y 50 Gram-negativos, el 31.6% se agruparon en el género *Stenotrophomonas*. Así mismo, citan que las comunidades de bacterias endófitas asociadas al helecho fluctúan por su fenología y el ambiente de crecimiento, dado que los resultados demuestran que la composición es diferente en los helechos de invernadero en comparación con los silvestres, lo que sugiere que el crecimiento de *D. sellowiana* en invernaderos puede alterar las comunidades de bacterias endófitas.

También se han registrado aislamiento de bacterias endófitas del rizoma de *Rumohra adiantiformis*, las cuales corresponden a *Pseudomonas fluorescens* Migula, se observó que esta cepa favorece el crecimiento de los helechos hospederos (Kloepper *et al.*, 2012). Otro estudio reciente, con un enfoque medicinal, es el que se llevó a cabo en

*Dryopteris uniformis* (Makino) Makino, una especie de origen coreano, de la cual se aislaron seis cepas bacterianas endófitas: *Burkholderia* sp., *Staphylococcus* sp., *Bacillus* sp., *B. psychrodurans*, *Paenibacillus* sp., *Staphylococcus warneri*, y al evaluar su actividad anticandida, se observó que *Bacillus psychrodurans* inhibió el crecimiento de tres cepas (Das *et al.*, 2019).

Entonces, es importante cuestionarse: ¿los helechos son hospederos de microorganismos con potencial de uso biotecnológico? ¿Pueden ser aprovechables en la medicina, la agricultura, y nos permitirán diseñar estrategias inocuas en la restauración de ecosistemas?

### **Hongos rizosféricos asociados a helechos**

Los hongos asociados a las plantas suelen estar divididos en cinco grupos funcionales: micorrízicos, patógenos, epífitos, endófitos y hongos sapro-tróficos (Porras-Alfaro y Bayman, 2011). En los helechos, la mayoría de estudios se ha centrado en uno de estos grupos: los micorrízicos; no obstante, se tiene el registro de su interacción con hongos endófitos septados (Lehnert *et al.*, 2009; Lara-Pérez *et al.*, 2017).

La interacción helecho-hongos micorrízicos arbusculares (HMA), es decir, la micorriza arbuscular, está presente en los esporofitos y gametofitos. Para este grupo de plantas, se ha citado que los HMA promueven su crecimiento, incrementan la biomasa foliar e intercambian carbono por nutrientes (Mehltreter, 2010; Lara Pérez *et al.*, 2017). Así mismo, para este caso, la micorriza forma hifas cenocíticas y en ovillos (coils), estructuras de almacenamiento denominadas vesículas, arbusculos tipo Arum y Paris, en algunas ocasiones células moniliformes y esporas intercelulares (Muthukumar y Prabha, 2013; Muthukumar *et al.*, 2014; Lara-Pérez *et al.*, 2014; Lara-Pérez *et al.*, 2015).

Los HMA son un grupo monofilético agrupados en el phylum Glomeromycota, asexuales y simbioses obligados; a través de distintos mecanismos brindan numerosos beneficios a sus plantas hospedantes (Lara Pérez *et al.*, 2015; Lehnert *et al.*, 2017). Uno de ellos es facilitarles la absorción de nutrimentos, debido a que el micelio producido aumenta la superficie de absorción. Estos nutrimentos son: nitrógeno (N), fósforo (P), zinc (Zn),

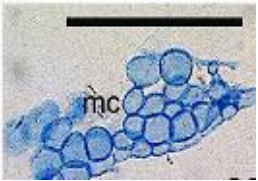

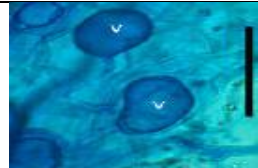

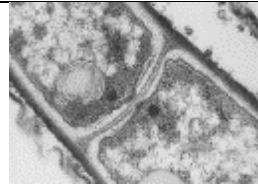

potasio (K) y azufre (S). El hongo a su vez recibe de la planta moléculas de carbono (C) y ácidos grasos (Bonfante y Genre, 2010; Qi *et al.*, 2022).

En las raíces colonizadas por HMA se ha observado la presencia de hongos que tienen hifas septadas, los cuales se denominan hongos endófitos septados (HES). Los datos registrados indican la coexistencia de HMA y HES en raíces de helechos, por ejemplo, Muthukumar *et al.* (2014) evaluaron la colonización de HMA y HES, en su trabajo citan que 57 helechos presentan colonización por hongos HMA y 37 por HES. Otros registros confirman alta incidencia de HES en raíces de *Adiantum trapeziforme*, *Anemia phyllitidis* y en especies de la familia Polypodiaceae (Lara-Pérez *et al.*, 2015; Pressl *et al.*, 2016).

En algunos casos, se han identificado los hongos endófitos septados (HES), por ejemplo, en las raíces de *Melpomene firma* se determinó que los HES presentes son ascomicetos, debido a que en las hifas se observan cuerpos de Woronin (**Cuadro 2**), una estructura común en este grupo de hongos (Lehnert *et al.*, 2009). Un caso similar son los helechos *Anogramma leptophylla* (L.) Link, *Treubia* sp. y *Haplomitrium*, y su endomicorriza con hongos del grupo Mucoromycotina, los cuales forman una estructura similar a la micorriza, pero sin la presencia de arbusculos (Lehnert *et al.*, 2017). La simbiosis de plantas y hongos Mucoromycotina es la más antigua, y ha sido fundamental para la invasión de las plantas al medio terrestre (Field y Pressel, 2018).

Los estudios han demostrado la presencia de HMA y HES en las raíces de helechos (**Cuadro 2**); sin embargo, la mayoría de los datos de colonización vienen de una sola muestra, por lo cual es necesario analizar más individuos de las especies, para confirmar su estatus micorrízico. De igual manera es importante realizar más investigaciones funcionales que expliquen de forma precisa la relación que este grupo de plantas tienen con sus hospederos fúngicos (Lara-Pérez *et al.*, 2017).

**Cuadro 2.** Estructuras registradas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y hongos endófitos septados (HES) en raíces de helechos.

Estructura	Asociación fúngica	Descripción	Referencia
	HMA	Células moniliformes en <i>Adiantum raddianum</i>	Muthukumar <i>et al.</i> , 2014
	HES	Hifas septadas en <i>Nephrolepis cordifolia</i>	Muthukumar <i>et al.</i> , 2014
	HMA	Vesículas intracelulares en <i>Angiopteris evecta</i>	Muthukumar y Prabha, 2013
	HMA	Coils en <i>Alsophila firma</i>	Lara-Pérez <i>et al.</i> , 2014
	HES	Ascomyceto en <i>Melpomene firma</i> ; en la hifa se observa el detalle del septo y cuerpos de Woronin	Lehnert <i>et al.</i> , 2009
	HES	Microesclerocios en <i>Dryopteris concolor</i>	Muthukumar <i>et al.</i> , 2014

Se observan las estructuras de la micorriza en helechos, como son hifas cenocíticas y en ovillos (coils), vesículas, células moniliformes. Para HES se observan hifas septadas y microsclerocios.

## Hongos endófitos asociados a helechos

La palabra endófito etimológicamente “*significa dentro de la planta*” (endon: *dentro*, phyton: *planta*). Los hongos endófitos (HE) son un grupo de microorganismos endosimbióticos que colonizan diferentes órganos de una planta y se definen como microorganismo que pasa la mayor parte o todo su ciclo de vida colonizando organismos vegetales sin causar síntomas aparentes de enfermedad (Liarzi *et al.*, 2016).

La interacción biológica planta-hongo endófito es una asociación costo-beneficio, asintomática y transitoria, definida por su localización. Los HE se han encontrado en musgos, hepáticas, helechos y plantas con semilla; pueden localizar en tallos, raíces, pecíolos, segmentos de hojas, frutos y semillas. Así mismo, distintas poblaciones de HE pueden coexistir en el hospedero, lo cual depende de varios componentes, tales como especie huésped, etapa de desarrollo y condiciones ambientales (Sánchez-Fernández *et al.*, 2013; Gouda *et al.*, 2016).

Se ha observado que los HE pueden contribuir a la protección de su hospedero por medio de tres mecanismos: Directos: por medio de metabolitos secundarios producidos por el HE. Indirectos: por medio de la inducción o incremento de la expresión de mecanismos intrínsecos de defensa a su planta hospedera. Ecológicos: se lleva a cabo por la ocupación del nicho, hiperparasitismo y depredación (Sánchez-Fernández *et al.*, 2013).

Los HE son un grupo muy diverso, la mayoría pertenecen al phylum Ascomycota, sin embargo, también se han encontrado en los Basidiomycota, Zigomycota y Oomycota. Su estudio involucra aislamiento e identificación de cultivo puro, no obstante, la identificación molecular ha sido importante para su identificación y cuantificación, debido a que algunos no esporulan o no son cultivables (Porrás-Alfaro y Bayman, 2011).

Los HE pueden proporcionar fuentes de nuevos metabolitos secundarios con actividades biológicas útiles, sobre todo, aquellos que se encuentran asociados a plantas de uso en la medicina tradicional (Rathod *et al.*, 2013). Se ha observado que estos hongos pueden coexistir dentro de los tejidos de algunos helechos, como *Dryopteris* sp. y *Pteridium aquilinum* (Hepden, 1960; Petrini *et al.*, 1992). Dado lo anterior, es importante realizar



investigaciones que generen información sobre HE presentes en helechos, principalmente aquellos que tienen antecedentes etnobotánicos.

### **Características del género *Dryopteris***

El género *Dryopteris* comprende alrededor de 450 especies en todo el mundo, se encuentran en todos los continentes, excepto en la Antártida y en las islas oceánicas. Su mayor diversidad se concentra en Asia, y más de 300 especies se encuentran en China, algunas de estas especies son utilizadas en la medicina popular. Este género abarca especies con diversas morfologías y hábitats, la mayoría son terrestres, raramente epipétricas o epífitas (Sessa *et al.*, 2012; Han *et al.*, 2015).

En México el género *Dryopteris* está representado por 13 especies (Mickel y Smith, 2004), por lo regular habitan en bosques de encino, pino-encino, mesófilo de montaña, tropical caducifolio, así como matorral subtropical. Crecen en suelos rocosos con abundante materia orgánica, en altitudes de 1,010 a 3,100 m, generalmente están asociadas con líquenes (Hernández-Hernández *et al.*, 2009).

Son plantas terrestres, a veces epipétricas o epífitas. Poseen rizomas robustos, ascendentes a erectos, en ocasiones horizontales y entonces cortos, las células basales de las escamas más largas que anchas. Con pecíolos pajizos a ferrugíneos, no articulados al rizoma, con varios haces vasculares formando una “U” en corte transversal. Láminas deltoides, ovoides, deltoide-oblongas, oblongas, oblongolanceoladas o lanceoladas, 1 a 4 pinnadas, catádromas o anádromas, por lo menos en la región proximal; raquis con un surco continuo con el de la costa, glabros, escamosos y/o pubescentes, los tricomas de diversos tipos pero no “ctenitoides”, sin yemas axilares; pinnas membranáceas a coriáceas, superficie adaxial glabra, con tricomas o glandulosa, superficie abaxial glabra, glandulosa o escamosa, costas y cóstulas con un surco adaxial; últimos segmentos enteros o denticulados, en ocasiones espinulosos, base redondeada y equilátera o cuneada e inequilátera, ápice agudo, acuminado o truncado; venas libres, sin llegar al margen. Soros abaxiales, casi orbiculares, naciendo sobre una vena o en su ápice; indusios presentes, reniformes, casi orbiculares, a veces en forma de herradura, con la inserción lateral formando un seno, aplanados o convexos, margen entero,

glandular o en ocasiones eroso, superficie glabra o con glándulas, persistentes, a veces caedizos; esporangios sin parafisos entre ellos; esporas con ornamentación tuberculada, crestada o equinulada (Velázquez-Montes, 2022). En *Dryopteris* la poliploidía es común, el número base de cromosomas del género es  $n=41$ , y se considera que la hibridación es recurrente (Mickel y Smith, 2004; Sessa y Givnish, 2014).

### **Descripción taxonómica y geográfica de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm.**

*Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. (Dryopteridaceae) (**Figura 2**) es un helecho distribuido en México y Guatemala, crece principalmente en bosques de *Pinus-Quercus* y barrancas boscosas de *Juniperus*, en altitudes de 2,400 a 3,500 m. Es una planta con pecíolo menos de 1/3 del largo de la lámina, esparcido a densamente escamoso, las escamas de 1 a 2 cm, ovadas a lanceoladas, pardo claro, los márgenes ciliados. Lámina hasta 80 x 30 cm, 1-pinnado-pinnatisecta o completamente 2-pinnada en la base de la pinna más grande, lanceolada; pinnas 18-30 pares, hasta 15 x 3 cm, cortamente pediculadas, angostamente deltadas, las pinnas basales equiláteras, ligeramente reducidas, los últimos segmentos o pínulas con los márgenes serrados, crenados o lobados, el ápice redondeado a agudo; raquis y costas esparcida a moderadamente escamosos, las escamas de 2 a 5 mm; indusio orbicular-reniforme, pardo, glabro, contraído en la madurez exponiendo a los esporangios (Moran, 1995).

En México, esta especie se encuentra distribuida en los estados de Nuevo León, Michoacán, Querétaro, Hidalgo, Estado de México, Ciudad de México, Puebla, Morelos, Veracruz, Oaxaca y Chiapas (Mickel y Smith, 2004). Se encuentra principalmente en cañadas y en orillas de los ríos, o en sitios donde hay mayor humedad; no hay una descripción precisa de la ecología de esta especie (Rodríguez *et al.*, 2008).



**Figura 2.** *Dryopteris pseudofilix-mas* en el Monte Tláloc, San Pablo Ixayoc, Estado de México (foto de Almaraz-Suárez).

### **Importancia biológica de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm.: helecho mexicano como fuente de sustancias con actividades biológicas**

Los helechos del grupo *Dryopteris* poseen notables propiedades medicinales, generalmente se emplea el rizoma y las hojas secas o en infusión. Se usan por sus actividades antihelmínticas, antimicrobianas, antiinflamatorias y antioxidantes. Recientemente se ha prestado atención a las aplicaciones farmacológicas que sus constituyentes químicos pueden tener; los principales metabolitos identificados en este grupo de plantas son flavonoides, terpenoides y polifenoles (Cao *et al.*, 2013; Han *et al.*, 2015).

El valor curativo de este grupo de plantas ha sido aprovechado en la medicina antigua, como referencia está el libro de Dioscórides “De Materia Médica”, en donde registra las cualidades vermífugas de *Dryopteris filix-mas*, conocido como helecho macho. Esta planta ha sido incorporada a numerosas farmacopeas (Banerjee *et al.*, 1980; Font Quer, 1993) y se usa para tratar hemorragias nasales, heridas y tumores (Goswami *et al.*, 2016). En sus hojas se han encontrado compuestos fenólicos como ácido clorogénico, kaempferol, quercetina y dryopterina (Karl *et al.*, 1981; Cao *et al.*, 2013).

Así mismo, distintos trabajos indican que algunas especies de *Dryopteris* (principalmente especies asiáticas) poseen cualidades antibióticas y citotóxicas. Por ejemplo, *Dryopteris fragrans* y *Dryopteris erythrosora* poseen flavonoides con actividad citotóxica. También se ha comprobado la actividad antibacteriana *D. crassirhizoma* contra *Staphylococcus aureus*; y se ha observado que los terpenos procedentes de esta planta, inhiben la proliferación de líneas celulares humanas de cáncer de próstata e impiden la replicación del virus de inmunodeficiencia humana (HIV-1) (Cao *et al.*, 2013; Cao *et al.*, 2017); mientras que sus floroglucinolos inhiben la infección del coronavirus-2 del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV) y del coronavirus del síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS-CoV) (Jin *et al.*, 2022).

Respecto a su ecología, se conoce que algunos helechos de este género establecen interacciones con distintos microorganismos, como son: bacterias y hongos endófitos, hongos micorrízicos arbusculares, hongos Agaricostilbomycetes y Cystobasidiomycetes; de los cuales no se conoce con claridad la relación que tienen con su hospedero (Muthukumar *et al.*, 2014; Lara-Pérez *et al.*, 2017; Das *et al.*, 2019). Los simbioses microbianos se han estudiado ampliamente en plantas con flores, y se ha demostrado que promueven el establecimiento, crecimiento y desarrollo de su anfitrión, además les confieren resistencia contra patógenos. Aunado a estas virtudes, han sido de interés debido al gran potencial que tienen en la industria farmacéutica, en la biotecnología y agricultura; y porque algunos metabolitos son producidos conjuntamente por plantas y microorganismos simbioses (Sánchez-Fernández *et al.*, 2013; Brader *et al.*, 2014; Srivastava y Paul, 2016). En el caso de las especies del género *Dryopteris*, se cuenta con poca información respecto a sus simbioses microbianos asociados y su capacidad para producir algún compuesto de interés.

*Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. es una especie mexicana, la cual comparte linajes con *Dryopteris filix-mas* (L.) Schott. y con especies de *Dryopteris* de origen asiático, estas plantas tienen antecedentes etnobotánicos y en algunos casos se ha citado que establecen un tipo de interacción con microorganismos (Das *et al.*, 2019). Aunado a lo anterior, *D. pseudofilix-mas* y sus microorganismos cultivables asociados, puede ser una fuente promisorio de sustancias con actividades biológicas, debido a que

algunos metabolitos son producidos conjuntamente por plantas y endófitos. De igual forma es importante estudiar y conocer las funciones que estos microorganismos pueden tener un mejor entendimiento del tipo de interacción que establecen.

# CAPÍTULO I. AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS RIZOSFÉRICAS CULTIVABLES PRESENTES EN *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM.

## 1.1 RESUMEN

Las raíces de las plantas están rodeadas por varios grupos de bacterias que proveen beneficios a su planta hospedera a través de distintos mecanismos como son la producción de fitohormonas, solubilización de fosfato y fijación de nitrógeno. El objetivo de este trabajo fue analizar y cuantificar las poblaciones bacterianas rizosféricas de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. en el Monte Tláloc, Estado de México. La zona de estudio corresponde a bosque de *Abies religiosa* y bosque mixto (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Se seleccionaron cuatro poblaciones de *D. pseudofilix-mas* a lo largo de una cañada, en cada una se colectó suelo rizosférico de cuatro individuos. En el lugar se determinó la altitud, radiación fotosintéticamente activa, humedad y temperatura del suelo. El fósforo disponible se determinó por el método de Bray y Kurtz, la materia orgánica se estimó por el método de Walkley y Black y el nitrógeno total se determinó con el método semi-micro Kjeldahl. Las poblaciones de bacterias fueron cuantificadas por el método de dilución y conteo en placa. La caracterización se realizó morfológica y molecularmente, las cepas aisladas fueron identificadas usando el gen 16S rDNA. El suelo se caracterizó por ser ácido a ligeramente ácido (pH 5.3 a 6.1), con alto contenido de fósforo (33.5 a 66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrógeno (0.33 a 0.50 %) y materia orgánica (3.5 a 4.2 %). Los valores de la radiación fotosintéticamente activa fueron bajos en los cuatro sitios (31.8 a 141.3 μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>). Las unidades formadoras de colonias de bacterias totales oscilaron de 230 a 923 x 10<sup>3</sup> UFC g<sup>-1</sup> suelo. Se aislaron 120 cepas bacterianas, 101 fueron Gram-negativas, y 19 Gram-positivas. El análisis molecular mostró que las comunidades bacterianas se agruparon en 20 géneros, los más abundantes fueron *Pseudomonas* y *Bacillus*. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que las poblaciones bacterianas de la rizosfera en los sitios muestreados son semejantes. El 100 % de las cepas presentaron actividades promotoras del crecimiento vegetal, el grupo de fijadores nitrógeno fue el más abundante. En el caso del género *Pseudomonas* (72 cepas analizadas) el 79 % mostraron la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato y fijar nitrógeno, el 8 % tuvieron la capacidad de solubilizar fosfato y fijar nitrógeno; mientras que el 4 % tuvo la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato, fijar nitrógeno y degradar celulosa.

**Palabras clave:** helecho, rizosfera, bacteria.

**CHAPTER I. ISOLATION AND CHARACTERIZATION OF CULTIVABLE  
RHIZOSPHERIC BACTERIA PRESENT IN *DRYOPTERIS PSEUDOFILIX-MAS* (FÉE)  
ROTHM.**

**1.2 ABSTRACT**

Plant roots are surrounded by several groups of bacteria that provide benefits to their host plant through different mechanisms such as phytohormone production, phosphate solubilization, and nitrogen fixation. This work aimed to analyze and quantify the rhizospheric bacterial populations of *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. at Mount Tlálóc, State of Mexico. The study area corresponds to *Abies religiosa* forest and mixed forest (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Four populations of *D. pseudofilix-mas* were selected along a ravine, and in each one rhizospheric soil was collected from four individuals. The altitude, photosynthetically active radiation, humidity, and soil temperature were determined in the place. Available phosphorus was determined by the Bray and the Walkley and Black method estimated Kurtz method, organic matter, and total nitrogen was determined by the semi-micro Kjeldahl method. Bacterial populations were quantified by the plate count and dilution method. The characterization was carried out morphologically and molecularly, the isolated strains were identified using the 16S rDNA gene. The soil was characterized as being acid to slightly acid (pH 5.3 to 6.1), with a high content of phosphorus (33.5 to 66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrogen (0.33 to 0.50 %), and organic matter (3.5 to 4.2 %). Photosynthetically active radiation values were low at the four sites (31.8 to 141.3 μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>). The colony-forming units of total bacteria ranged from 230 to 923 x 10<sup>3</sup> CFU g<sup>-1</sup> soil. 120 bacterial strains were isolated, 101 were Gram-negative, and 19 were Gram-positive. The molecular analysis showed that the bacterial communities were grouped into 20 genera, the most abundant being *Pseudomonas* and *Bacillus*. The values of the Sørensen similarity index indicate that the bacterial populations of the rhizosphere in the sampled sites are similar. 100 % of the strains presented plant growth-promoting activities, and the group of nitrogen fixers was the most abundant. In the case of the genus *Pseudomonas* (72 strains analyzed), 79 % showed the ability to produce auxins, solubilize phosphate, and fix nitrogen, 8% had the ability to solubilize phosphate and fix nitrogen; while 4% had the ability to produce auxins, solubilize phosphate, fix nitrogen, and degrade cellulose.

**Keywords:** fern, rhizosphere, bacteria.

### 1.3 INTRODUCCIÓN

Las plantas, como todos los demás seres vivos, están rodeadas de una gran cantidad de microorganismos de diferentes taxones. El sistema radical de la planta exuda una gran cantidad de compuestos químicos para comunicarse de manera efectiva con los microorganismos circundantes del suelo. Las bacterias presentes en la rizosfera utilizan estos compuestos orgánicos como fuente de carbono y de otros nutrientes; a cambio, varias especies de bacterias proveen beneficios a su planta hospedera a través de distintos mecanismos como son: la producción de fitohormonas, solubilización de fosfato, fijación de nitrógeno y producción de siderofóros (Almaraz-Suárez *et al.*, 2020). Las comunidades de estas bacterias tienden a cambiar con diferentes especies de plantas (Mitter *et al.* 2013; Chaluvadi y Bennetzen, 2018). Se ha sugerido que cada especie de planta tiene su microbioma específico, lo cual puede permitir que las especies vegetales prosperen con éxito en áreas pobres en nutrientes (Mendes *et al.*, 2013). Así que el estudio de los microorganismos asociados a una especie en particular resulta valioso a nivel ecológico y biotecnológico.

Un grupo de plantas pobremente estudiado en relación a los microorganismos asociados a su rizosfera son los helechos. Los helechos son un grupo de plantas vasculares que representan una herencia genética de gran valor, pues han estado en la Tierra durante más de 300 millones de años (Fernández *et al.*, 2011). La enorme diversidad de helechos existentes es parte de un linaje que se separó de otras plantas vasculares en la era Paleozoica y su diversificación ocurrió durante la era Cenozoica; este grupo de plantas han superado presiones evolutivas y condiciones ambientales extremas (Sareen *et al.*, 2019). Los rizomas y las raíces de los helechos son fuentes sustanciales de materia orgánica que pueden soportar una gran diversidad de comunidades microbianas (Anderson, 2009). Conocer las comunidades bacterianas asociadas a los helechos, permitiría comprender el tipo de interacción que estas plantas han establecido con estos microorganismos.

Algunas especies del género *Dryopteris* poseen notables propiedades medicinales, generalmente se emplea el rizoma y las hojas secas para tratar heridas y hemorragias nasales; en infusiones se utilizan como antihelmíntico, para tratar enfermedades



respiratorias y úlceras gástricas (Goswami *et al.*, 2016; Srivastava y Paul, 2016; Nazir *et al.*, 2021). En México, el género *Dryopteris* está representado por 13 especies. *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. es una especie mexicana, que se encuentra distribuida en los estados de Nuevo León, Michoacán, Querétaro, Hidalgo, Estado de México, Puebla, Morelos, Veracruz, Oaxaca, Chiapas y en la Ciudad de México (Mickel y Smith, 2004). Crece principalmente en bosques de *Pinus-Quercus* y barrancas boscosas de *Juniperus*, en altitudes de 2,400-3,500 m, con hábitos de radiación solar baja. En suelos ácidos a ligeramente ácidos, con alto contenido de materia orgánica (Rodríguez *et al.*, 2008).

*Dryopteris pseudofilix-mas* y los microorganismos cultivables asociados a su rizosfera, puede ser una fuente promisoría de sustancias con actividades biológicas. Del mismo modo, el análisis de las comunidades bacterianas permitiría inferir sobre las funciones que desempeñan los gremios presentes. El propósito de esta investigación fue contribuir al conocimiento de las comunidades bacterianas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*.

## 1.4 MATERIALES Y MÉTODOS

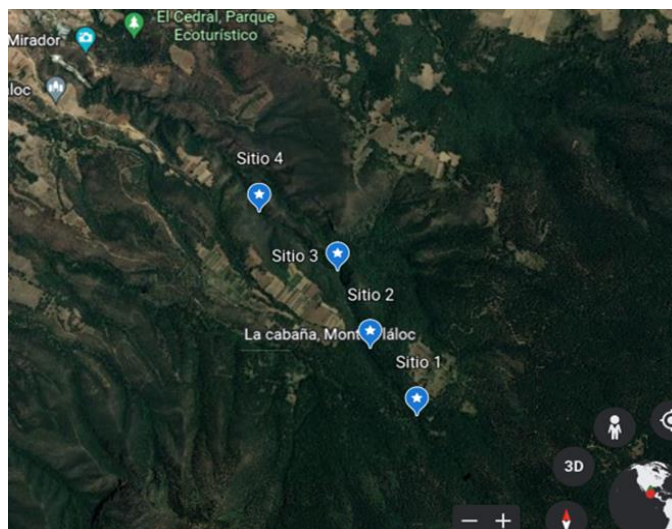
### 1.4.1 Área de estudio

El área de estudio se encuentra en la región fisiográfica conocida como Sierra Nevada, en la parte oriental del Estado de México, municipio de Texcoco, sobre el declive oeste del Monte Tláloc. El muestreo se realizó en la cañada localizada hacia arriba de la comunidad de San Pablo Ixayoc, entre las coordenadas 19° 26' 23.7" N y 98° 45' 49.8" W, en un trayecto de 2 km y a una altitud entre 2,947 y 3,019 m.

En la parte alta de la cañada la vegetación corresponde a bosque de oyamel (*Abies religiosa*) y en la parte baja es bosque mixto (*A. religiosa*, *Quercus laurina* y *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). El clima es templado y húmedo, con lluvias en el verano, la precipitación anual oscila entre 900 y 1,200 mm, la temperatura media anual es de 10 a 14 °C (Sánchez y López, 2003). Los suelos de esta región son ricos en materia orgánica, derivados de rocas ígneas extrusivas en unidades litológicas de andesita, en su mayoría se encuentran formados por cambisoles y pequeñas áreas por leptosoles y vertisoles (Rodríguez *et al.*, 2008).

### 1.4.2 Recolección de material biológico

Se seleccionaron cuatro poblaciones localizadas a lo largo de la cañada, a 500 m de distancia una de otra (**Figura 3**). En cada población se seleccionaron cuatro individuos de cobertura y tamaño similar (Bautista-Cruz *et al.*, 2014), en los cuales se tomaron muestras de suelo rizosférico (100 g) de cuatro puntos equidistantes a una profundidad de 15 cm, en la época de lluvias. Las muestras de cada planta se mezclaron para obtener una muestra compuesta y se almacenaron a 4 °C hasta su procesamiento (Lara-Pérez *et al.*, 2015).



**Figura 3.** Ubicación de los sitios muestreados (<https://earth.google.com>).

En campo, para cada individuo se registró la temperatura del suelo con un termómetro (HANNA, HI-145, Limena, Italia) la humedad del suelo se determinó con un medidor Field Scout (Spectrum technologies, Inc., TDR-300, Aurora, EE. UU.), la radiación fotosintéticamente activa se midió con un sensor unido a un Dataloger (Spectrum technologies, Inc., WatchDog 1400, Aurora, EE. UU.).

De acuerdo a lo indicado por Lorea y Riba (1990) se recolectaron dos ejemplares completos, se prensaron y se llevaron al laboratorio para su herborización. Los ejemplares se identificaron mediante el uso de claves a nivel de familia, género y especie (Mickel y Smith, 2004). El material de respaldo se depositó en el Herbario Metropolitano (UAMIZ), de la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa y en Herbario-

Hortorio (CHAPA), del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, con número de acceso **154-990**.

### **1.4.3 Análisis físico y químico de suelo**

Las muestras del suelo rizosférico fueron tamizadas con malla de 2 mm y secadas al aire. Con un potenciómetro (OHAUS, ST3100-F, Parsippany, EE. UU.) se midió el pH y la conductividad eléctrica en  $\text{dS m}^{-1}$  a 25 °C (suelo: agua en relación 1:2, p:v). El fósforo disponible se determinó por el método de Bray y Kurtz (1945). La materia orgánica (M. O.) se estimó por el método de Walkley y Black (1934). El nitrógeno total se determinó a través del método semi-micro Kjeldahl (Etchevers, 1987).

### **1.4.4 Cuantificación de bacterias en el suelo**

Los microorganismos cultivables fueron cuantificados por el método de dilución y conteo en placa. El método consiste en obtener diluciones decimales del suelo, para esto, se pesaron 10 g de suelo rizosférico, se diluyeron en 90 mL de agua destilada estéril y se agitó, esta fue la dilución  $10^{-1}$ , de ésta se tomaron 1,000  $\mu\text{L}$  y se mezcló en un tubo de ensayo con 9 mL de agua destilada estéril, se agitó en un vórtex (Genie® Mixers, MB-108, Virginia, EE. UU.) esta fue la dilución  $10^{-2}$ ; este proceso se repitió hasta obtener la dilución  $10^{-5}$ .

De cada dilución respectiva se tomó una alícuota de 100  $\mu\text{L}$  y se vertió en el centro de la caja Petri que contenía medio de cultivo sólido, luego se distribuyó con una varilla de vidrio previamente esterilizada en la llama del mechero. Los medios de cultivo empleados para cada grupo microbiano y las diluciones empleadas fueron las siguientes: Agar nutritivo para bacterias totales ( $10^{-5}$ - $10^{-7}$ ), Picovskaya (Picovskaya, 1984) para bacterias solubilizadoras de fosfato ( $10^{-3}$ - $10^{-5}$ ), medio de Rennie (Rennie, 1981) para bacterias fijadoras de nitrógeno ( $10^{-3}$ - $10^{-4}$ ), Luria-Bertani (LB) (Bertani, 1951) para bacterias productoras de auxinas ( $10^{-2}$ - $10^{-4}$ ), medio agar-carboximetil celulosa (Vedder, 1951) para bacterias celulolíticas ( $10^{-3}$ ). La siembra se realizó por triplicado. Después de la siembra, las cajas de Petri se colocaron en posición invertida dentro de una incubadora (BINDER, FD115, Tuttlingen/Alemania), bajo condiciones de oscuridad, a 28 °C durante 3 a 4 d para bacterias totales, fijadoras de nitrógeno, solubilizadoras de fosfato, 10 d para

actinomicetos y 15 d para microorganismos celulolíticos. En el caso de microorganismos celulolíticos, transcurrido el tiempo de incubación se les adicionó Rojo Congo al 0.1 % como revelador de colonias presentes en el medio, después de 15 min se retiró el exceso y se agregó NaCl 1 M por 15 min, para luego hacer el conteo de las colonias que presentaron halos de hidrólisis.

El conteo de microorganismos se efectuó en las placas que contenían de 30 a 300 colonias. La cantidad de microorganismos en las muestras de suelo rizosférico se determinó como unidades formadoras de colonias y se promedió. La fórmula que se utilizó fue:

$$UCF = \frac{A * B}{D}$$

Donde A es el promedio del número de colonias, B el factor inverso de la dilución y D la cantidad que se agregó de la dilución, en este caso, el valor de D es 0.1. Los resultados se expresaron en unidades formadoras de colonias (UFC g<sup>-1</sup> suelo seco) (Ramírez-Gama *et al.*, 2015).

#### **1.4.5 Aislamiento y caracterización morfológica de cepas bacterianas**

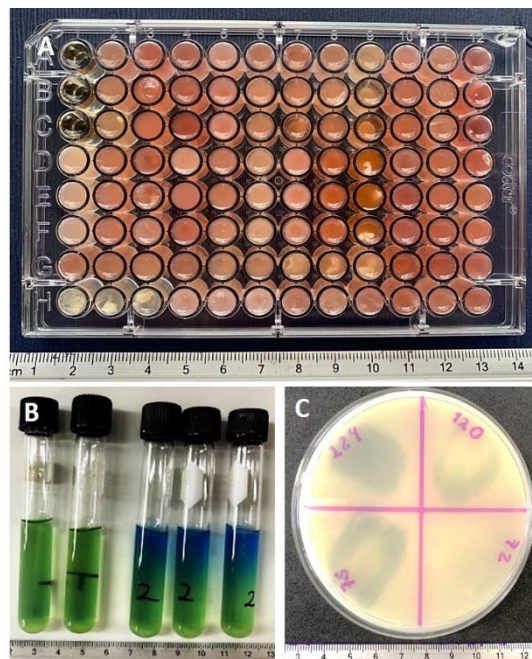
Cada colonia bacteriana se transfirió a una placa empleando la técnica de estría por cuadrante radial, para obtener y describir morfológicamente las colonias aisladas y puras. Una vez confirmada la pureza del microorganismo de interés se procedió a resembrar en dos tubos, para su conservación (Ramírez-Gama *et al.*, 2015). Se describieron los morfotipos bacterianos: forma, borde, elevación, color y textura. Para el reconocimiento de las características microscópicas se procedió a realizar la tinción de Gram (Aquihuatl *et al.*, 2012; Ramírez-Gama *et al.*, 2015).

#### **1.4.6 Análisis cualitativo de función ecológica de las cepas bacterianas**

Las pruebas se realizaron por triplicado a 120 cepas de bacterias viables. Las pruebas realizadas se precisan a continuación. Celulíticas, las cepas se sembraron en medio agar-carboximetil celulosa, transcurrido el tiempo de incubación se les adicionó Rojo Congo al 0.1 %, después de 15 min se retiró el exceso y se agregó NaCl 1 M por 15 min,

se registró como positivo las cepas que presentaron halos de hidrólisis. Fijadoras de nitrógeno: las cepas se sembraron en medio semisólido NFB (Döbereiner y Day, 1976), se registró como positivo los tubos donde se observó viraje del color verde del medio hacia el azul y la presencia de una película gruesa blanquecina bajo la superficie, debido a la oxidación del malato, indicando que el microorganismo es capaz de fijar el nitrógeno (**Figura 4**).

Solubilizadoras de fosfato (medio Picovskaya): en este medio se registró como positivo las cepas bacterianas que presentaron un halo a su alrededor, pues indica la capacidad de solubilizar fosfato tricálcico. Productoras de auxinas (medio de LB y reactivo de Salkowski): las cepas bacterianas se sembraron en microplacas de 96 celdas que contenían 150  $\mu$ L de medio LB, después de 48 h de incubación a cada celda se le agregaron 150  $\mu$ L de reactivo Salkowski, posteriormente se incubaron por 30 min en la oscuridad; se registró como positivo el cambio de coloración a rosa, pues indica la producción de indoles (**Figura 4**) (Alamaraz-Suárez *et al.*, 2020).



**Figura 4.** Evaluación de la función ecológica de cada cepa. **A** Productoras de auxinas; **B** Fijadoras de nitrógeno; **C** Solubilizadoras de fosfato.

#### 1.4.7 Identificación molecular de las cepas bacterianas

**Extracción de DNA.** De cada morfotipo de bacterias se procedió a la extracción de DNA de acuerdo al método de bromuro de hexadeciltrimetilamonio (CTAB) al 2 % (Tris-HCl 100 mM pH 8.0; EDTA 2H<sub>2</sub>O mM; CTAB 2 %; NaCl 1.4 M) (Doyle y Doyle, 1990) con ligeras modificaciones. Con un asa de siembra se colectó una colonia de bacteria de 48 h de crecimiento en medio King B y se colocó en un tubo Eppendorf de 2 mL con 1 mL de CTAB; se incubó en baño María a 96 °C durante 60 min; se agitó cada 10 min y se centrifugó durante 10 min a 11,500 xg. El sobrenadante se transfirió a un tubo Eppendorf de 1.5 mL al que se añadieron 500 µL de cloroformo-alcohol isoamílico (24:1, v:v); se agitó por inversión durante 10 min y se centrifugó por 10 min a 11,500 xg. El paso anterior se repitió agregando 700 µL de cloroformo-alcohol isoamílico (24:1, v:v). El sobrenadante obtenido se colocó en un tubo Eppendorf de 1.5 mL con 900 µL de etanol absoluto, previamente enfriado, y se colocó a -20 °C durante 2 h para precipitar el DNA. Después, las muestras se centrifugaron a 11,500 xg durante 30 min, se descartó el sobrenadante y se recuperó el pellet, el cual se resuspendió con 400 µL de agua HPLC y se incubó a 55 °C durante 15 min. Posteriormente se agregaron a cada tubo 34 µL de acetato de sodio (NaOAc) 3 M, más 1 mL de etanol al 95 % y se colocó nuevamente en un congelador a -20 °C durante 1 h. Estas muestras se centrifugaron a 11,500 xg durante 10 min, se decantó el sobrenadante, se lavó el pellet con 600 µL de isopropanol al 70 % y centrifugó a 11,500 xg durante 10 min. Se realizaron al menos dos lavados con isopropanol; las muestras se secaron durante 30 min y los pellets se resuspendieron con agua HPLC (de 30-100 µL según el tamaño del pellet).

Los productos de DNA se verificaron por espectrofotometría, en un NanoDrop (Thermo Scientific, 2000 UV-Vis, EE.UU.), solamente se emplearon muestras con valores de las relaciones A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> y A<sub>260</sub>/A<sub>230</sub> de 1.8 a 2.0 o ligeramente superiores a 2, para asegurar la integridad y calidad de DNA.

**Amplificación del operón ribosomal.** Se realizó mediante PCR correspondiente a la subunidad pequeña 16S rDNA. Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen total de 15 µL que contenía 7.86 µL de agua HPLC, 3 µL de 5x PCR buffer, 0.6 µL de dNTPs (20 µM de cada uno), 0.18 µL de cada iniciador (10 µM) (Sigma-Aldrich, EE. UU.), 3 µL

de DNA genómico (20 ng) y 0.18  $\mu$ L (2U) de GoTaq DNA polimerasa (Promega, EE. UU.). Todas las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un termociclador (BIO-RAD, C1000 Touch, EE. UU.).

**Electroforesis.** Los productos amplificados se visualizaron por electroforesis horizontal en gel de agarosa (Seakem, EE. UU.) al 1.5 % teñido con GelRed (Biotium, EE.UU.) corrido a 88 V durante 1.5 h. Los geles se visualizaron en un transiluminador Infinity (Vilber Lourmat, 3026 WL/LC/26MX, Vilber Lourmat, Alemania) con el software Infinity-Capt y se limpiaron con la enzima ExoSAP-IT (Affymetrix, EE. UU.) de acuerdo con las instrucciones del fabricante.

**Secuenciación.** Los productos de PCR de buena calidad se enviaron a la empresa PSOMGEN. 1330 Piccard Dr, Suite 103 Rockville, Maryland 20850.

**Análisis filogenético con inferencia Bayesiana.** Las secuencias de ambas hebras se ensamblaron y editaron con el software BioEdit Sequence Alignment Editor v7.2.6 (Hall, 1999), creándose una secuencia consenso para cada una de las cepas, las que se compararon con las secuencias depositadas en la base de datos del Basic Local Alignment Search Tools (BLAST) del National Center for Biotechnology Information (NCBI) con la opción BLAST\_nucleotide 2.2.29 ([https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)). Las secuencias consenso se compilaron en un formato fasta. El alineamiento múltiple de secuencias se efectuó con la opción MUSCLE (Edgar, 2004) incluido en el MEGA 7 (Kumar *et al.*, 2016).

La historia evolutiva se infirió utilizando el método de máxima verosimilitud y el modelo de tres parámetros de Tamura (Tamura, 1992). Se muestra el árbol con la mayor probabilidad logarítmica (-10871,74). El porcentaje de árboles en los que los taxones asociados se agruparon se muestra junto a las ramas. Los árboles iniciales para la búsqueda heurística se obtuvieron automáticamente aplicando los algoritmos Neighbour-Join y BioNJ a una matriz de distancias por pares estimadas utilizando el modelo de parámetro Tamura 3, y luego seleccionando la topología con un valor de probabilidad de registro superior. Se utilizó una distribución gamma discreta para modelar las diferencias

de tasa de evolución entre los sitios [cinco categorías (+ G, parámetro = 0,3873)]. El árbol está dibujado a escala, con las longitudes de las ramas medidas en el número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 32 secuencias de nucleótidos. Hubo un total de 1553 posiciones en el conjunto de datos finales. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA X (Kumar *et al.*, 2018). Se utilizó una secuencia de arqueobacteria como grupo externo. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis.

#### 1.4.8 Análisis estadístico

El análisis estadístico se realizó con el análisis de varianza y comparación de medias de Tukey ( $\alpha=0.05$ ) con el paquete estadístico SAS versión 9.0 (SAS, 2002). El índice de similitud de Sørensen se obtuvo mediante la siguiente fórmula,

$$IS = \frac{2C}{A + B}$$

donde A y B son el número de especies en las muestras A y B, respectivamente, y C es el número de especies compartidas por las dos muestras (Moreno, 2001).

### 1.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 1.5.1 Variables registradas en campo

El área de estudio presentó homogeneidad ambiental, los valores de temperatura del suelo (°C), humedad relativa y del suelo (%) fueron similares, posiblemente esto se debe a que en las cañadas se forman condiciones microclimáticas (Cabrera-Luna y Gómez-Sánchez, 2005). En el **Cuadro 3** se muestran los promedios de la altitud registrados en cada sitio de muestreo, la altitud varió de 3,019 a 2,947 m, la cobertura vegetal fue densa a interrumpida conforme disminuía la altitud.

Respecto a la radiación fotosintéticamente activa (RFA) los valores fueron bajos en los cuatro sitios de muestreo. El promedio con mayor valor se obtuvo en el sitio 4 con 141.3  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ , debido a que se encontró bajo un dosel más abierto, por lo tanto, la intensidad de luz que ingresa es mayor en comparación con los otros sitios. El promedio



con menor RFA se registró en el sitio 2, con un valor de  $31.8 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ , este sitio se encontró bajo un dosel denso.

La variación de los valores de humedad relativa fue mínima, en los sitios 2 y 3 se registraron los valores más altos, con valores de 63.0 % y 62.1 % respectivamente. La intensidad lumínica tiene efectos en la temperatura del suelo (Hill *et al.*, 2022), en este caso, se observa el valor más alto de RFA y temperatura del suelo fue en el sitio 4 (**Cuadro 3**), este último con un valor  $11.2 \text{ }^\circ\text{C}$ . Este sitio de muestreo se localizó en el extremo de la cañada, en donde el bosque era menos denso y recibía mayor radiación solar. El promedio de la temperatura del suelo fue menor en el sitio 1, con  $10.5 \text{ }^\circ\text{C}$ , en el sitio 3 aumentó  $0.5 \text{ }^\circ\text{C}$ . En los cuatro sitios de estudio la radiación solar fue baja. Los helechos son bien conocidos por sus hábitos de vivir a la sombra y su capacidad fotosintética relativamente alta en condiciones de poca luz, esta característica está relacionada con la diversificación de pigmentos fotosintéticos, en particular los criptocromos (Sesa *et al.*, 2014, Cai *et al.*, 2020).

**Cuadro 3.** Altitud (m), radiación fotosintéticamente activa (RFA), humedad relativa, humedad y temperatura del suelo en los cuatro sitios de estudio.

Sitio	Altitud (m)	RFA ( $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ )	Humedad relativa (%)	Humedad del suelo (%)	Temperatura del suelo ( $^\circ\text{C}$ )
S1	$3019 \pm 0.5$	$51.0 \pm 21.1$	$60.9 \pm 1.3$	$24.3 \pm 2.1$	$10.5 \pm 0.2$
S2	$2984 \pm 1.0$	$31.8 \pm 10.2$	$63.0 \pm 1.5$	$23.3 \pm 0.5$	$11.0 \pm 0.2$
S3	$2960 \pm 0.3$	$47.3 \pm 10.0$	$62.1 \pm 0.8$	$19.3 \pm 3.1$	$10.7 \pm 0.2$
S4	$2947 \pm 0$	$141.3 \pm 37.1$	$55.8 \pm 0.3$	$23.5 \pm 1.5$	$11.2 \pm 0.1$

Los datos mostrados son promedios por sitio  $\pm$  error estándar.

### 1.5.2 Características físicas y químicas del suelo

El suelo se caracterizó por ser ácido a ligeramente ácido (Rodríguez y Rodríguez, 2015) el valor más alto se registró en el sitio 4, con un valor de 6.1 (**Cuadro 4**). El contenido de materia orgánica (M. O.) en los cuatro sitios presentó valores medios (Rodríguez y Rodríguez, 2015), los cuales fluctuaron de 4.2 a 3.4, notándose un mayor contenido en el sitio 1. Respecto a nitrógeno total, los suelos presentaron un alto contenido (Rodríguez y Rodríguez, 2015), el cual osciló de 0.50 % a 0.33 %, este valor se encuentra en los

rangos citados para esta zona (Aldrete, 2008; Galván-Tejada *et al.*, 2014; Martínez-Rojas, 2015).

El contenido de fósforo disponible fue alto en los cuatro sitios (Rodríguez y Rodríguez, 2015), con valores de 66.5 a 33.5 mg kg<sup>-1</sup>. Estos valores son más elevados respecto a los citados previamente en el Monte Tláloc, los cuales fluctúan de 3 a 22.9 mg kg<sup>-1</sup> (Aldrete, 2008; Galván-Tejada *et al.*, 2014; Martínez-Rojas, 2015), una razón de estas diferencias se debe a que los estudios fueron realizados en áreas distintas al presente trabajo. En este caso, se trata de una cañada, en las cuales por efecto de la erosión, escorrentía y lluvias se presenta un acarreo y deposición de partículas del suelo, así como de materia orgánica; en consecuencia, hay una mayor capacidad de retención de nutrientes (Rodríguez *et al.*, 2008). Respecto a la conductividad eléctrica y densidad aparente, los valores son bajos en todos los sitios (Rodríguez y Rodríguez, 2015).

**Cuadro 4.** Características químicas del suelo en cada sitio muestreado.

Sitio	C.E. (dS m <sup>-1</sup> )	pH	N total (%)	M.O. (%)	Fósforo (mg kg <sup>-1</sup> )	D. A. (g cm <sup>-3</sup> )
S1	0.61	5.5	0.33	4.2	33.5	0.95
S2	0.99	5.3	0.53	3.5	44.6	0.81
S3	0.41	5.9	0.50	3.4	44.5	0.84
S4	0.51	6.1	0.50	3.4	66.5	0.82

M. O.: Materia orgánica; D. A.: Densidad aparente.

Estas características del suelo denotan que los individuos de *D. pseudofilix-mas* crecen en suelos ácidos a ligeramente ácidos, con alto contenido de fósforo y nitrógeno, y contenido moderado de M. O., con buenas condiciones de drenaje y una conductividad eléctrica menor a 1 dS m<sup>-1</sup>. Los datos obtenidos concuerdan con la información previa, en donde se cita que *D. pseudofilix-mas* crece en suelos con alta cantidad de M. O. (Moran, 1995), así mismo, se proporciona información respecto a las características químicas del suelo donde habitan.

### 1.5.3 Cuantificación de bacterias en el suelo

Las poblaciones de bacterias encontradas en cada sitio de muestreo presentaron diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ) (**Cuadro 5**). El sitio 4 presentó la población más alta de bacterias totales (BT), bacterias solubilizadoras de fosfato (BSP) y bacterias

fijadoras de nitrógeno (BFN), con valores de  $923 \times 10^3$ ,  $32 \times 10^3$  y  $118 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo respectivamente. En el sitio 2 se registró el menor número de poblaciones de bacterias totales ( $230 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo). La población alta de bacterias totales en el sitio 4 puede atribuirse a que la actividad microbiana aumenta con la temperatura (Alexander, 1987); en este sitio se registró la temperatura mas alta ( $11.2 \pm 0.3$  °C), y el valor más bajo de materia orgánica (3.4 %), lo que podría indicar una mayor actividad microbiana.

**Cuadro 5.** Unidades formadoras de colonias (UFC) de microorganismos en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en cuatro sitios de la cañada de San Pablo, Ixayoc.

Grupo de microorganismos ( $10^3$ UFC $g^{-1}$ suelo)	Sitio			
	1	2	3	4
<b>BT</b>	300 ( $\pm 87$ ) <b>b</b>	230 ( $\pm 60$ ) <b>b</b>	356 ( $\pm 128$ ) <b>b</b>	923 ( $\pm 77$ ) <b>a</b>
<b>BSF</b>	22 ( $\pm 4$ ) <b>ab</b>	23 ( $\pm 6$ ) <b>ab</b>	16 ( $\pm 6$ ) <b>b</b>	32( $\pm 1$ ) <b>a</b>
<b>BFN</b>	54 ( $\pm 04$ ) <b>bc</b>	26( $\pm 01$ ) <b>c</b>	74 ( $\pm 11$ ) <b>b</b>	118 ( $\pm 16$ ) <b>a</b>
<b>BC</b>	70 ( $\pm 10$ ) <b>ab</b>	85 ( $\pm 23$ ) <b>a</b>	33 ( $\pm 7$ ) <b>b</b>	35 ( $\pm 6$ ) <b>b</b>
<b>AT</b>	4 ( $\pm 2$ ) <b>b</b>	19 ( $\pm 8$ ) <b>ab</b>	30 ( $\pm 10$ ) <b>a</b>	8 ( $\pm 2$ ) <b>b</b>

Bacterias totales (BT); Bacterias solubilizadoras de fosfato (BSF); Bacterias fijadoras de nitrógeno (BFN); Bacterias celulolíticas (BC); Actinomicetos totales (AT). Valores con la misma letra en cada fila no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). Medias  $\pm$ error estándar. n = 4.

En cuanto a las poblaciones de actinomicetos, el valor de UFC  $g^{-1}$  de suelo más alto se registró en el sitio 3 ( $30 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo) y el más bajo en el sitio 1 ( $4 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo). Los actinomicetos no toleran ambientes ácidos, en un pH inferior a 5 conforman menos de un 1% del total de la población microbiana (Coyne, 2000). En este estudio, los suelos se caracterizaron por ser ácidos a ligeramente ácidos, posiblemente sea una razón por la cual las poblaciones de actinomicetos fueron menores. Las bacterias celulolíticas (BC) presentaron los promedios poblacionales más altos en el sitio 2 ( $85 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo) en comparación con los sitios 1, 2 y 3, donde el promedio poblacional más bajo fue en el sitio 3, con  $33 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo.

Las poblaciones de bacterias totales observadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* ( $230 \times 10^3$  a  $923 \times 10^3$  UFC  $g^{-1}$  de suelo) concuerdan con el comportamiento de poblaciones microbianas citado por Chaluvadi y Bennetzen (2018) las cuales fluctúan de

$10^4$  a  $10^7$  UFC  $g^{-1}$  de suelo. Sin embargo, son bajas comparadas con el valor de  $7.1 \times 10^9$  UFC  $g^{-1}$  de suelo registrado en *Thelypteris noveboracensis* (Anderson, 2009). Posiblemente, esta diferencia se debe a que la composición de las poblaciones bacterianas en la rizosfera está en función tanto de las especies de plantas, así como de las propiedades físicas y químicas del suelo (Ling *et al.*, 2022).

#### 1.5.4 Correlación entre el número de bacterias y las características del suelo

La población de BT tuvo alta correlación con el pH y el fósforo, lo que indica que las densidades de BT aumentan en los sitios con mayor pH y con mayor contenido de fósforo. Del mismo modo, las BSP presentaron correlación alta con el fósforo. Las densidades de BFN presentaron correlación positiva y estadísticamente significativa (0.962;  $\alpha = 0.05$ ) con el pH, lo cual muestra que las densidades de BFN incrementan en los sitios con mayor pH. En tanto, las densidades de BC presentaron correlación negativa y estadísticamente significativa (0.967;  $\alpha = 0.05$ ) con el pH, lo que indica que las densidades de bacterias celulolíticas decrece en los sitios con mayor pH (**Cuadro 6**).

La abundancia y composición de las comunidades microbianas en la rizosfera están en función de la especie vegetal, y las propiedades del suelo como: la humedad, la temperatura, el pH, contenido de nitrógeno, calcio, fósforo y potasio (Mitter *et al.*, 2013; Chaluvadi y Bennetzen, 2018). Se ha citado que un pH ácido inhibe la actividad bacteriana, pues la mayoría crece en la neutralidad (Alexander, 1987). Muchas bacterias tienen niveles de pH intracelular cercanos a la neutralidad y, por lo tanto, entornos con pH extremos pueden imponer un estrés significativo, que solamente ciertos grupos pueden tolerar mejor que otros (Lauber *et al.*, 2009).

**Cuadro 6.** Correlaciones entre el número de microorganismo y las características del suelo en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*.

	pH	M. O.	N	P	Altitud
<b>BT</b>	0.827	-0.389	0.219	0.909	-0.678
<b>BSF</b>	0.331	-0.134	0.113	0.752	-0.311
<b>BFN</b>	0.962*	-0.343	0.105	0.777	-0.678
<b>BC</b>	-0.967*	-0.478	-0.218	-0.568	0.739
<b>AT</b>	0.062	-0.636	0.633	-0.072	-0.429

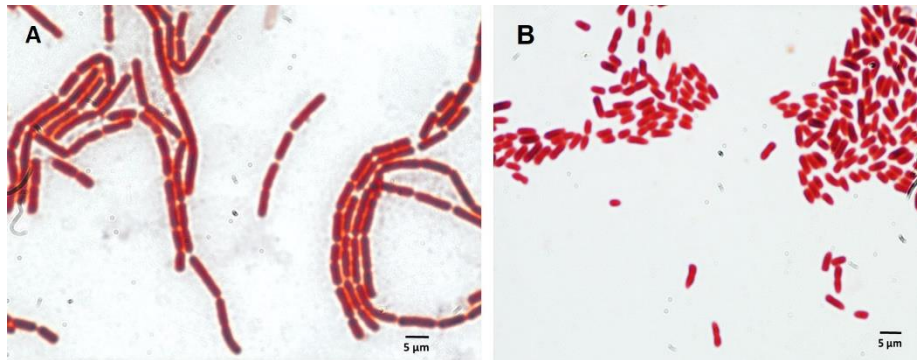
Bacterias totales (BT); Bacterias solubilizadoras de fosfato (BSF); Bacterias fijadoras de nitrógeno (BFN); Bacterias celulolíticas (BC); Actinomicetos totales (AT); M. O.=materia orgánica (%); NT= nitrógeno total (%); P= fósforo ( $mg\ kg^{-1}$ ); K= potasio ( $mg\ kg^{-1}$ ). \*Correlación significativa,  $\alpha = 0.05$

Trabajos previos, siguieron que el pH del suelo tiene un efecto en la población BFN, debido a que se ha observado que las tasas de fijación de nitrógeno disminuyen en un suelo con pH ácido (Navarro-Noya *et al.*, 2016; Smercina *et al.*, 2019). Lo anterior puede explicar el incremento de las poblaciones de BFN en el sitio 4, donde se registró un pH más alto, el cual fue de 6.1; en contraste, decrecieron en el sitio 2, el cual presentó un pH de 5.3.

La disponibilidad de recursos induce un recambio en las comunidades bacterianas, este cambio está asociado a las capacidades enzimáticas de los diferentes grupos bacterianos (Lauber *et al.*, 2009). La celulosa es el polisacárido más abundante en la biomasa vegetal, y algunos microorganismos son capaces de liberar enzimas para degradar este polímero; su actividad y plegamiento varía a medida que cambia el pH (Coyne, 2000). En este estudio, la comunidad de bacterias celulolíticas tienen una correlación negativa con el pH, posiblemente las enzimas producidas por este grupo de bacterias presentan mejor actividad cuando el pH es bajo.

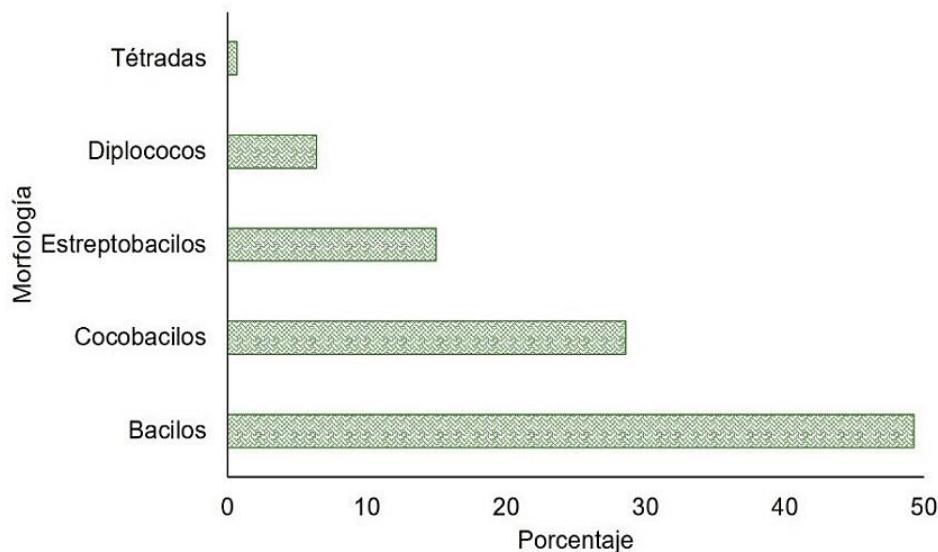
### **1.5.5 Aislamiento y caracterización de bacterias del suelo**

Se caracterizaron 120 cepas de bacterias de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*, 101 fueron Gram-negativas, y 19 Gram-positivas (**Anexo A1**). El 47 % de morfotipos bacterianos observados fueron de tipo bacilo, el 28.6 % cocobacilo, el 15 % estreptobacilos, el 6.4 % diplococos, el 3.6 % estreptococos y el 0.7 % tétradas (**Figuras 5 y 6**). Esta tendencia concuerda con datos de investigaciones anteriores, donde mencionan que las bacterias más comunes en el suelo son bacilos (forma de varilla, 0.5-0.3  $\mu\text{m}$ ), en menor cantidad se encuentran como cocos (forma de esfera, 0.5  $\mu\text{m}$ ), mientras que los espirilos son muy raros (Giri *et al.*, 2005). Asimismo, estudios enfocados en la diversidad microbiana del suelo citan que en la rizosfera existen numerosas cepas Gram-negativas, entre las cuales destacan los géneros *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Nitrosomonas*, *Nitrobacter*, *Pantoea* y *Agrobacterium* (Moreno *et al.*, 2018). Por lo que, posiblemente algunos de estos géneros también se encuentren formando parte de la comunidad bacteriana de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*.



**Figura 5.** Morfología microscópica de cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*. **A.** estreptobacilo, asilamiento P14-1, **B.** bacilo, aislamiento P13-1.

Investigaciones sobre la comunidad bacteriana en los helechos asiáticos *Pronephrium nudatum* y *Bolbitis heteroclita*, citan que el 100 % de morfotipos aislados son Gram-negativas (Sen *et al.*, 2018), en este estudio el 84 % fueron Gram-negativas. Al respecto se conoce que los grupos de rizobacterias Gram-negativas y Gram-prositivas cambian de cuerdo al tipo de suelo, especie de planta y disponibilidad de carbono (Fanin *et al.*, 2019), lo cual puede explicar estas diferencias.



**Figura 6.** Morfología bacteriana de los aislamientos de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*.

### 1.5.6 Identificación molecular de las cepas bacterianas

Al comparar las secuencias obtenidas en la base de datos del GenBank, se identificaron 126 cepas bacterianas, agrupadas en 20 géneros; 98 cepas se determinaron hasta especie, y 27 hasta género, con una máxima identidad entre el 99 y 100 %. Cabe mencionar que las 27 cepas identificadas hasta género, no pudieron asignarse a ninguna

especie conocida sobre la base de las secuencias del gen 16S rRNA, lo que indica que pueden ser especies nuevas (**Anexo A2**).

Con base a los árboles filogenéticos, se observa que en la rizosfera de *D. pseudofilixmas* los géneros más numerosos fueron *Pseudomonas* y *Bacillus*. En menor cantidad se encontraron *Chryseobacterium*, *Buttiauxella*, *Paraburkholderia*, *Aeromonas*, *Arthrobacter* y *Peribacillus*. Las especies del género *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Burkholderia* y *Arthrobacter* son las más comunes en ecosistemas terrestres; su preponderancia se debe a su versatilidad nutricional y/o la producción de propágulos en reposo (Alexander, 1987; Giri *et al.*, 2005).

Por ejemplo, las bacterias del género *Pseudomonas* secretan enzimas como glucanasa, quitinasa, entre otras, para obtener energía a partir de componentes residuales complejos de carbono, como son quitina, pectina, hexosas y polialcoholes (Palleroni, 2015). Este grupo de microorganismos son importantes en los ecosistemas, tienen la capacidad de degradar residuos orgánicos recalcitrantes; así mismo, su actividad es importante en el ciclo del carbono y del nitrógeno. En la rizosfera, su crecimiento se favorece cuando la liberación de exudados es más intensa (Palleroni, 2015; Sah *et al.*, 2021).

Las especies del género *Bacillus* representan entre el 7 y el 67 % de los grupos aislados del suelo, se caracterizan por ser Gram negativos y de forma bacilar, cuando los nutrientes comienzan a escasear, la mayoría esporula, formando una endospora. Comprende una amplia diversidad de tipos fisiológicos, los cuales degradan de celulosa, almidón, pectina e hidrocarburos; asimismo cepas de este género son antagonistas bacterianos y presentan capacidad de fijar nitrógeno (Alexander, 1987; Logan y de Vos, 2015).

Para el sitio 1 se identificaron 27 cepas bacterianas distribuidas en nueve géneros. En el árbol filogenético (**Figura 7**) se aprecian estos géneros agrupados en dos clados: 1) *Pseudomonas*, formado por *Pseudomonas jessenii*, *P. laurylsulfatiphila*, *P. granadensis*, *P. moraviensis*, *P. corrugata*, *P. sivasensis*, *P. carnis*, *Buttiauxella*, y 2) *Bacillus*, donde se encuentra *Bacillus nakamurai* y *Agromyces fucosus*. Se observa que los géneros

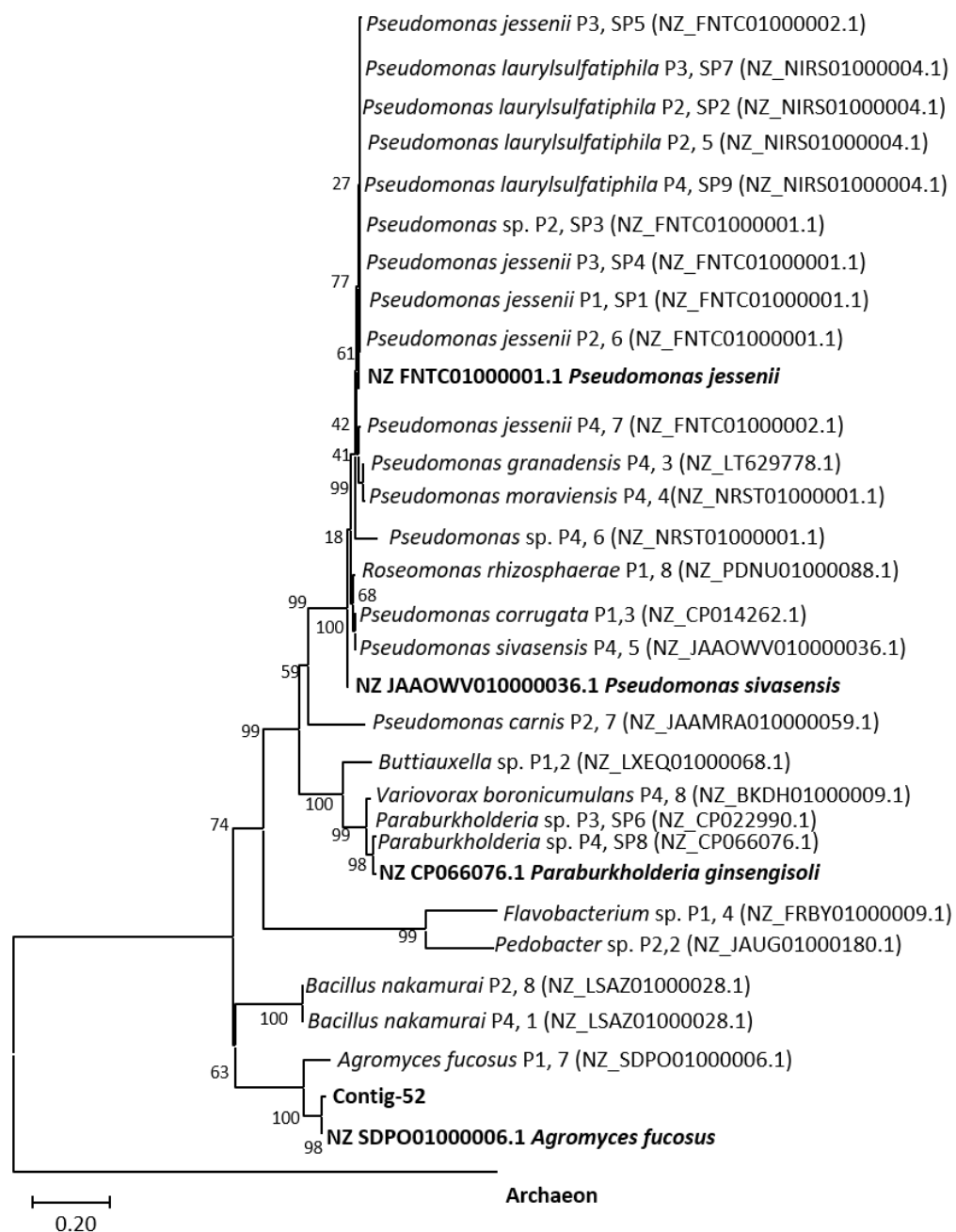
*Variovorax boronicumulans*, *Paraburkholderia*, *Flavobacterium* y *Pedobacter* forman clados menores.

En el sitio 2 se identificaron 36 cepas distribuidas en 11 géneros (**Figura 8**), se agruparon principalmente en dos clados: 1) *Pseudomonas*, formado por *Pseudomonas canadensis*, *P. fluorescens*, *P. jessenii*, *P. baetica*, *P. crudilactis*, *Variovorax ginsengisoli*; y 2) *Bacillus*, donde se agrupó *Bacillus nakamurai*, *B. licheniformis*, *B. flexus*, *Peribacillus butanolivorans* y *P. simplex*. Las especies *Aeromonas aquatica*, *Buttiauxella*, *Serratia quinivorans*, *Stenotrophomonas rhizophila* y *Chryseobacterium viscerum* formaron clados menores.

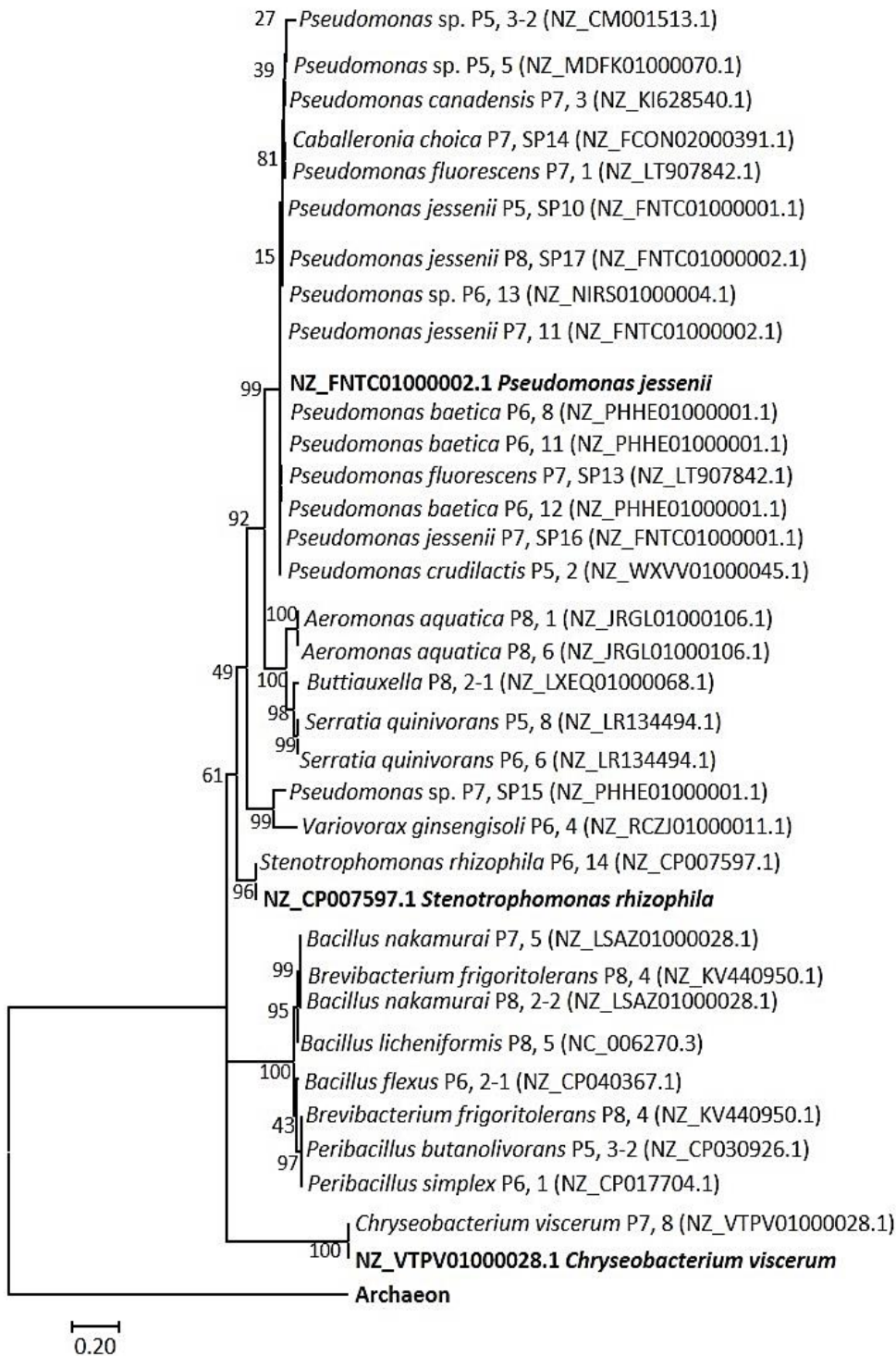
Para el sitio 3 se identificaron 27 cepas bacterianas, las cuales se distribuyeron en seis géneros. El clado dominante fue el de *Pseudomonas*. En el árbol filogenético (**Figura 9**) se observa la distribución de estas cepas bacterianas en seis clados, 1) *Pseudomonas*, formado por *Pseudomonas jessenii*, *P. laurylsulfatiphila*, *P. qingdaonensis*, *P. canadensis*, *P. fragi*, *P. yamanorum*; en los clados menores se agruparon 2) *Buttiauxella* sp., 3) *Stenotrophomonas rhizophila*, 4) *Chryseobacterium viscerum* y *C. vrystaatense*, 5) *Oerskovia enterophila* y 6) *Bacillus nakamurai*.

En la **Figura 10** se observan las 36 cepas bacterianas identificadas en el sitio 4. Estas cepas se agruparon en 10 géneros y se distribuyeron principalmente en dos clados, 1) *Pseudomonas*, donde se ubicaron *Pseudomonas jessenii*, *P. helmanticensis*, *P. edaphica*, *P. reactans*, *P. yamanorum*; y 2) *Bacillus*, formado por *Bacillus paralicheniformis*, *Paenibacillus thalictri*, *Arthrobacter oryzae* y *Oerskovia enterophila*. Las especies *Aeromonas encheleia*, *Rahnella* sp., *Paraburkholderia* sp., *Chryseobacterium viscerum* y *C. shigense* formaron clados menores.

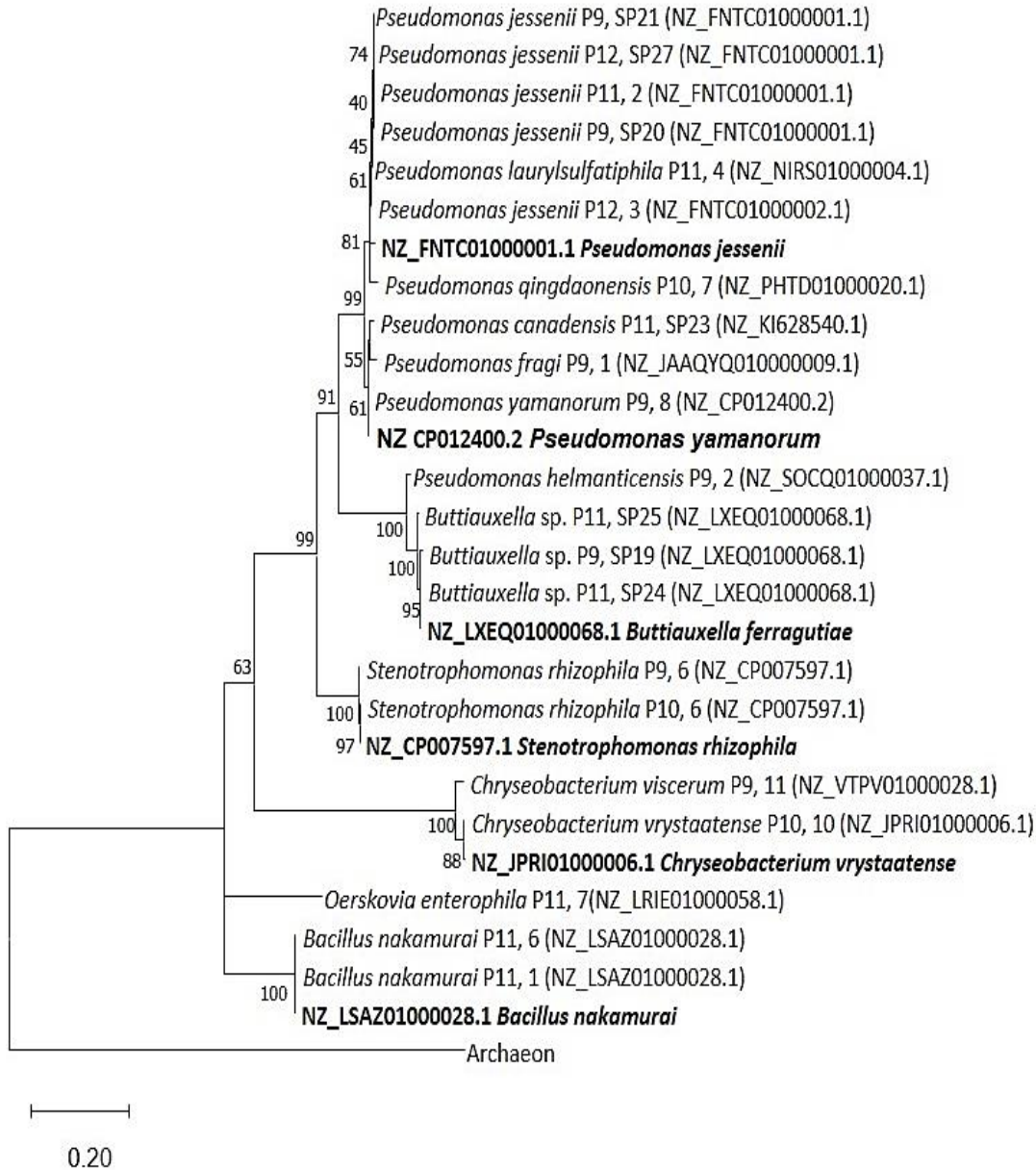




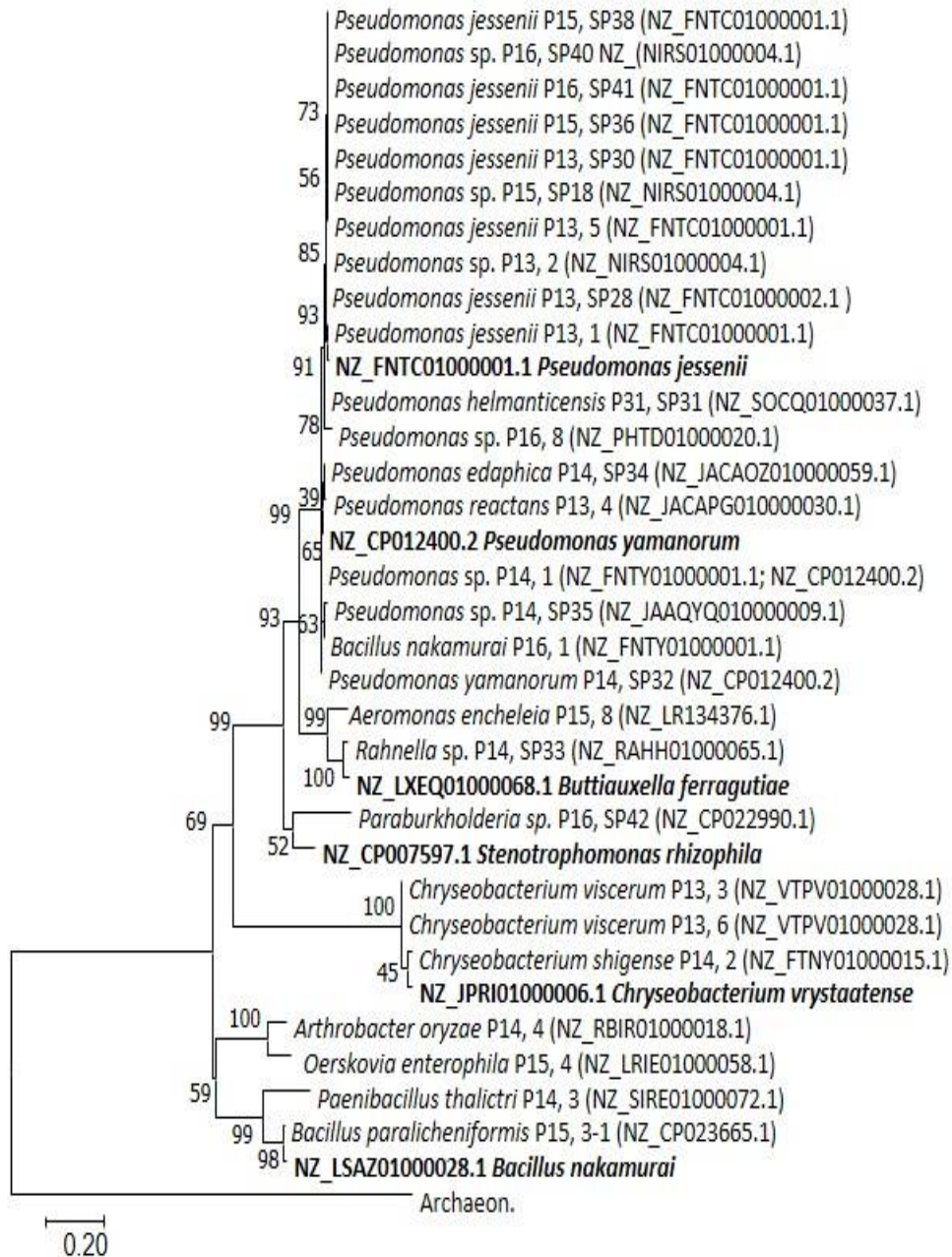
**Figura 7.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 1. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Archaeobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo.



**Figura 8.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 2. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo.



**Figura 9.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 3. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de *Arqueobacteria* como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo.

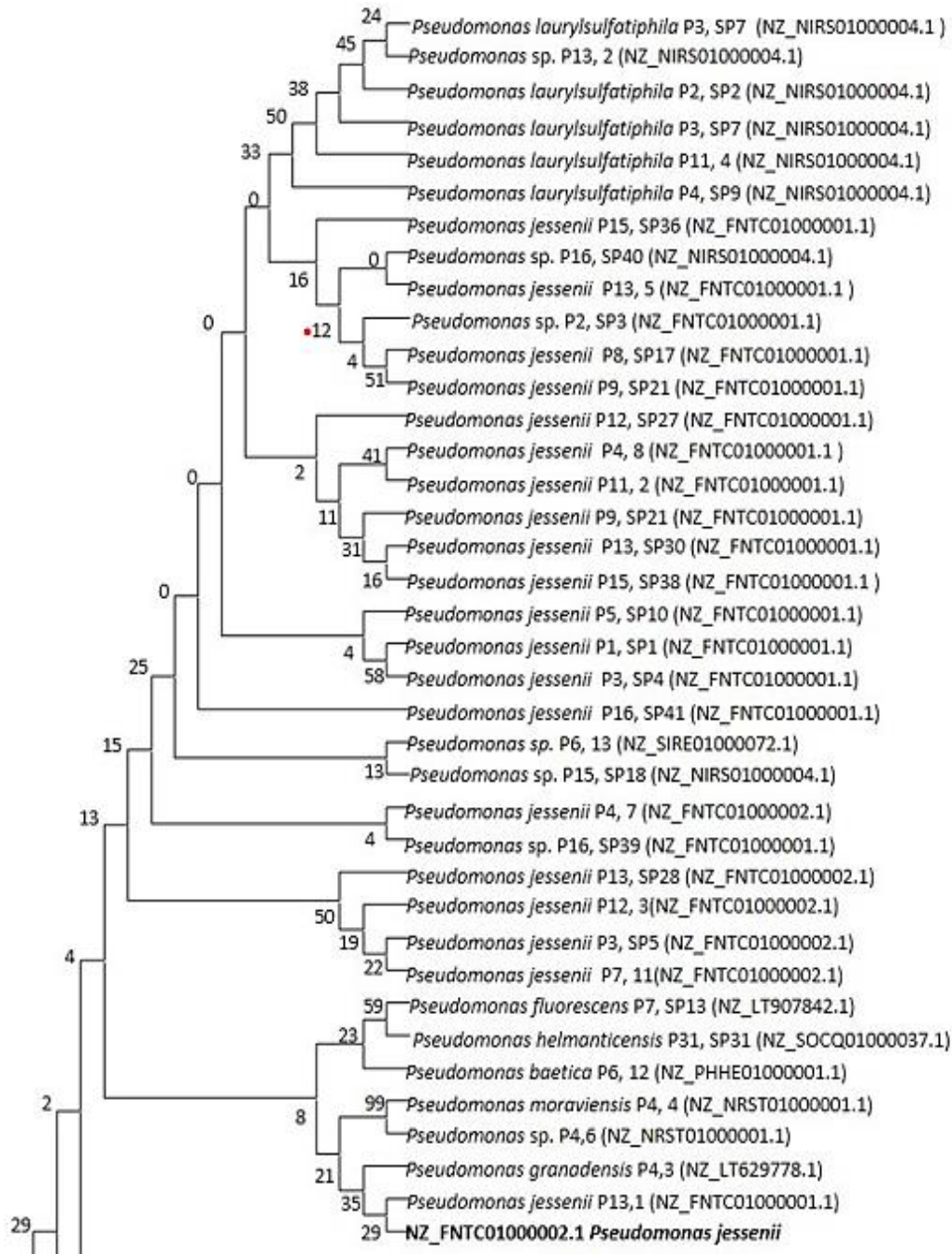


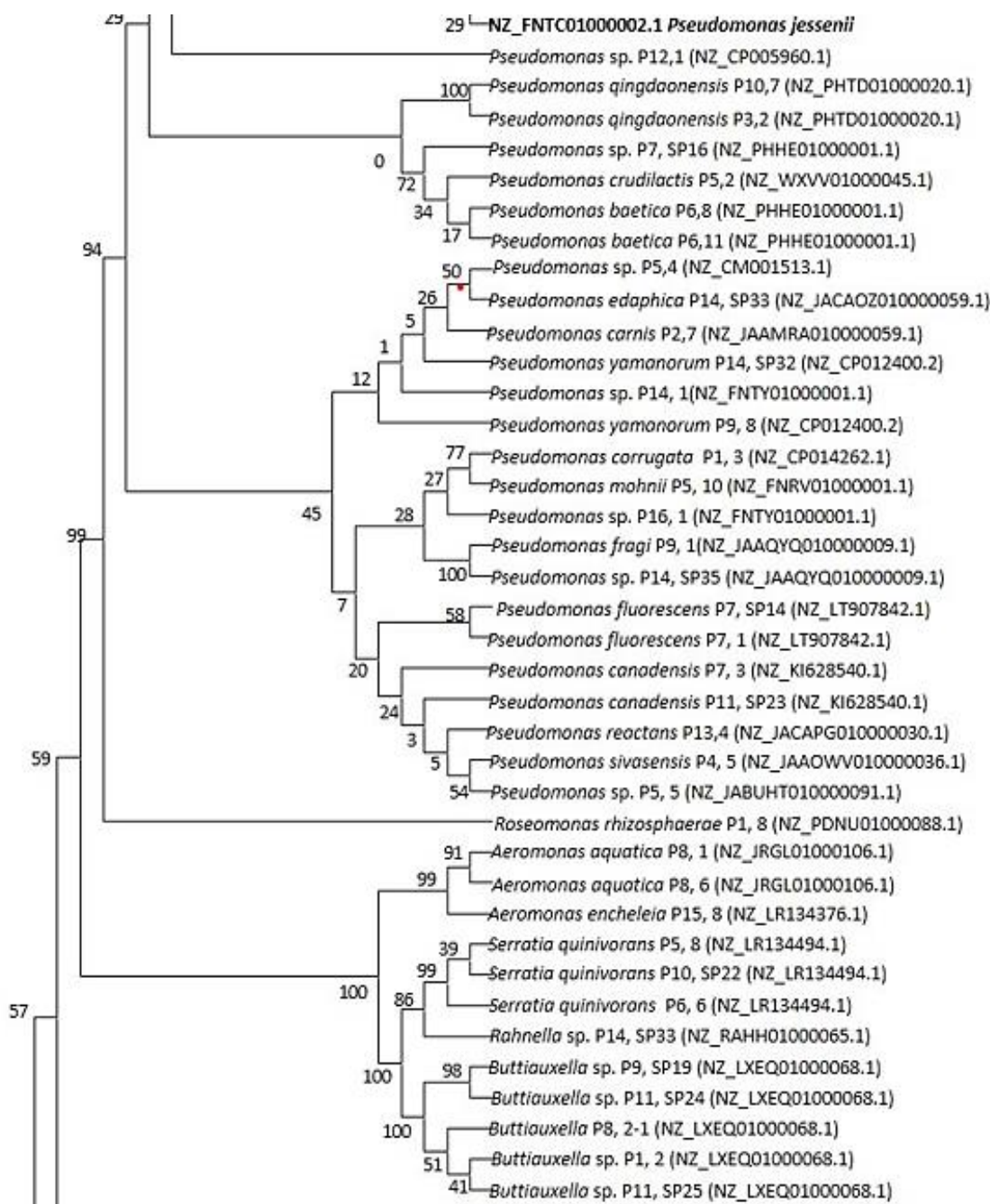
**Figura 10.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en el sitio 4. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Arqueobacteria como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo.

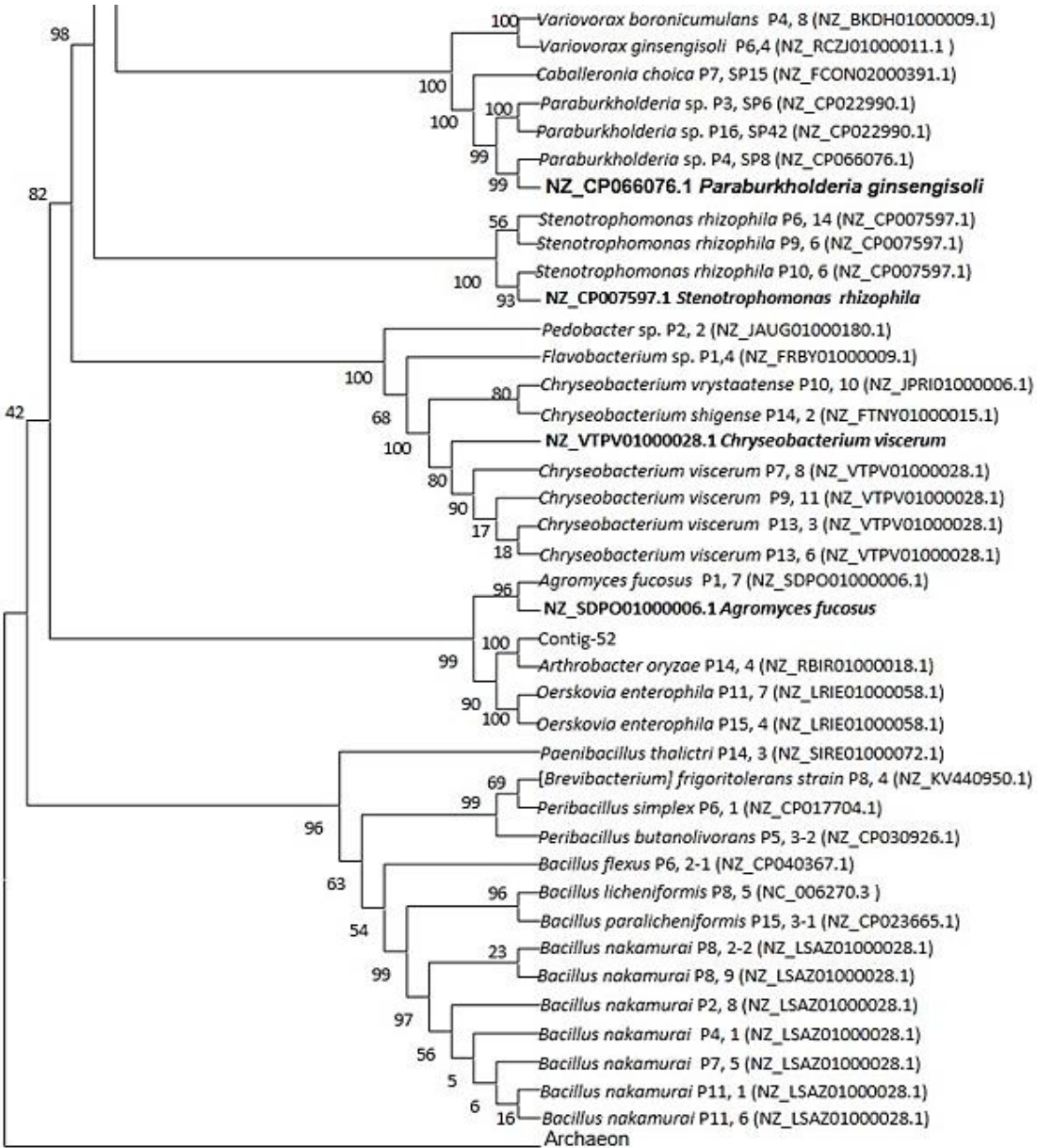
Con base a los árboles filogenéticos, se observa que en la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* los géneros que predominaron fueron *Pseudomonas* y *Bacillus*. El primero fue el más numeroso, 72 cepas aisladas pertenecieron a este género, de las cuales 20 correspondieron a *Pseudomonas jessenii*, esta cepa fue la más recurrente y estuvo presente en los cuatro sitios. El género *Bacillus*, estuvo representado principalmente por *Bacillus nakamurai* con ocho cepas, que estuvieron en los sitios 1, 2 y 3.

La conjunción de las rizosferas de los cuatro sitios se muestra en la **Figura 11** se identificaron 120 cepas bacterianas distribuidas en 18 géneros, que se agruparon principalmente en siete clados 1) *Pseudomonas*, 2) *Aeromonas*, *Serratia*, *Rahnella* y *Buttiouxillea*, 3) *Variovorax*, *Caballeronia* y *Paraburkholderia*, 4) *Stenotrophomonas*, 5) *Pedobacter*, *Flavobacterium* y *Chryseobacterium*, 6) *Agromyces*, *Arthrobacter* y *Oerskovia*, 7) *Paenibacillus*, *Peribacillus* y *Bacillus*.









**Figura 11.** Análisis filogenético de las cepas bacterianas identificadas en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en los cuatro sitios. Nombre, clave de aislamiento y número de acceso. En negritas se muestran los grupos de referencia incluidos en el análisis. Se utilizó una secuencia de Archaeobacteria como grupo externo.

La comparación entre las comunidades de las zonas rizosféricas en cada sitio se realizó considerando la presencia de especies, el análisis mostró que las poblaciones bacterianas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* de cada sitio presentan similitudes (**Cuadro 7**). Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que los sitios 2 y 3 presentaron mayor semejanza. En contraste, el sitio1 y el sitio 4 presentaron baja



similitud. Esto puede asociarse a que la cantidad y tipo de exudados liberados por la raíz, ejercen un efecto selectivo en las rizobacterias que viven ahí (Almaraz-Suárez *et al.*, 2020); y a las propiedades físicas y químicas del suelo, ya que éstas también influyen en la comunidad de rizobacterias (Ling *et al.*, 2022).

**Cuadro 7.** Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de rizobacterias entre los cuatro sitios de muestreo.

Sitios	1	2	3	4
1	0	0.21	0.22	0.15
2		0	0.50	0.22
3			0	0.33
4				0

Los cuatro sitios comparten especies de *Pseudomonas*, la especie *Pseudomonas jessenii* estuvo presente en todos los sitios. Watrud *et al.* (2003) observaron una tendencia similar en la rizosfera de *Pteridium aquilinum* (L.) Kuhn, donde la especie en común en los sitios de estudio es *Pseudomonas marginalis*. Los sitios 1, 2 y 3 tuvieron en común la especie de *Bacillus nakamurai*. Al respecto, se ha citado la dominancia del género *Bacillus* en la rizosfera de *Pronephrium nudatum* y *Bolbitis heteroclita*. Los autores infieren que la presencia de estas bacterias no es específica de los tipos de suelo, sino específica de las plantas hospedantes, ya que estuvieron presentes en todos los sitios de muestreo (Sen *et al.*, 2018).

Los sitios 2 y 3 comparten especies como *Pseudomonas laurylsulfatiphila*, *P. baetica*, *P. helmanticensis*, *P. sp.*, *Bacillus nakamurai*, *Serratia quinivorans*, *Stenotrophomonas rhizophila*, *Chryseobacterium viscerum* y *Buttiauxella sp.* Los sitios 2, 3 y 4, comparten las especies *Pseudomonas helmanticensis* y *Oerskovia enterophila*. En los sitios 1 y 4 se registró la presencia del actinomiceto *Arthrobacter oryzae*. Las especies del género *Arthrobacter* presentan forma de bacilo durante la fase de crecimiento exponencial y de coco durante la fase estacionaria. Los cocos son resistentes a la desecación y a la falta de nutrientes. Las bacterias de este grupo se caracterizan por presentar crecimiento lento, son ligeramente móviles y son eficientes durante los períodos de menor flujo de nutrientes (Cacciari y Lippi, 1986; Alexander, 1987).

El género de *Aeromonas* se registró en los sitios 2 y 4, estuvo representado por las especies *Aeromonas aquatica* y *A. encheleia* respectivamente. La asociación de *Aeromonas* y helechos lo citan Quisehuatl-Tepexicuapan *et al.* (2016), en su investigación confirman la presencia de *A. hydrophila*, *A. veronii* y *A. sp.* en el rizoplano de *Azolla filiculoides*. La especie de *Pseudomonas fluorences* fue exclusiva para el sitio 2, estas cepas destacan por su aprovechamiento dirigido a la promoción del crecimiento de las plantas (Palleroni, 2015). La especie *Paenibacillus thalictri* fue exclusiva para el sitio 4, al respecto, estudios previos citan la presencia de *Paenibacillus filicis* en *Pteridium aquilinum* (Byung-Chun *et al.*, 2009). Se sabe que las bacterias del género *Paenibacillus* promueven el crecimiento de las plantas y fijan nitrógeno, por lo tanto, pueden aprovecharse para su uso en la agricultura (Grady *et al.*, 2016).

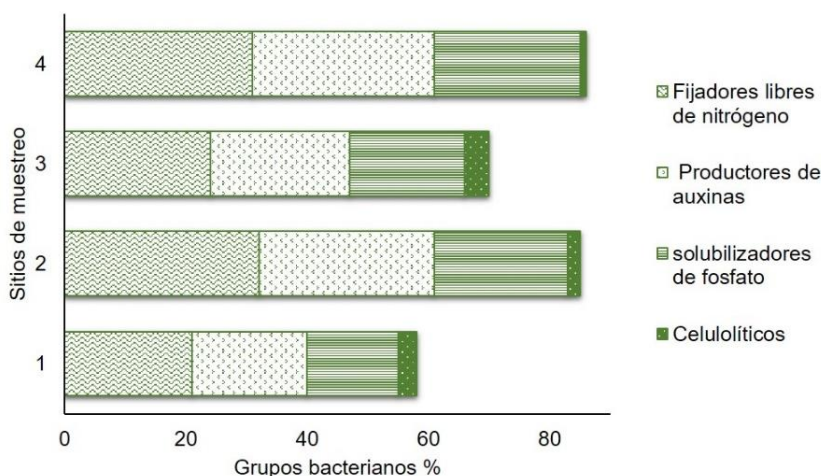
En este estudio, el análisis filogenético permitió observar cierta afinidad entre las bacterias identificadas y la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*, principalmente por dos clados dominantes: *Pseudomonas* y *Bacillus*, lo cual puede deberse a que las raíces de este helecho proveen los compuestos necesarios para el desarrollo de este grupo de microorganismos.

### **1.5.7 Análisis cualitativo de función ecológica de las bacterias aisladas**

De las 126 cepas bacterianas aisladas e identificadas, sólo 120 fueron utilizadas para realizar los análisis cualitativos de función ecológica, debido a que 6 cepas perdieron la viabilidad: *Roseomonas rhizosphaerae* (P1,8), *Chryseobacterium vrystaatense* (P7,2), *Buttiauxella sp.* (P14,6), *P. moraviensis* (P4,4), *P. corrugata* (P14,5) y *P. qingdaonensis* (P3,2) (**Anexo A3**). La pérdida de viabilidad se relaciona con el hecho de que las bacterias presentes en la rizosfera, se nutren principalmente de los exudados que se transportan activamente fuera de la raíz de la planta, por lo tanto, al cultivar bacterias de la rizosfera *in vitro* su crecimiento puede ser inhibido por la ausencia de compuestos que están presentes únicamente en su ambiente natural (Nichols *et al.*, 2008; Chaluvadi y Bennetzen, 2018).

Las 120 cepas evaluadas presentaron actividades de promoción del crecimiento vegetal. Los grupos funcionales evaluados fueron: posibles fijadores de nitrógeno, productores

de auxinas, solubilizadores de fosfato y celulolíticos; los cuatro grupos estuvieron presentes en todos los sitios. En la **Figura 12** se observa que el grupo de fijadores de nitrógeno fue el más abundante, seguido del grupo de productores de auxinas y solubilizadores de fosfato; mientras que el grupo menos numeroso fue el de celulolíticos.



**Figura 12.** Porcentaje de grupos bacterianos aislados de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en cada sitio muestreado.

Los resultados indican que la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* alberga diversos grupos de bacterias funcionales, ya que las cepas aisladas presentaron más de una actividad de promoción de crecimiento (**Cuadro 8 y Anexo 2**). En el caso del género *Pseudomonas* (72 cepas analizadas) el 79 % mostraron la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato y fijar nitrógeno, el 8 % tuvieron la capacidad de solubilizar fosfato y fijar nitrógeno; mientras que el 7 % se caracterizó por producir auxinas y fijar nitrógeno. Solo el 4 % tuvo la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato, fijar nitrógeno y degradar celulosa, estas cepas son: *Pseudomonas fragi* (P9, 1), *Pseudomonas* sp. (P5,4) y *Pseudomonas corrugata* (P1,3).

El género *Pseudomonas* Migula es uno de los grupos de bacterias más diversos y ecológicamente significativos del planeta. Los miembros de este género se encuentran en grandes cantidades en todos los entornos naturales, establecen asociaciones específicas con plantas y animales. Su distribución en el suelo es importante en la promoción del crecimiento de las plantas y el control de patógenos (Sah y Singh, 2016).

Estudios previos confirman la asociación de especies de *Pseudomonas* asociadas a la rizosfera de helechos. Ganger *et al.* (2019) citan que *P. nitroreducens* altera la determinación del sexo y desarrollo de rizoides en el gametofito del helecho *Ceratopteris richardii*.

**Cuadro 8.** Función ecológica de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*.

Géneros de especies bacterianas aisladas	Funciones ecológicas					
	Especies analizadas	SP, AIA, FN	SP, FN	AIA, FN	FN	SP, AIA, FN, Cel
<i>Aeromonas</i>	2	1	-	1	-	-
<i>Agromyces</i>	1	-	-	-	-	-
<i>Arthrobacter</i>	1	-	-	-	1	-
<i>Bacillus</i>	9	3	-	5	1	-
<i>Brevibacterium</i>	1	-	-	-	1	-
<i>Chryseobacterium</i>	2	-	-	2	-	-
<i>Pseudomonas</i>	72	58	6	5	-	3
<i>Paraburkholderia</i>	3	2	-	-	-	1
<i>Serratia</i>	1	-	-	-	-	1
<i>Variovorax</i>	2	-	-	-	1	1
<i>Paenibacillus</i>	1	-	-	1	-	-
<i>Buttiauxella</i>	5	2	-	1	-	2

Funciones ecológicas que presentan las cepas aisladas por género. SP = solubilizadoras de fosfato, AIA = productoras de auxinas, FN = fijadoras de nitrógeno, Cel =celulolíticas.

En este trabajo, *P. corrugata* se caracterizó por solubilizar fosfato, producir auxina y fijar nitrógeno. En la literatura se ha descrito como patógeno oportunista, que ha provocado pérdidas de cosechas de tomate, pimiento y crisantemo. No obstante, también se ha demostrado su eficacia frente a hongos y bacterias fitopatógenas y se ha observado que algunas cepas producen auxinas (Catara, 2007).

De las cepas analizadas, 20 corresponden a *P. jessenii*, se caracterizaron por ser bacilos, Gram-negativos, el color de las colonias varió de tono crema a blanco, todas presentaron la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato y fijar nitrógeno. Esta especie se aisló por primera vez en aguas minerales de Francia, sin significado clínico (Verhille *et al.*, 1999). Se ha citado que le confiere protección a su planta hospedante contra una serie de patógenos transmitidos por el suelo (Qin *et al.*, 2016). Las cepas de *P.*

*laurylsulfatiphila* analizadas se caracterizaron la capacidad de producir auxinas y solubilizar fosfato; en la literatura ha sido descrita por su capacidad de solubilizar fosfato y favorecer la biomasa en sus anfitriones (López-Hernández *et al.*, 2022).

La rizobacteria *Bacillus nakamurai* se aisló en tres sitios, los resultados muestran que tiene la capacidad de producir auxinas y fijar nitrógeno, estos resultados son similares a lo observado en las cepas de *Bacillus subtilis*, *B. toyonensis* y *B. lincheniformis* aisladas de la rizosfera de *Pronephrium nudatum* y *Bolbitis heteroclita*, las cuales presentaron la capacidad de producir auxinas y solubilizar fosfato (Sen *et al.*, 2018).

La cepa *Oerskovia enterophila*, se caracterizó por ser diplococos Gram-positiva y tener la capacidad de producir auxinas y degradar celulosa, los datos obtenidos proporcionan información respecto a su producción de auxinas. Esta especie pertenece al filo *Actinobacteria*, se aisló por primera vez en un jardín botánico de Alemania, y se caracterizó por degradar celulosa y quitina. Además, en su fase estacionaria adopta forma de cocoides (Jag *et al.*, 2017).

También se aislaron tres especies de *Chryseobacterium*: *C. shigense*, *C. viscerum* y *C. vrystaatense*. Estas cepas presentaron la capacidad de producir auxinas y fijar nitrógeno. El género *Chryseobacterium* se considera un grupo importante asociado a plantas debido a que las especies exhiben actividades promotoras del crecimiento vegetal (Montero-Calasanz *et al.*, 2014).

Los resultados obtenidos coinciden con investigaciones anteriores, en las cuales se cita que las bacterias asociadas a raíces de otras plantas vasculares desempeñan una función importante en la salud y crecimiento de su anfitrión, en estas bacterias se incluyen especies de *Pseudomonas*, *Acetobacter*, *Burkholderia*, *Serratia*, *Paenibacillus* y *Bacillus* (Moreno *et al.*, 2018). Con base en lo anterior, se puede sugerir que las bacterias de este grupo, asociadas a la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*, podrían estar ejerciendo un papel importante en la rizosfera de estas plantas. Así mismo, en su mayoría, estas cepas no presentan significancia clínica, a excepción de *Serratia quinivorans*, debido que algunas cepas se han citado como patógeno humano (<https://bacdiv.dsmz.de/strain>).

## 1.6 CONCLUSIONES

*Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. crece en suelos ácidos a ligeramente ácidos, con alto contenido de materia orgánica, fósforo y nitrógeno. La caracterización de las cepas muestra que la población bacteriana de los cuatro sitios, está dominada principalmente por dos clados: *Pseudomonas* y *Bacillus*. El primero fue más numeroso, con 60 % de las cepas caracterizadas. En menor número se encontró el género *Bacillus*, con solo 9.2 %; no obstante, este clado estuvo presente en los cuatro sitios. Las poblaciones bacterianas de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* de cada sitio presenta similitud. Los cuatro sitios compartieron la especie *Pseudomonas jessenii*. Las cepas *P. jessenii* y *Bacillus nakamurai* son recurrentes en la rizosfera de esta planta. Estas bacterias pueden ser específicas de *D. pseudofilix-mas* ya que estuvieron presentes en todos los sitios de muestreo.

Las características del suelo como el pH y el contenido de fósforo influyeron en las poblaciones microbianas evaluadas. Se observó una correlación positiva de la población de bacterias totales con el pH y el P; correlación positiva de las bacterias fijadoras de nitrógeno y el pH; y correlación negativa entre las bacterias celulolíticas y el pH.

La rizosfera de *D. pseudofilix-mas* alberga diversos grupos de bacterias funcionales que potencialmente pueden dirigirse a la biotecnología para la restauración ecológica o para fines agrícolas. En su mayoría, las cepas bacterianas analizadas presentaron más de una actividad de promoción del crecimiento. El grupo de fijadores nitrógeno fue el más abundante. De las 72 cepas analizadas de *Pseudomonas*, el 79 % mostraron capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato y fijar nitrógeno, el 8 % tuvieron la capacidad de solubilizar fosfato y fijar nitrógeno; mientras que el 4 % tuvo la capacidad de producir auxinas, solubilizar fosfato, fijar nitrógeno y degradar celulosa. Por lo tanto, es importante realizar pruebas en distintos cultivos para estudiar los efectos y el aprovechamiento que pueden tener en el crecimiento de éstos.

En el caso de los helechos solo se dispone de algunos reportes relacionados con bacterias rizosféricas. Recientemente, Yang *et al.*, (2012); Ghosh *et al.*, (2011) y Huang *et al.*, (2010) reportaron cepas bacterianas de la rizosfera de *Pteris vittata*. El presente

estudio amplía los hallazgos de investigaciones previas, así mismo, no solo informa la diversidad bacteriana de la rizosfera de los helechos, sino también proporciona las actividades de promoción del crecimiento que poseen las bacterias asociadas a la rizosfera de este grupo de plantas.

El área de estudio, al ser una cañada, forman condiciones microclimáticas que dan refugio a individuos de *D. pseudofilix-mas*, pues el desarrollo de esta especie se limita a estas condiciones. Este helecho es un reservorio de bacterias benéficas que ejercen un equilibrio en la planta, puesto que, al entrar a la cañada, es sorprendente apreciar que los individuos de esta especie lucen láminas frondosas y verdes, con poca, o ninguna señal de daño causado por enfermedades o insectos. Por consiguiente, es importante tomar medidas para evitar su pérdida en esta localidad, pues la explotación de madera en esta zona pone en riesgo a esta planta.

## CAPÍTULO II. HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ASOCIADOS A

### *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM.

#### 2.1 RESUMEN

Los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) forman asociaciones simbióticas con la mayoría de las especies vegetales, entre ellas las especies de helechos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la abundancia y riqueza de HMA en las raíces *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., en el Monte Tláloc, Estado de México. La zona de estudio corresponde a bosque de *Abies religiosa* y bosque mixto (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupresus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Se seleccionaron cuatro poblaciones de *D. pseudofilix-mas* a lo largo de una cañada, en cada una se colectó suelo rizosférico de cuatro individuos. En el lugar se determinó la altitud, humedad y temperatura del suelo. El fósforo disponible se determinó por el método de Bray y Kurtz, la materia orgánica se estimó por el método de Walkley y Black y el nitrógeno total se determinó con el método semi-micro Kjeldahl. La colonización por HMA se evaluó siguiendo el método de Phillips y Hayman. La extracción de esporas se efectuó por el método de tamizado húmedo y decantación, seguido por centrifugación en gradiente de sacarosa. La identificación de las especies de HMA se realizó con base a las características morfológicas de las esporas. El suelo se caracterizó por ser ácido a ligeramente ácido (pH 5.3-6.1), con alto contenido de fósforo (33.5-66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrógeno (0.33-0.50 %) y materia orgánica (3.5-4.2 %). El porcentaje de colonización en las raíces fue de 37 a 47 %. Las estructuras de HMA observadas fueron hifas, arbuscúlos, vesículas y esporas. Se identificaron 24 morfoespecies agrupadas en nueve géneros; siete se registraron en todos los sitios de estudio (*Acaulospora alpina*, *A. mellea*, *Claroideoglobus claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *F. mosseae*, *Glomus microcarpum* y *Rhizophagus clarus*). En el área de estudio se cita por primera vez a *A. alpina*. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que existe un bajo recambio de especies de HMA, en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* entre los sitios estudiados y que comparten varias especies como: *A. alpina*, *C. claroideum* y *F. geosporum*.

**Palabras clave:** micorriza, hongos endófitos septados, helecho, rizosfera.



## CHAPTER II. ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI ASSOCIATED TO *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM.

### 2.2 ABSTRACT

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) form symbiotic associations with most plant species, including fern species. This work aimed to evaluate the abundance and richness of AMF in *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. at Mount Tláloc, State of Mexico. The study area corresponds to *Abies religiosa* forest and mixed forest (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Four populations of *D. pseudofilix-mas* were selected along a ravine, in each one rhizospheric soil was collected from four individuals. In the place, the altitude, humidity, and temperature of the soil were determined. Available phosphorus was determined by the Bray and Kurtz method, organic matter was estimated by the Walkley and Black method, and total nitrogen was determined by the semi-micro Kjeldahl method. Colonization by AMF was evaluated following the Phillips and Hayman method. The extraction of spores was carried out by the method of wet sieving and decantation, followed by sucrose gradient centrifugation. The identification of the AMF species was carried out based on the morphological features of the spores. The soil was characterized as being acid to slightly acid (pH 5.3-6.1), with a high content of phosphorus (33.5-66.8 mg kg<sup>-1</sup>), nitrogen (0.33-0.50 %), and organic matter (3.5-4.2 %). The AMF colonization in roots ranged was 37 to 47 %. The observed AMF structures were hyphae, arbuscules, vesicles, and spores. 24 morphospecies grouped into nine genera were identified; seven were recorded in all study sites (*Acaulospora alpina*, *A. mellea*, *Claroideoglomus claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *F. mosseae*, *Glomus microcarpum*, and *Rhizophagus clarus*). *A. alpina* is recorded for the first time in the study area. The values of the Sørensen similarity index indicate that there is a low turnover of AMF species in the *D. pseudofilix-mas* rhizosphere between the sites studied, and among, which shared several species like *A. alpina*, *C. claroideum* and *F. geosporum*.

**Keywords:** mycorrhizae, septate endophytic fungi, fern, rhizosphere.

## 2.3 INTRODUCCIÓN

Los helechos son un grupo diverso de plantas vasculares; en México se calculan 902 especies, agrupadas en 32 familias (Mickel y Smith, 2004); en el Estado de México, se tienen registrados 228 especies (Martínez-Salas y Ramos, 2014; Tejero Díez y Torres Díaz, 2016). Este grupo de plantas son de gran importancia ecológica, ya que promueven la formación de suelo, controlan el proceso de erosión y su densa red de rizomas y raíces son el microhábitat de numerosos organismos (Mehltreter, 2010).

Los microorganismos que interactúan con los helechos son bacterias, cianobacterias, amebas y hongos (Jackson *et al.*, 2006; Anderson, 2009; Kim *et al.*, 2009; Fernández *et al.*, 2011; Dijkhuizen *et al.*, 2017; Sen *et al.*, 2018). La interacción más estudiada en este grupo de plantas, es la relación helecho-hongos micorrízicos arbusculares (HMA). Se considera que la micorriza es la relación más antigua y que ha prevalecido desde que las plantas colonizaron el medio terrestre (Lara-Pérez *et al.*, 2017).

Los HMA son un grupo monofilético del phylum Glomeromycota, y se caracterizan por ser aseptados, asexuales y simbioses obligados. A través de distintos mecanismos, los HMA brindan varios beneficios a sus plantas hospedantes, como son: facilitar la absorción de nutrimentos minerales, aumentar la biomasa de la planta y conferir mayor resistencia al estrés y a los patógenos (Lehnert *et al.*, 2017; Qi *et al.*, 2022). La micorriza está presente en los esporofitos y gametofitos de los helechos. En este grupo de plantas, los HMA promueven el crecimiento vegetal, incrementan la biomasa foliar e intercambian nutrientes por carbono. Los estudios de la interacción helechos-HMA son pocos, en comparación con los otros grupos de plantas vasculares (Mehltreter, 2010; Lara Pérez *et al.*, 2017).

En México, 124 especies de helechos han sido objeto de estudio para conocer sus interacciones con HMA; esta interacción se ha confirmado en 27 familias, entre ellas Dryopteridaceae. Sin embargo, la mayoría de los datos de colonización proceden de una sola muestra, y no es representativa del género o de la familia de helecho (Lara Pérez *et al.*, 2017). Dryopteridaceae alberga alrededor de treinta y cuatro géneros, los más abundantes son *Dryopteris* y *Polystichum*.

En México, el género *Dryopteris* está representado por 13 especies, *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., es una especie mexicana, que se encuentra distribuida en los estados de Nuevo León, Michoacán, Querétaro, Hidalgo, Estado de México, Puebla, Morelos, Veracruz, Oaxaca, Chiapas y en la Ciudad de México (Mickel y Smith, 2004). *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., puede ser una fuente promisorio de sustancias con actividades biológicas, dado que comparte linajes con especies de *Dryopteris* con antecedentes etnobotánicos. Por ejemplo, *D. filix-mas*, helecho con distribución en México, es utilizado tradicionalmente por sus propiedades vermífugas, y se ha citado que los floroglucinosos aislados de esta planta, son los responsables de esta actividad. De igual manera, especies de *Dryopteris* de origen asiático han sido de interés farmacéutico por las actividades citotóxica y antimicrobiana que presentan (Han *et al.*, 2015).

No se tiene documentado si *D. pseudofilix-mas* establece simbiosis con hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y tampoco se conoce qué especies de HMA están interactuando con el helecho. Por lo tanto, conocer su estatus micorrízico y los HMA asociados a él, ayudaría a entender si esta planta tiene una dependencia importante de la micorriza, y si es así, diseñar una estrategia para su propagación y/o conservación. Así mismo, las especies de HMA asociadas a este helecho pueden ser candidatas para la masificación de inóculo a través cultivos trampa y para probar su eficiencia en cultivos de interés. El objetivo de este trabajo fue evaluar el grado de colonización, riqueza y abundancia de esporas de HMA presentes en *D. pseudofilix-mas* en el Monte Tláloc, Texcoco, Estado de México.

## 2.4 MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.4.1 Área de estudio

La información se encuentra en el apartado 1.4.1 del CAPÍTULO I.

### 2.4.2 Recolección de material biológico

Se seleccionaron cuatro poblaciones de *D. pseudofilix-mas*, localizadas a lo largo de la cañada de San Pablo Ixayoc, a 500 m de distancia una de otra (**Figura 3**, se encuentra en el apartado 1.4.1 del CAPÍTULO I). En cada población se seleccionaron cuatro individuos de cobertura y tamaño similar (Bautista-Cruz *et al.*, 2014), en los cuales se

tomaron muestras de suelo rizosférico (100 g) y raíces de cuatro puntos equidistantes a una profundidad de 15 cm, en la época de lluvias. Las muestras de cada planta se mezclaron para obtener una muestra compuesta y se almacenaron a 4°C hasta su procesamiento (Lara-Pérez *et al.*, 2015).

### **2.4.3 Análisis físico y químico de suelo**

La información se encuentra en el apartado 1.4.3 del CAPÍTULO I.

### **2.4.4 Evaluación de la colonización micorrízica en las raíces de los helechos**

Para evaluar la colonización por hongos micorrízicos las raíces se lavaron con abundante agua del grifo, posteriormente se procesaron por el método de clareo y tinción con azul de tripano de Phillips y Hayman (1970). El porcentaje de colonización se calculó evaluando microscópicamente la morfología interna de la simbiosis, colocando 25 fragmentos de 1 cm de longitud en portaobjetos adicionando gotas de lactoglicerol. Se realizaron tres laminillas por tratamiento. En un microscopio (Carl Zeis, Axiostar Plus, País) se efectuaron tres pasajes equidistantes por laminilla para registrar el número de segmentos con estructuras de HMA (hifas cenocíticas, vesículas, arbusculos, esporas, células moniliformes). El porcentaje de colonización total se calculó dividiendo el número total de segmentos colonizados entre el número de segmentos totales observados multiplicado por 100.

### **2.4.5 Extracción de esporas y determinación de hongos micorrízicos arbusculares**

Cada muestra de suelo rizosférico se pasó por un tamiz de 2 mm de abertura, para la extracción de esporas se utilizaron 100 g de suelo seco, siguiendo el método de tamizado húmedo y decantación (Gerdemann y Nicolson, 1963), seguido por centrifugación en gradiente de sacarosa al 20 y 60 %. El material contenido en el tamiz de 44 µm de abertura de malla se colocó en una caja de Petri, las esporas observadas en el estereoscopio (Leica Microsystems, DMS300, Wetzlar, Alemania) se recuperaron para realizar preparaciones permanentes y contabilizarlas. Las esporas fueron montadas en alcohol-polivinílico-lactoglicerol (PVLG) más reactivo Melzer 1:1 (v/v) (Koske y Tessier, 1983).

La identificación de las especies de HMA se realizó con base en las características morfológicas de las esporas, descritas por Schenck y Pérez (1990). Las características observadas se registraron, y se compararon con las que aparecen en las descripciones disponibles en los sitios web de la Colección Internacional de Cultivos de HMVA (<http://invam.wvu.edu/>) y en la Colección de Glomeromycota del Profesor Janusz Blazkowski, taxónomo de Glomeromycota del Departamento de Patología de Plantas de la Universidad de Agronomía de Szczecin, Polonia (<http://www.zor.zut.edu.pl/Glomeromycota/Taxonomy.html>). Para la designación de las especies se usó la nomenclatura de Glomeromycota propuesta por Schüßler et al. (2001) y Schüßler y Walker (2010). Las esporas se observaron en un Fotomicroscopio (Carl Zeis, Axiostar Plus, Jena, Alemania) a objetivos 40X y 100X.

#### **2.4.6 Determinación de la abundancia, riqueza y diversidad de hongos micorrízicos arbusculares**

De cada muestra de suelo rizosférico se determinó la abundancia total de esporas de HMA extraídas (esporas/100 g de suelo seco) y la abundancia relativa a partir del número de esporas por morfoespecie de HMA. El índice de diversidad de Shannon-Wiener ( $H'$ ) se calculó de acuerdo a la fórmula:

$$H' = \sum -(P_i * \ln P_i)$$

Donde  $P_i$  es la abundancia relativa,  $\ln$  es el logaritmo natural.

El índice de dominancia de Simpson ( $D$ ) por la fórmula:

$$D = \sum P_i^2$$

El Índice de similitud de Sørensen se obtuvo mediante la siguiente fórmula:

$$IS = \frac{2C}{A + B}$$

Donde A y B son el número de especies en las muestras A y B, respectivamente, y C es el número de especies compartidas por las dos muestras (Moreno, 2001).

### 2.4.7 Análisis estadístico

Para estimar diferencias en el número de esporas, el porcentaje de colonización, en los índices de Shannon-Wiener y de Simpson entre sitios, se realizó análisis de varianza y comparación de medias de Tukey ( $\alpha=0.05$ ) con el paquete estadístico SAS versión 9.0 (SAS, 2002).

## 2.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 2.5.1 Características físicas y químicas del suelo.

La información se encuentra en el apartado 1.5.2 del CAPÍTULO I.

### 2.5.2 Evaluación de la colonización micorrízica en las raíces de los helechos

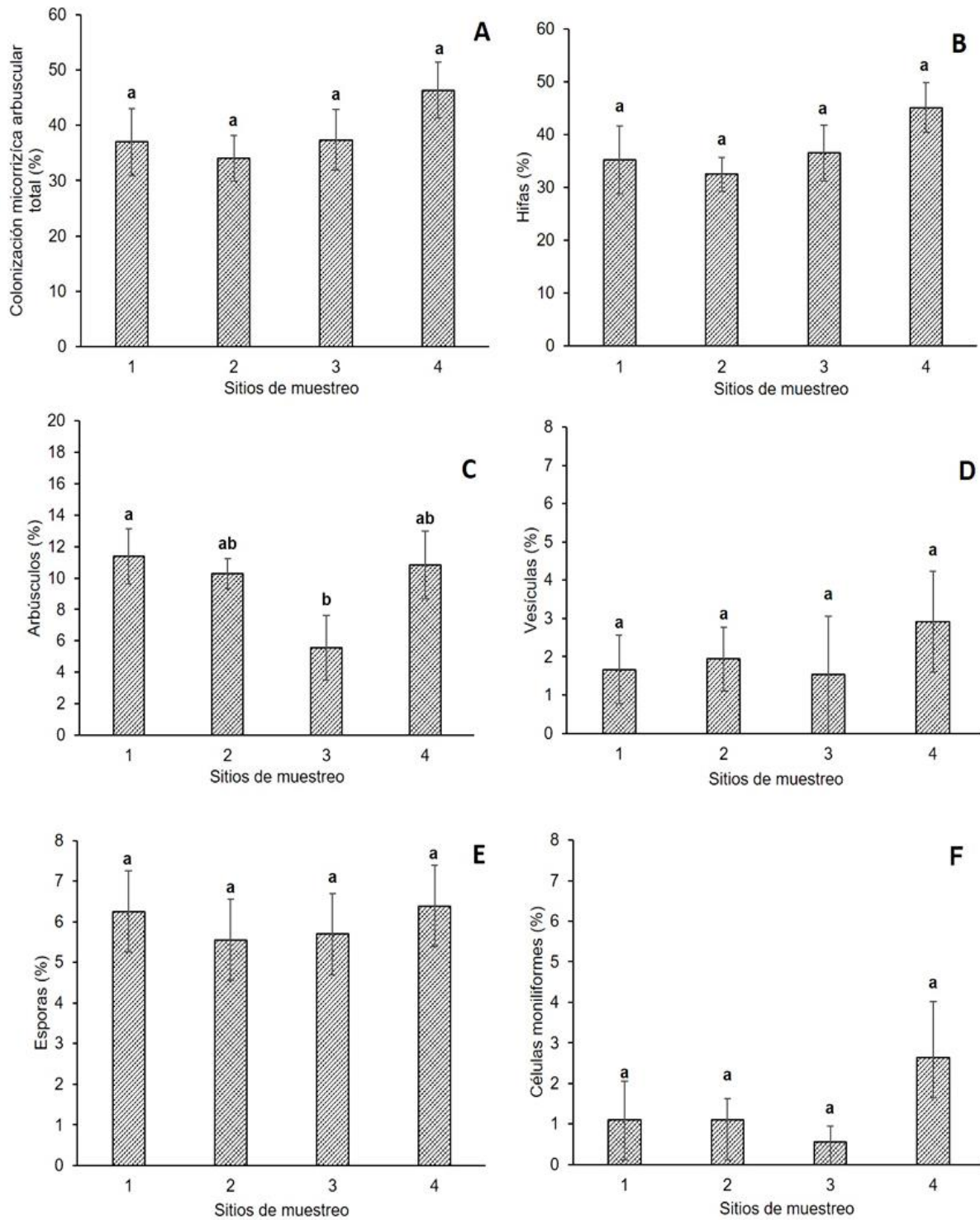
La colonización micorrízica en los helechos estudiados se muestra en la **Figura 13**. Las raíces de *D. pseudofilix-mas* tuvieron una colonización entre 34 y 47 % (**Figura 13 a**), no hubo diferencias significativas entre los cuatro sitios muestreados (Tukey,  $\alpha= 0.05$ ). La colonización micorrízica en este helecho fue mayor (34 a 47 %), comparada con los valores de 17 a 24 %, observados por Bautista-Cruz *et al.* (2014) en los helechos *Cheilanthes myriophylla*, *Ch. bonariensis*, *Blechnum appendiculatum* y *Adiantum capillus-veneris*. No obstante, es baja respecto a los valores de 56.9 a 86.3 %, observados por Muthukumar *et al.* (2014) en *Dryopteris approximata*, *D. sparsa*, *D. cochleata* y *D. atrata*. En otros helechos se han encontrado valores de colonización micorrízica que van de 65 a 98 % (De La Rosa Mera *et al.*, 2012; Lara-Pérez *et al.*, 2015; Nafees *et al.*, 2019).

La baja colonización micorrízica en *D. pseudofilix-mas* probablemente se debe a que los niveles de fósforo y nitrógeno son altos (Rodríguez y Rodríguez, 2015); de manera general, la actividad y el beneficio de los HMA son mayores cuando éstos se encuentran en suelos con deficiencias en fósforo (Alarcón y Ferrera-Cerrato, 1999), por lo que, en sistemas de altos insumos el grado de colonización se reduce, puesto que los carbohidratos que abastecen a la simbiosis pueden ser asignados a otras funciones en la planta (Lara-Pérez *et al.*, 2014).

Los sitios tuvieron una colonización estadísticamente igual por hifas, vesículas, esporas y células moniliformes (Tukey,  $\alpha= 0.05$ ) (**Figura 13**). La colonización por hifas varió de 32.5 a 45.1 %, la de vesículas tuvo valores de 1.5 a 2.9 %, la de esporas fue de 5.6 a 6.4 % y la de células moniliformes fluctuó entre 0.6 y 2.6 %. La colonización por hifas fue alta en los cuatro sitios, en el sitio 4 se registró el valor más alto con una colonización de 45 %. En contraste, la colonización por arbuscúlos fue baja en todos los sitios, con diferencias significativas (Tukey,  $\alpha= 0.05$ ). En el sitio 1 se observó una colonización de 11 % por arbuscúlos, mientras que en el sitio 3 fue la más baja, con un valor de 5.6 %. La presencia de arbuscúlos fue baja, comparado con el 86 y 68 % observado en *Dryopteris blandfordii* (Nafees *et al.*, 2019). La baja incidencia de arbuscúlos en las raíces posiblemente indica una asociación pasiva (Bautista-Cruz *et al.*, 2014); no obstante, también se ha observado que la abundancia de arbuscúlos y vesículas disminuye como respuesta a condiciones de sequía (Bahadur *et al.*, 2017).

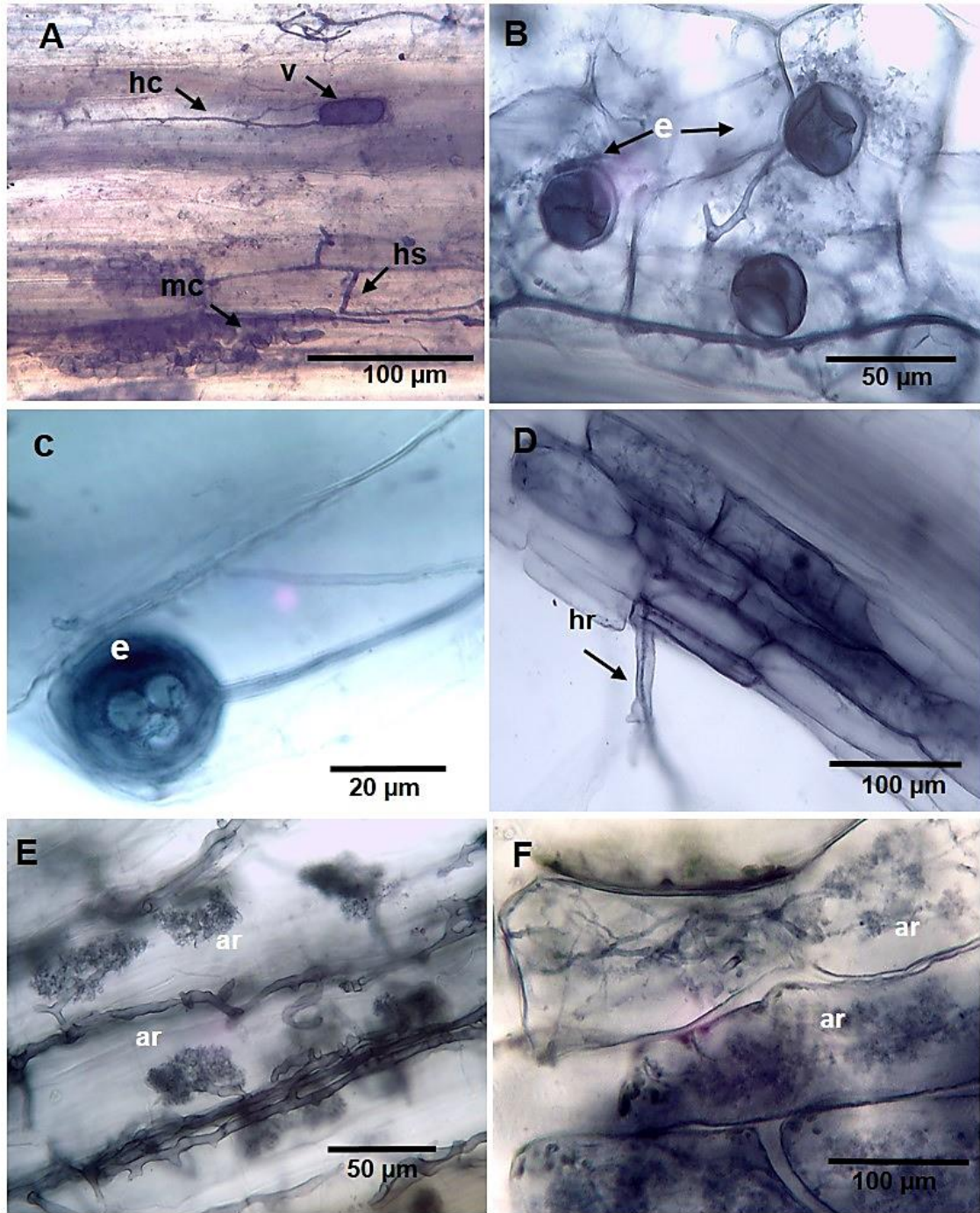
Las estructuras de la micorriza arbuscular observadas fueron hifas, arbuscúlos, vesículas, esporas y células moniliformes (**Figura 14**). También se registró que algunas hifas penetraron a la raíz a través de los pelos radicales. Las estructuras fúngicas encontradas son similares a las observadas en estudios previos de la asociación micorrízica con helechos (Lara-Pérez *et al.*, 2014; Bautista-Cruz *et al.*, 2014; Lara-Pérez *et al.*, 2017).

En todos los individuos analizados se observaron estructuras de hongos endófitos septados (HES) como son hifas septadas hialinas, células moniliformes, esporas y microesclerocios (**Figura 15**). La presencia de HES se ha citado en otros helechos. También se ha confirmado su presencia en el género *Dryopteris* (Lehnert *et al.*, 2009; Muthukumar y Prabha, 2013; Lara-Pérez *et al.*, 2014; Lehnert *et al.*, 2017; Lara-Pérez *et al.*, 2017); sin embargo, el presente estudio es el primero que confirma la asociación de HES y *D. pseudofilix-mas*.

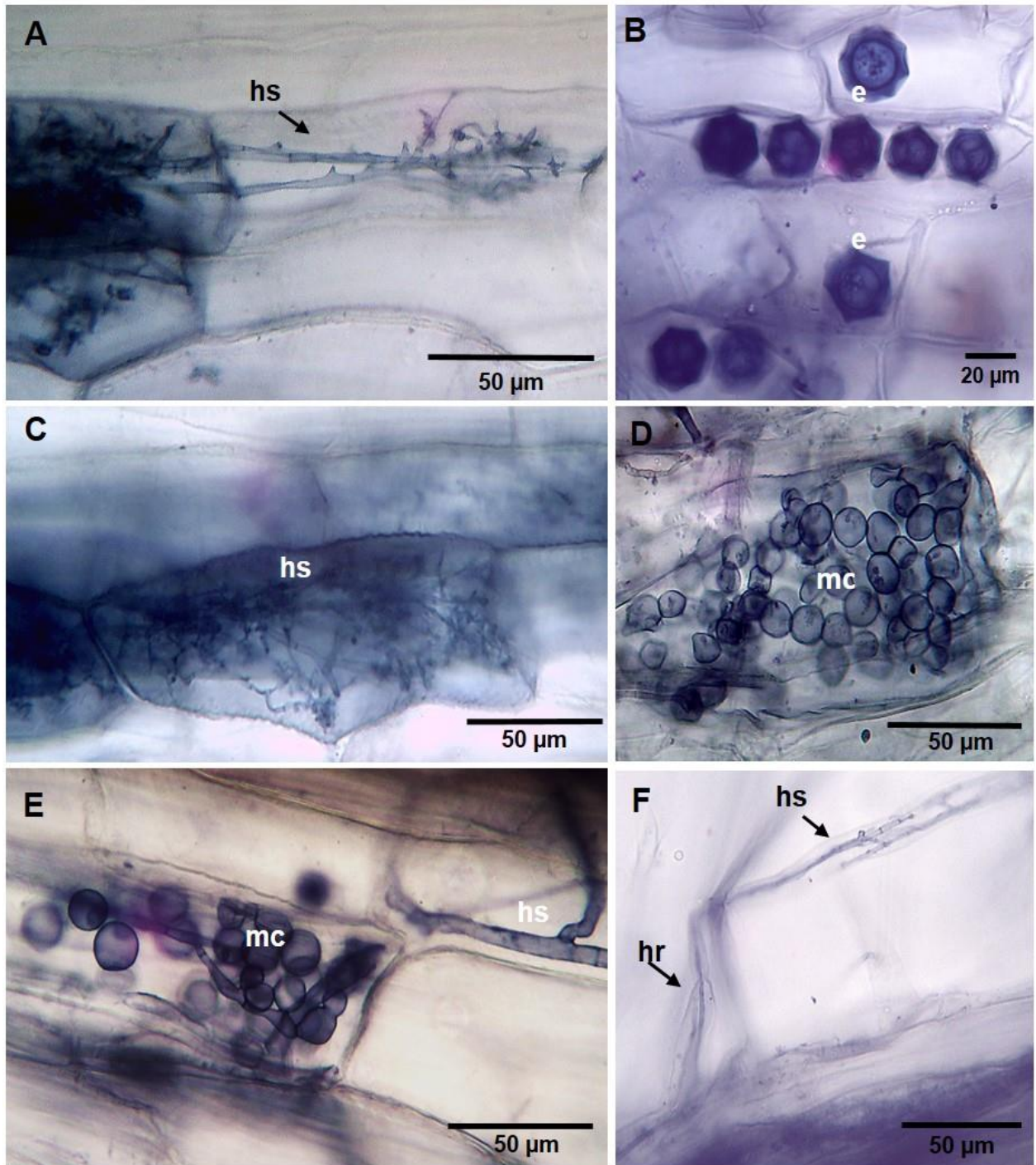


**Figura 13.** Colonización micorrizica de las raíces de helechos *D. pseudoflix-mas* en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra en cada subfigura no presentan diferencias significativas. (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). Medias  $\pm$ error estándar. n = 4. **A.** Colonización micorrizica arbuscular total; **B.** Hifas; **C.** Arbúsculos, **D.** Vesículas, **E.** Esporas y **F.** Células moniliformes.





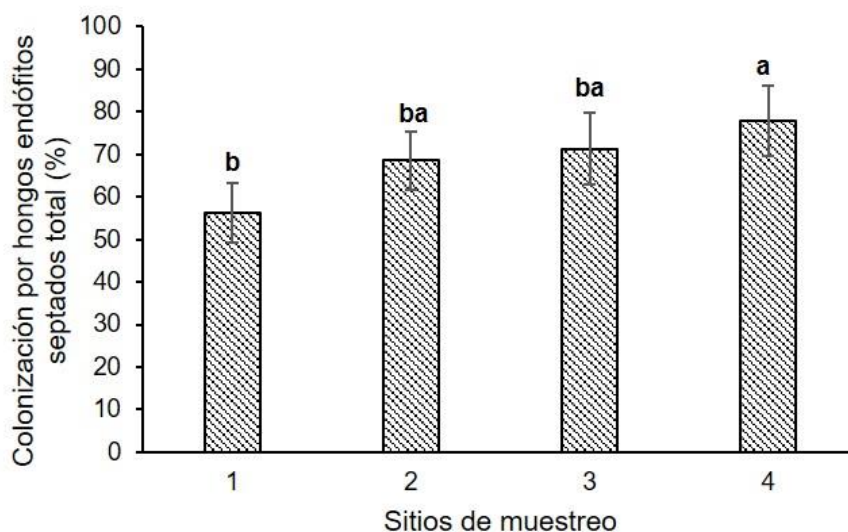
**Figura 14.** Micorriza arbuscular (MA) en *D. pseudofilix-mas*: **A.** Hifas de cenocíticas (hc) y, vesícula (v) de MA, hifa septada (hs) y microesclerocios (mc) de hongo endófito (HE); **B y C.** Esporas de hongos micorrízicos arbusculares (e); **D.** Hifa fúngica de MA entrando por pelo radical (hr); **E y F.** Arbúsculos de MA (ar).



**Figura 15.** Hongos endófitos septados (HES) en raíces de *D. pseudofilix-mas*: **A y C.** Hifas septadas (hs); **B.** Esporas de HES (e); **D y E.** Microesclerocios (me); **F.** Hifa septada (hs) entrando por un pelo radical (hr).



La colonización por HES en los helechos estudiados se muestra en la **Figura 16**. Las raíces de *D. pseudofilix-mas* tuvieron una colonización entre 37 y 47 %, hubo diferencias significativas entre los cuatro sitios muestreados (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). La colonización más alta fue en el sitio 4, y el valor más bajo se registró en el sitio 1. En los cuatro sitios se presentó mayor colonización por hifas. La colonización por HES fue alta comparada con los valores de colonización de 11.76 y 9.41 % encontrados en *Dryopteris approximata* y *D. sparsa*, respectivamente (Muthukumar *et al.*, 2014).



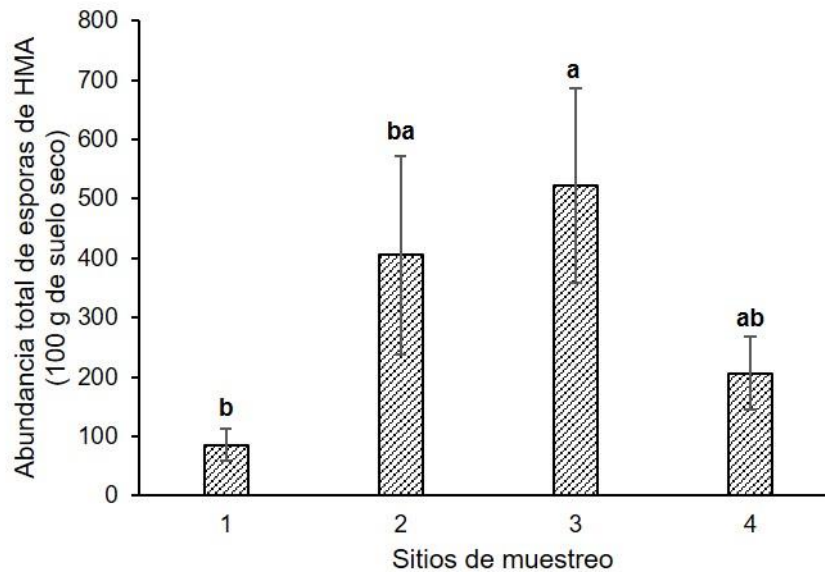
**Figura 16.** Colonización por hongos endófitos septados (HES) en las raíces de helechos *D. pseudofilix-mas* en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). Medias  $\pm$  error estándar.  $n = 4$ .

### 2.5.3 Abundancia, riqueza y diversidad de hongos micorrízicos arbusculares

Los resultados indican que la abundancia de esporas es diferente en los cuatro sitios muestreados (Tukey  $\alpha=0.05$ ), el número de esporas osciló de 69 a 435 por 100 g de suelo seco (**Figura 17**). En los sitios 3 y 2 se registró la mayor abundancia, con 435 y 286 esporas por 100 g de suelo seco, respectivamente; en contraste, el sitio 1 presentó el menor número, con 69 esporas por 100 g de suelo seco.

En este estudio el número de esporas de hongos endomicorrízicos en la rizosfera es similar a los valores citados previamente. Se han realizado diversos estudios en diferentes especies de helechos respecto a la abundancia de esporas de hongos endomicorrízicos en la rizosfera, y se ha observado que el número de esporas fluctúa

desde 4 a 500 esporas en 100 g de suelo seco. Entre estos helechos destacan *Adiantum capillus-veneris*, *Alsophila firma*, *Cheilanthes lozanoi* var. *seemannii* y *Myriopteris aemula* (De La Rosa Mera *et al.*, 2012; Muthukumar y Prabha, 2013; Lara-Pérez *et al.*, 2014; Bautista-Cruz *et al.*, 2016).



**Figura 17.** Abundancia total de esporas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) extraídas del suelo rizosférico de *D. pseudofilix-mas* en los cuatro sitios de muestreo. Valores con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). Medias  $\pm$ error estándar.  $n = 4$ .

La diferencia del número de esporas de HMA en cada sitio, se puede deber al ambiente y a las características del hospedero, pues estos factores influyen en la abundancia de esporas (Muthukumar y Prabha, 2013). Otro factor que puede estar relacionado, son las diferentes estrategias de supervivencia de las especies de HMA, como los patrones de la esporulación (Ontivero *et al.*, 2023). Los HMA incrementan su esporulación en respuesta a condiciones ecológicas estresantes a los que están expuestos sus hospederos, como es la falta de agua (Camargo-Ricalde y Esperón-Rodríguez, 2005, Lara-Pérez *et al.* 2014). En este estudio, en el sitio 3 se registró el porcentaje más bajo de humedad ( $19.3 \pm 3.1$  %), y la abundancia de esporas más alta (435 esporas por 100 g de suelo).

En total se extrajeron 3,804 esporas de HMA de 16 muestras de suelo rizosférico de *D. pseudofilix-mas*, de las cuales se obtuvieron 24 morfoespecies de HMA, 16 se

identificaron a nivel de especie y el resto solo a nivel de género (**Cuadro 11**). Cuatro morfoespecies, no presentaron caracteres que se ajusten a las descripciones publicadas en la literatura, por lo que podrían ser especies nuevas. Las especies identificadas se agruparon en nueve géneros, predominando *Acaulospora*, el cual se ha citado como dominante en la rizosfera de otros helechos procedentes de la misma área de estudio (De La Rosa Mera *et al.*, 2012).

Los géneros con más especies fueron *Acaulospora* (6), *Claroideoglossum* (4), *Ambispora* (3) y *Rhizophagus* (3). Las especies *Claroideoglossum claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *Acaulospora alpina* y *Glomus microcarpum* estuvieron presentes en los cuatro sitios con altas abundancias relativas, cabe resaltar que estas especies fueron más abundantes en el sitio 3 (**Cuadro 9 y Figura 18**).

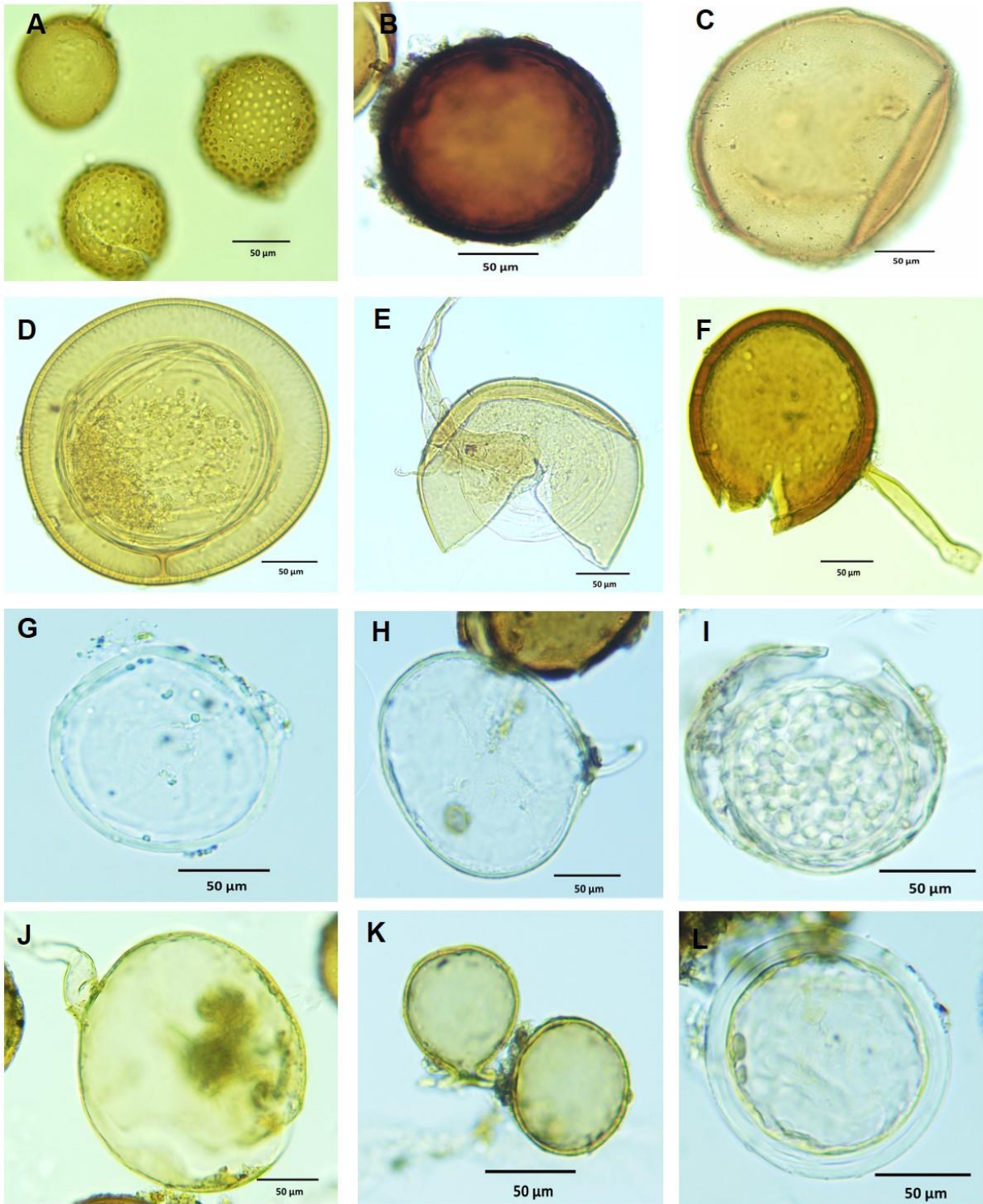
La presencia de *Claroideoglossum claroideum* y *Funneliformis geosporum* se ha observado en la rizosfera de diferentes especies de helechos (Bautista-Cruz *et al.*, 2014; Lara-Pérez *et al.*, 2017). *Claroideoglossum claroideum* se ha descrito como generalista, con una distribución amplia, que forma micorriza con un gran número de hospedantes (Pérez-Luna *et al.*, 2012;). Respecto a *Funneliformis geosporum*, se ha observado que produce muchas esporas, lo cual, le permite tener una distribución temporal amplia dentro de un ecosistema (Hernández-Zamudio *et al.*, 2017).

La especie *Acaulospora alpina* representa un nuevo registro para la zona de estudio, lo cual resalta la importancia de este bosque y de *D. pseudofilix-mas* como reservorio de HMA. *Acaulospora alpina* se describió por primera vez en los Alpes Suizos (Oehl *et al.*, 2006). Varela-Fregoso *et al.* (2017) citan el primer registro de esta especie para México, aislado de la rizosfera de *Adiantumcapillus-veneris* L. en un bosque de pino-encino, Chapa de Mota, Estado de México.

**Cuadro 9.** Número de esporas y abundancia relativa de los HMA presentes en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en los cuatro sitios de muestreo.

Especie de HMA	Sitio				AR
	1	2	3	4	
<i>Acaulospora alpina</i>	15	22	468	12	0.1359
<i>Acaulospora elegans</i>	0	0	1	0	0.0003
<i>Acaulospora mellea</i>	1	1	3	5	0.0026
<i>Acaulospora morrowiae</i>	1	0	1	3	0.0013
<i>Acaulospora spinosa</i>	0	0	1	0	0.0003
<i>Acaulospora</i> sp. 1	0	0	0	13	0.0034
<i>Ambispora</i> sp. 1	0	3	0	0	0.0008
<i>Ambispora</i> sp. 2	0	0	2	0	0.0005
<i>Ambispora</i> sp. 3	0	0	1	0	0.0003
<i>Claroideoglopus claroideum</i>	96	354	459	196	0.2905
<i>Claroideoglopus etunicatum</i>	3	0	19	20	0.0110
<i>Claroideoglopus</i> sp. 1	10	15	0	0	0.0066
<i>Claroideoglopus</i> sp. 2	8	7	0	0	0.0039
<i>Diversispora spurca</i>	0	0	0	1	0.0003
<i>Funneliformis geosporum</i>	68	266	515	186	0.2721
<i>Funneliformis mosseae</i>	12	33	72	41	0.0415
<i>Glomus microcarpum</i>	41	198	41	49	0.0865
<i>Glomus macrocarpum</i>	4	197	34	0	0.0618
<i>Paraglopus</i> sp.	0	0	1	2	0.0008
<i>Rhizophagus clarus</i>	10	47	121	75	0.0665
<i>Rhizophagus fasciculatum</i>	3	2	0	0	0.0013
<i>Rhizophagus intraradices</i>	0	0	1	41	0.0110
<i>Septoglopus constrictum</i>	2	0	0	0	0.0005
<i>Scutellospora</i> sp.	0	0	1	0	0.0003

AR: Abundancia relativa.



**Figura 18.** Esporas hongos micorrízicos arbusculares en el suelo rizosférico de *D. pseudofilix-mas*: **A.** *Acaulospora alpina*; **B.** *Septoglomus constrictum*; **C.** *Acaulospora spinosa*; **D.** *Acaulospora* sp. 1; **E.** *Acaulospora mellea*; **F.** *Funneliformis geosporum*; **G.** *Claroideogloium* sp. 2; **H.** *Diversispora spurca*; **I.** *Ambispora* sp. 2; **J.** *Funneliformis mosseae*; **K.** *Glomus microcarpum*; **L.** *Rhizophagus clarus*.

La comparación entre las comunidades de HMA, de las zonas rizosféricas en cada sitio se realizó considerando la presencia de especies. El análisis mostró que las poblaciones de HMA de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en los sitios de estudio presentaron similitud. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que los sitios 1 y 2 tuvieron alta similitud, estos dos sitios también son similares en el pH del suelo (5.5 y 5.3, respectivamente), lo cual podría explicar su alto parecido en la composición de las poblaciones de HMA. Los sitios con menor similitud fueron el sitio 2 y el sitio 3 (**Cuadro 10**).

**Cuadro 10.** Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de HMA entre los cuatro sitios de muestreo.

Sitios	1	2	3	4
1	0	0.85	0.65	0.59
2		0	0.55	0.56
3			0	0.73
4				0

Las especies compartidas en los sitios de estudio fueron siete: *Acaulospora alpina*, *A. mellea*, *Claroideoglossus claroideum*, *Funneliformis geosporum*, *F. mosseae*, *Glomus microcarpum* y *Rhizophagus clarus* (**Cuadro 11**). Las especies *Claroideoglossus claroideum* y *Funneliformis geosporum* estuvieron representadas en los cuatro sitios. *Acaulospora* sp. 1, fue exclusiva para el sitio 4, *Ambispora* sp. 1 se registró únicamente en el sitio 2, mientras que *Ambispora* sp. 2 y *Ambispora* sp. 3 fueron exclusivas del sitio 3; estas cuatro morfoespecies, no presentaron caracteres que se ajusten a las claves y descripciones utilizadas, por lo que podrían ser especies nuevas.

Con base en el índice de Shannon-Wiener la comunidad más diversa de HMA fue en el sitio 1; mientras que en el sitio 3 la diversidad fue menor. La dominancia (índice de Simpson) fue mayor en el sitio 1 (0.79), el valor más bajo fue en el sitio 3 (0.69) (**Cuadro 11**).



**Cuadro 11.** Listado de hongos micorrízicos arbusculares (HMA), riqueza e índices de Shannon-Wiener y de Simpson en el suelo rizosférico de *D. pseudofilix-mas* en los cuatro sitios de muestreo. + = Presencia.

Especie de HMA	Sitio			
	1	2	3	4
<i>Acaulospora alpina</i>	+	+	+	+
<i>Acaulospora elegans</i>			+	
<i>Acaulospora mellea</i>	+	+	+	+
<i>Acaulospora morrowiae</i>	+		+	+
<i>Acaulospora spinosa</i>			+	
<i>Acaulospora</i> sp1				+
<i>Ambispora</i> sp. 1		+		
<i>Ambispora</i> sp. 2			+	
<i>Ambispora</i> sp. 3			+	
<i>Claroideoglopus claroideum</i>	+	+	+	+
<i>Claroideoglopus etunicatum</i>	+		+	+
<i>Claroideoglopus</i> sp 1	+	+		
<i>Claroideoglopus</i> sp 2	+	+		
<i>Diversispora spurca</i>				+
<i>Funneliformis geosporum</i>	+	+	+	+
<i>Funneliformis mosseae</i>	+	+	+	+
<i>Glomus microcarpum</i>	+	+	+	+
<i>Glomus macrocarpum</i>	+	+	+	
<i>Paraglopus</i> sp.			+	+
<i>Rhizophagus clarus</i>	+	+	+	+
<i>Rhizophagus fasciculatus</i>	+	+		
<i>Rhizophagus intraradices</i>			+	+
<i>Septoglopus constrictum</i>	+			
<i>Scutellospora</i> sp.			+	
Riqueza	14	12	17	13
Índice Shannon-Wiener	1.73 a (±0.11)	1.60 ab (±0.06)	1.41 b (±0.1)	1.64 ab (±0.09)
Índice de Simpson	0.79 a (±0.02)	0.75 ab (±0.02)	0.69 b (±0.04)	0.76 ab (±0.02)

Valores en la misma fila con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ). Medias  $\pm$ error estándar. n = 4.

#### 2.5.4 Correlación de los parámetros de la micorriza arbuscular con las características del suelo

La colonización total por HMA en las raíces de *D. pseudofilix-mas* presentó una correlación negativa con la altitud, y una correlación positiva con el fósforo y el pH, sin significancia estadística (**Cuadro 12**); lo cual indica que la colonización por HMA

disminuye en los sitios de mayor altitud, e incrementa en los sitios con mayor pH y contenido de fósforo. Estos resultados concuerdan con estudios previos, en los cuales se cita que la colonización por HMA disminuye con el aumento de la altitud (Gai *et al.*, 2009; González Mancilla *et al.*, 2018).

**Cuadro 12.** Correlación de las propiedades del suelo con los parámetros de la micorriza arbuscular (colonización micorrizica arbuscular, hifas, arbusculos, vesículas, esporas, células moniliformes y número de esporas) en el suelo de *D. pseudofilix-mas*.

Propiedades del suelo	Colonización (%)						
	CT	H	A	V	E	CM	ES
Altitud	-0.6257	-0.6580	0.4452	-0.5410	0.0721	0.4935	-0.5160
M. O.	-0.3037	-0.3376	0.5127	-0.3469	0.4228	0.5504	-0.7083
NT	0.1101	0.1367	-0.4072	0.2824	-0.5646	-0.4373	0.6953
P	0.8490	0.8541	0.0680	0.8946	0.3222	0.0125	0.0269
pH	0.8611	0.8873	-0.3300	0.5285	0.4472	-0.3745	0.1333
Humedad	0.8772	0.8538	0.5617	0.9903*	0.7071	0.5150	-0.5176
Temperatura	0.5626	0.5585	0.1998	0.8275	0.0525	0.1530	0.0675

M. O.= materia orgánica (%); NT = nitrógeno total (%); P = fósforo (mg kg<sup>-1</sup>); Humedad = %; Temperatura = °C; CT = colonización total; H = hifas; A = arbusculos; V = vesículas; E = esporas; CM = células moniliformes; ES = número de esporas en el suelo. \*Correlación significativa  $\alpha = 0.05$

Además, el pH, la humedad y contenido de fósforo influyeron en la colonización por hifas y vesículas. La colonización por hifas mostró una correlación positiva con la humedad del suelo (0.8538) y con el contenido de fósforo (0.8541). La correlación entre la colonización por vesículas y la humedad del suelo fue alta (0.9903) y estadísticamente significativa (significativa  $\alpha = 0.05$ ). Se ha observado una disminución en la abundancia de vesículas y arbusculos en respuesta a la sequía (Bahadur *et al.*, 2017), en este estudio, el porcentaje más bajo de humedad, abundancia de vesículas y arbusculos se registró en el sitio 3.

Respecto a la abundancia de esporas en el suelo, ésta correlacionó negativamente con la altitud, el contenido de materia orgánica y la humedad. Las esporas son una forma de propágulos de resistencia (Bahadur *et al.*, 2017) y su abundancia se ha relacionado con la variación de materia orgánica, humedad, pH y temperatura del suelo (Carvalho *et al.*,

2003). Lo anterior puede explicar los resultados obtenidos, dado que en el sitio 3 registró la mayor densidad de esporas y el porcentaje más bajo de humedad.

## 2.6 CONCLUSIONES

Las raíces de *D. pseudofilix-mas* forman asociaciones simbióticas con hongos micorrízicos arbusculares. En todos los individuos estudiados también se observaron estructuras de hongos endófitos septados, como son hifas septadas hialinas, células moniliformes, esporas y microesclerocios.

La comunidad de morfoespecies de HMA asociadas a la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*, en los cuatro sitios, está dominada principalmente por: *Claroideoglossum claroideum*, *Funneliformis geosporum*, y *Acaulospora alpina*. El registro de *Acaulospora alpina* es nuevo para la zona de estudio, lo cual resalta la importancia de este helecho como reservorio de HMA. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que existe un bajo recambio de especies de HMA. Las características del suelo se correlacionaron con la colonización por HMA; el pH, la humedad y contenido de fósforo influyeron en la colonización por hifas y vesículas determinaron.

Las esporas de HMA que no presentaron caracteres que se ajusten a las descripciones publicadas en la literatura, como son: *Acaulospora* sp. 1, *Ambispora* sp. 1, *Ambispora* sp. 2 y *Ambispora* sp. 3, indica la posibilidad de encontrar otras especies de HMA aún no registradas para México. Este es el primer reporte de riqueza y diversidad de HMA asociados a la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* en México. Es importante determinar cómo las especies de HMA pueden influir en el crecimiento y establecimiento de estas plantas. Las especies *Claroideoglossum claroideum*, *Funneliformis geosporum*, y *Acaulospora alpina* pueden ser candidatas para incrementar el inóculo a través cultivos trampa y probar su eficiencia en cultivos de interés.

## CAPÍTULO III. HONGOS RIZOSFÉRICOS CULTIVABLES Y HONGOS ENDÓFITOS ASOCIADOS A *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM.

### 3.1 RESUMEN

Los hongos del suelo desempeñan funciones muy importantes en los ecosistemas participan en la producción de fitohormonas y el control biológico contra patógenos. Los hongos también se pueden encontrar habitando en los tejidos vegetales vivos, estos microorganismos se conocen como hongos endófitos. El objetivo de este trabajo fue cuantificar y caracterizar las poblaciones de hongos rizosféricos y endófitos asociados a *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. (Dryopteridaceae) en el Monte Tláloc, Estado de México. La zona de estudio corresponde a bosque de *Abies religiosa* y bosque mixto (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Se seleccionaron tres poblaciones de *D. pseudofilix-mas* a lo largo de una cañada, en cada una se colectó suelo rizosférico de cuatro individuos. En el lugar se determinó la altitud, humedad y temperatura del suelo, radiación fotosintéticamente activa y la UV. El fósforo disponible se determinó por el método de Bray y Kurtz, la materia orgánica se estimó por el método de Walkley y Black y el nitrógeno total se determinó con el método semi-micro Kjeldahl. Los hongos rizosféricos fueron cuantificados por el método de dilución y conteo en placa. Los hongos endófitos se aislaron de raíz, peciolo, pinna basal, pinna media y ápice. La caracterización se realizó morfológica y molecularmente, las secuencias obtenidas fueron identificadas en la base de datos NCBI. Los valores de la radiación fotosintéticamente activa fueron bajos en los tres sitios de muestreo (25 a 97.3  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ). La radiación UV fluctuó de 2 a 10.5  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ . El suelo se caracterizó por ser ácido a ligeramente ácido (pH 5.3-6.1), con alto contenido de fósforo (33.5 a 66.8  $\text{mg kg}^{-1}$ ), nitrógeno (0.33 a 0.50 %), materia orgánica (3.5-4.2 %) y una conductividad eléctrica menor a 1. Las poblaciones de hongos totales fluctuaron 2.4 a 7.4 x 10<sup>2</sup> UFC g<sup>-1</sup> de suelo. Se identificaron 17 cepas, agrupadas en 5 géneros, el más numeroso fue *Penicillium*, la especie *P. fellutanum* estuvo presente en los tres sitios de estudio. Para hongos endófitos se identificaron 64 cepas, que se agruparon en 25 géneros, predominando *Cladosporium*, *Xilaria*, *Biscogniauxia* y *Epicoccum*. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que la similitud entre los tres sitios de estudio es baja.

**Palabras clave:** helecho, hongos, rizosfera, endófitos, caracterización.

## CHAPTER III. CULTIVABLE RHIZOSPHERIC FUNGI AND ENDOPHYTIC FUNGI ASSOCIATED WITH *Dryopteris pseudofilix-mas* (FÉE) ROTHM.

### 3.2 ABSTRACT

Soil fungi play very important roles in ecosystems; they participate in the production of phytohormones and biological control against pathogens. Fungi can also be found inhabiting living plant tissues, these microorganisms are known as endophytic fungi. This work aimed to quantify and characterize the populations of rhizospheric fungi and endophytes associated with *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. (Dryopteridaceae) at Mount Tláloc, State of Mexico. The study area corresponds to *Abies religiosa* forest and mixed forest (*A. religiosa*, *Quercus laurina*, *Q. rugosa*, *Cupressus lussitanica*, *Arbutus xalapensis*). Three populations of *D. pseudofilix-mas* were selected along a ravine, in each one rhizospheric soil was collected from four individuals. In the place, the altitude, humidity, and temperature of the soil, photosynthetically active radiation, and UV were determined. Available phosphorus was determined by the Bray and Kurtz method, organic matter was estimated by the Walkley and Black method, and total nitrogen was determined by the semi-micro Kjeldahl method. Rhizospheric fungi were quantified by the plate count and dilution method. Endophytic fungi were isolated from the root, petiole, basal pinna, median pinna, and apex. The characterization was carried out morphologically and molecularly, and the sequences obtained were identified in the NCBI database. The values of photosynthetically active radiation were low in the three sampling sites (2.5 to 97.3  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ). UV radiation fluctuated from 2 to 10.5  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ . The soil was characterized as being acid to slightly acid (pH 5.3-6.1), with a high content of phosphorus (33.5 to 66.8  $\text{mg kg}^{-1}$ ), nitrogen (0.33 to 0.50%), organic matter (3.5-4.2%) and lower electrical conductivity. Total fungal populations fluctuated from 2.4 to 7.4  $\times 10^2$  CFU  $\text{g}^{-1}$  of soil. 17 strains were identified and grouped into 5 genera, the most numerous was *Penicillium*, and the species *P. fellutanum* was present in the three study sites. For endophytic fungi, 64 strains were identified, which were grouped into 25 genera, predominantly *Cladosporium*, *Xilaria*, *Biscogniauxia*, and *Epicoccum*. The values of the Sørensen similarity index indicate that the similarity between the three study sites is low.

**Keywords:** fern, fungi, rhizosphere, endophytes, characterization

### 3.3 INTRODUCCIÓN

Los hongos del suelo desempeñan funciones muy importantes en los ecosistemas, participan la producción de fitohormonas y el control biológico contra patógenos. También tienen un papel importante en la estabilización de la materia orgánica del suelo y la descomposición de los residuos. Su población se relaciona con el tipo de suelo, características climáticas y comunidades de plantas (Frac *et al.*, 2018).

La simbiosis de los hongos con las plantas es vital para el funcionamiento del ecosistema. Se ha considerado ampliamente que los hongos simbióticos rizosféricos facilitaron la colonización del medio terrestre por las plantas (Field y Pressel, 2018). Algunos hongos citados en la rizosfera de helechos son: *Fusarium oxysporum*, *Mucor racemosus*, *M. circinelloides*, *Alternaria* sp., *Aspergillus versicolor*, *Aspergillus* sp., *Absidia cylindrospora*, *Penicillium sclerotiorum*, *P. citrinum* y *P. frequentans* (Abdel-Hafez, 1984; Bharti y Pravesh, 2012).

Los hongos también se pueden encontrar habitando en los tejidos vegetales vivos, estos microorganismos se conocen como hongos endófitos (HE), Sánchez-Fernández *et al.* (2013) los define como microorganismos que pasan la mayor parte o todo su ciclo de vida colonizando los tejidos de la planta hospedera, sin causar daño evidente. La relación entre los HE y su planta hospedera puede ir desde el mutualismo hasta la patogénesis. Como mutualistas, los HE usualmente toman nutrientes y protección de su hospedera; y en retribución algunos de ellos, les brindan protección contra las presiones ambientales (tales como la desecación y la radiación ultravioleta), resistencia contra herbívoros y microorganismos fitopatógenos (Sánchez-Fernández *et al.*, 2013; Thomas *et al.*, 2016).

Los hongos endófitos (HE) son un grupo muy diverso, la mayoría pertenecen al phylum Ascomycota, sin embargo, también se han encontrado en los Basidiomycota, Zigomycota y Oomycota. Este grupo de organismos pueden proporcionar fuentes de nuevos metabolitos secundarios con actividades biológicas útiles. La asociación de HE con helechos se confirmó en 1957, con el aislamiento de *Phytum* sp. de las raíces de *Dryopteris* sp., otros HE citados para helechos son: *Phoma* sp., *Stagonospora* sp., *Aureobasidium pullulans* y *Cladosporium tenuissimum* (Petrini *et al.*, 1992).

En el caso de los helechos, no se ha informado sobre los hongos rizosféricos y HE que pueden estar interactuando con ellos, por lo tanto, es importante plantear investigaciones que generen información al respecto, principalmente en helechos que tienen antecedentes etnobotánicos. Dado lo anterior, el propósito de esta investigación fue cuantificar y caracterizar las poblaciones de hongos rizosféricos y endófitos asociados a *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. Esta planta tiene distribución en México (Mickel y Smith, 2004), y comparte linajes con *Dryopteris filix-mas* (L.) Schott., un helecho que ha sido utilizado en la medicina tradicional como antihelmíntico, para tratar hemorragias nasales y heridas (Goswami *et al.*, 2016). Así mismo, distintos trabajos indican que algunas especies de *Dryopteris* (principalmente especies asiáticas) poseen cualidades antibióticas y citotóxicas (Cao *et al.*, 2017).

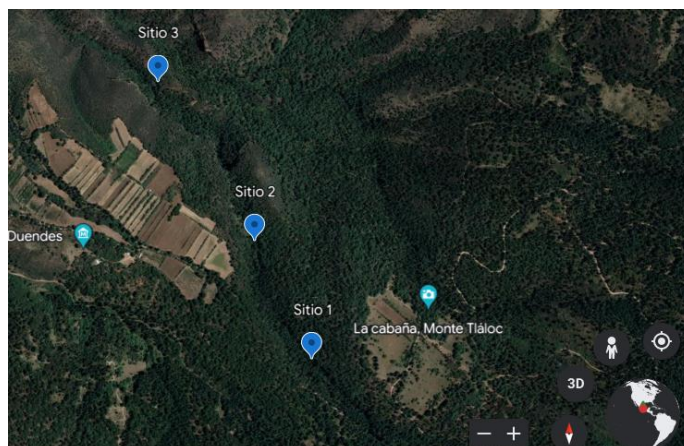
### **3.4 MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **3.4.1 Área de estudio**

La información se encuentra en el apartado 1.4.1 del CAPÍTULO I.

#### **3.4.2 Recolección de material biológico**

Se seleccionaron tres poblaciones de *D. pseudofilix-mas*, localizadas a lo largo de la cañada de San Pablo Ixayoc, a 500 m de distancia una de otra (**Figura 19**). En cada población se seleccionaron cuatro individuos de cobertura y tamaño similar (Bautista-Cruz *et al.*, 2014), por cada individuo se tomaron muestras de suelo rizosférico (100 g) de cuatro puntos equidistantes a una profundidad de 15 cm, en la época de secas. Las muestras de cada planta se mezclaron para obtener una muestra compuesta y se almacenaron a 4 °C hasta su procesamiento (Lara-Pérez *et al.*, 2015). También se colectaron raíces y dos láminas completas que se colocaron en bolsas de plástico esterilizadas (Hassan, 2017).



**Figura 19.** Ubicación de los sitios muestreados (<https://earth.google.com>).

En campo, para cada individuo se registró la temperatura del suelo con un termómetro (HANNA, HI-145, Limena, Italia) la humedad del suelo se determinó con un medidor Field Scout (Spectrum technologies, Inc., TDR-300, Aurora, EE. UU.), la radiación fotosintéticamente activa se midió con un sensor unido a un Dataloger (Spectrum technologies, Inc., WatchDog 1400, Aurora, EE. UU.).

### **3.4.3 Análisis físico y químico de suelo**

La información se encuentra en el apartado 1.4.3 del CAPÍTULO I.

### **3.4.4 Cuantificación de hongos rizosféricos**

Los hongos cultivables fueron cuantificados por el método de dilución y conteo en placa. El método consiste en obtener diluciones decimales del suelo, para esto, se pesaron 10 g de suelo rizosférico, se diluyeron en 90 mL de agua destilada estéril y se agitó, esta fue la dilución  $10^{-1}$ , de ésta se tomaron 1000  $\mu\text{L}$  y se mezcló en un tubo de ensaye con 9 mL de agua destilada estéril, se agitó en un vórtex (Genie<sup>®</sup> Mixers, MB-108, Virginia, EE. UU.), esta fue la dilución  $10^{-2}$ ; este proceso se repitió hasta obtener la dilución  $10^{-4}$ . De cada dilución respectiva se tomó una alícuota de 100  $\mu\text{L}$  y se vertió en el centro de la caja Petri que contenía medio de cultivo sólido, luego se distribuyó con una varilla de vidrio previamente esterilizada en la llama del mechero. Los medios de cultivo empleados fueron Agar Papa Dextrosa ( $10^{-1}$ - $10^{-4}$ ), Agar Papa Dextrosa con Rosa de Bengala ( $10^{-1}$ - $10^{-4}$ ) y medio agar-ácido tánico para hongos ligninolíticos ( $10^{-2}$ - $10^{-4}$ ). Después de la



siembra, las cajas de Petri se colocaron en posición invertida dentro de una incubadora (BINDER, FD115, Tuttlingen/Alemania), bajo condiciones de oscuridad, a 28 °C durante 3-14 días.

El conteo de microorganismos se efectuó en las placas que contenían de 5 a 20 colonias. Para el medio agar-ácido tánico, la identificación de la actividad ligninolítica se realizó examinando las colonias desarrolladas en el medio, y cuantificando las que presentaron una zona de producción de pigmentos color pardo (Subba, 1992). La cantidad de microorganismos en las muestras de suelo rizosférico se determinó como unidades formadoras de colonias y se promedió. La fórmula que se utilizó fue:

$$UCF = \frac{A * B}{D}$$

En donde A es el promedio del número de colonias, B el factor inverso de la dilución y D la cantidad que se agregó de la dilución, en este caso, el valor de D es 0.1. Los resultados se expresan en unidades formadoras de colonias (UFC g<sup>-1</sup> suelo seco) (Ramírez-Gama *et al.*, 2015).

#### **3.4.5 Aislamiento y caracterización de hongos rizosféricos**

El aislamiento fúngico y purificación se realizó con el método de punta de hifa. Para cada morfotipo se registraron las siguientes características macroscópicas: aspecto, consistencia, forma de desarrollo, color, pigmento y las características de desarrollo del micelio (desarrollo, color y modificación del medio). Para la observación microscópica se utilizó la técnica de microcultivo de Riddell (1950). Las muestras se tiñeron con azul de lactoferol, se observaron y capturaron fotos bajo un Fotomicroscopio (Carl Zeiss, Axiostar Plus, Jena, Alemania) Se registraron características de las hifas, tipo de micelio, cambios de coloración, estructuras reproductoras y tipo de esporas (Aquiahuatl *et al.*, 2012; Ramírez-Gama *et al.*, 2015).

#### **3.4.6 Aislamiento y caracterización de hongos endófitos**

El material vegetal se lavó con abundante agua para retirar residuos, se cortaron segmentos de 1 cm<sup>2</sup> de la raíz, pecíolo, pinna basal, pinna media y ápice. Se realizaron

lavados consecutivos con etanol al 70% por 1 min, NaClO al 2.5 % por 5 min, etanol al 70% durante 1 min, agua destilada estéril por tres. Posteriormente al tratamiento de lavado y desinfección del material, se sembraron cinco segmentos de cada órgano en cajas de Petri con agar dextrosa papa (PDA) agar y agar dextrosa papa con Rosa de Bengala. La siembra se realizó por triplicado (Hassan, 2017).

Se aislaron los hongos que crecieron de 7 a 14 d después de la incubación, y que presentaron crecimiento lento (crecimiento < 3 mm por día) (Surono y Narisawa, 2017). El aislamiento y la purificación de los hongos se realizaron con el método de punta de hifa. Para cada morfotipo se registraron las siguientes características macroscópicas: aspecto, consistencia, forma de desarrollo, color, pigmento y las características de desarrollo del micelio (desarrollo, color y modificación del medio).

### **3.4.7 Identificación molecular de los hongos rizoféricos y hongos endófitos**

La información se encuentra en el apartado 1.4.7 del CAPÍTULO I.

**Amplificación del operón ribosomal.** Se realizó la amplificación mediante PCR correspondiente a los cebadores de ITS4 e ITS5 rDNA.

### **3.4.8 Análisis estadístico**

El análisis estadístico se realizó con el análisis de varianza y comparación de medias de Tukey,  $\alpha=0.05$  con el paquete estadístico SAS versión 9.0 (SAS, 2002). El índice de diversidad de Shannon-Wiener ( $H'$ ) se calculó de acuerdo a la fórmula:

$$H' = \sum -(P_i * \ln P_i)$$

Donde  $P_i$  es la abundancia relativa,  $\ln$  es el logaritmo natural.

El índice de dominancia de Simpson ( $D$ ) por la fórmula:

$$D = \sum P_i^2$$

El Índice de similitud de Sørensen se obtuvo mediante la siguiente fórmula:

$$IS = \frac{2C}{A + B}$$

Donde A y B son el número de especies en las muestras A y B, respectivamente, y C es el número de especies compartidas por las dos muestras (Moreno, 2001).

### 3.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.5.1 Características físicas y químicas del suelo

La información se encuentra en el apartado 1.5.2 del CAPÍTULO I.

#### 3.5.2 Variables registradas en campo

Los valores de la radiación fotosintéticamente activa (RFA) fueron bajos en los cuatro sitios de muestreo. El promedio de RFA con mayor valor, se obtuvo en el sitio 3 con  $97.3 (\pm 65.3) \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ , y el promedio con menor RFA se registró en el sitio 1, con un valor de  $25 (\pm 6.2) \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$  (**Cuadro 13**). Posiblemente la estructura del dosel está asociada a los valores de RFA, pues el sitio 1 se encuentra bajo un dosel más denso, por lo tanto, la intensidad de luz que ingresa es menor en comparación con los sitios 2 y 3. El sitio 3 se encuentra bajo un dosel más abierto, lo que permite mayor exposición a la radiación solar. Así mismo, el promedio más bajo radiación UV fue en el sitio 1, y el promedio con mayor valor de radiación UV se registró en el sitio 3, con valores de  $2 (\pm 1.0)$  y  $10.5 (\pm 6.0) \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$  respectivamente. La temperatura del suelo decreció en los sitios que se encontraban bajo un dosel más denso; en el sitio 1 se registró el promedio con menor temperatura del suelo, y en el sitio 3, se registró el promedio más alto. Respecto a la humedad del suelo, en el sitio 1 se registró el promedio con mayor porcentaje de humedad del suelo con  $20.3 (\pm 0.4) \%$ , contrariamente en el sitio 3 se obtuvo el valor más bajo con  $4.9 (\pm 0.6) \%$ .

**Cuadro 13.** Radiación fotosintéticamente activa (RFA), radiación ultravioleta (UV), humedad del suelo y temperatura en los cuatro sitios de estudio.

Sitio	RFA ( $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ )	Radiación UV ( $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ )	Humedad del suelo (%)	Temperatura del suelo ( $^{\circ}\text{C}$ )
1	$25 \pm 6.2$	$2 \pm 1.0$	$20.3 \pm 0.4$	$7.5 \pm 0.0$
2	$26.5 \pm 6.6$	$4.5 \pm 2.1$	$7.0 \pm 0.3$	$7.9 \pm 0.2$
3	$97.3 \pm 65.3$	$10.5 \pm 6.0$	$4.9 \pm 0.6$	$9.1 \pm 0.3$

Los datos mostrados son promedios por sitio  $\pm$  error estándar.

### 3.5.3 Hongos rizosféricos

Las poblaciones de hongos rizosféricos en cada sitio de muestreo no presentaron diferencias significativas (Tukey,  $\alpha = 0.05$ ). El sitio 3 presentó el promedio poblacional más alto de hongos totales con valor de  $7.4 \times 10^2$  UFC  $g^{-1}$  de suelo; en contraste, en el sitio 2 se registró el menor promedio poblacional de hongos totales con un valor de  $2.4 \times 10^2$  UFC  $g^{-1}$  de suelo. Los promedios de las poblaciones de hongos ligninolíticos fue de  $3.5 \times 10^4$  a  $7.5 \times 10^4$  UFC  $g^{-1}$  de suelo, el valor más alto se registró en el sitio 1, y el más bajo en el sitio 3, aunque sin diferencias significativas entre los sitios de muestreo (Tukey  $\alpha = 0.05$ ) (**Cuadro 14**).

**Cuadro 14.** Unidades formadoras de colonias (UFC) de hongos rizosféricos aislados de *D. pseudofilix-mas* en tres sitios de estudio.

Grupo de Microorganismos	Sitio		
	1	2	3
<b>Hongos totales</b> 10 <sup>2</sup> UFC g <sup>-1</sup> suelo	6.9 a (±3.3)	2.4 a (±1.2)	7.4 a (±4.2)
<b>Hongos ligninolíticos</b> 10 <sup>4</sup> UFC g <sup>-1</sup> suelo	7.5 a (±5.4)	3.5 a (±2.0)	6.4 a (±5.4)

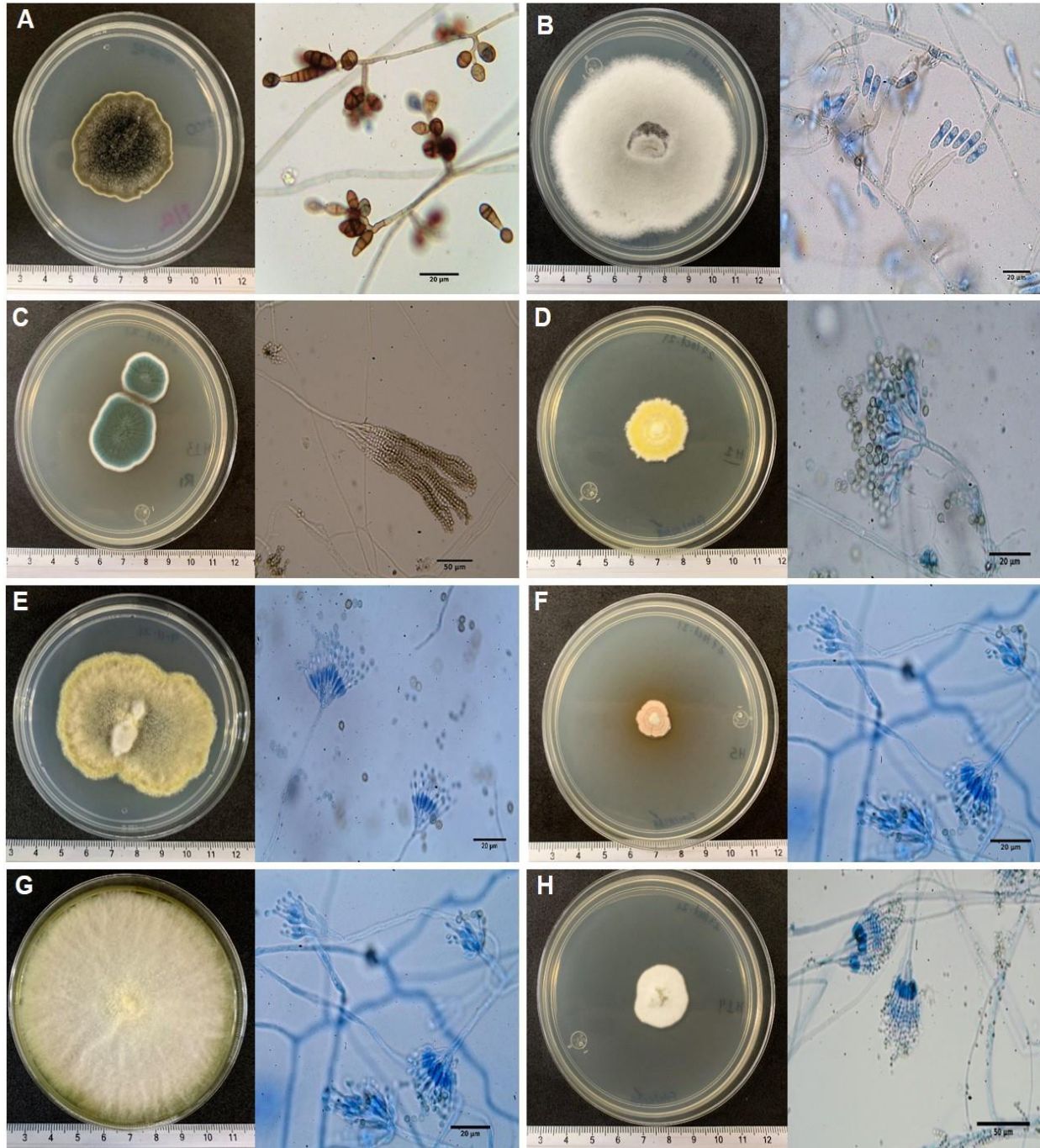
Valores en la misma fila con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha = 0.05$ ). Medias  $\pm$ error estándar. n = 4.

Las poblaciones de hongos en el suelo van de  $1 \times 10^2$  a  $2 \times 10^4$  UFC  $g^{-1}$  (Coyne, 2000); los resultados indican que las poblaciones de hongos asociados a *D. pseudofilix-mas* se encuentra dentro de estos valores; sin embargo, la población es baja en relación a los valores de  $3 \times 10^5$  a  $2.8 \times 10^5$  UFC  $g^{-1}$  citados para los helechos *Anogramma leptophylla* (L.) y *Hypodematium cernatum* Forssk. Kuhn. (Hande y Dongare, 2016). Así mismo, se encuentra por debajo de los valores citados para otras plantas vasculares, los cuales oscilan de  $6 \times 10^4$  a  $9.6 \times 10^4$  UFC  $g^{-1}$  (Calvo *et al.*, 2008; Coutinho *et al.*, 2010). Posiblemente, las poblaciones de hongos en la rizosfera fueron bajas por las características del suelo y la especie vegetal, pues se sabe que la diversidad y la actividad de los hongos del suelo están reguladas por estos factores (Rouphael *et al.*, 2015). Hande y Dongare (2016) citan que la baja población de hongos en la rizosfera de helechos, se puede asociar a los exudados antifúngicos de sus raíces.

Respecto a las poblaciones de hongos ligninolíticos, las cuales oscilaron de 3.5 a 7.5 x 10<sup>4</sup> UFC g<sup>-1</sup>, concuerdan con el comportamiento de poblaciones microbianas en suelo citadas por Coyne (2000). Estos hongos, se caracterizan por poseer un sistema enzimático capaz de degradar un polímero tan complejo como la lignina; esta cualidad ha sido de interés para la biorremediación de suelos y aguas contaminadas, pues las enzimas de estos hongos degradan compuestos como hidrocarburos poliaromáticos y plaguicidas (Von Zeigler *et al.*, 2022).

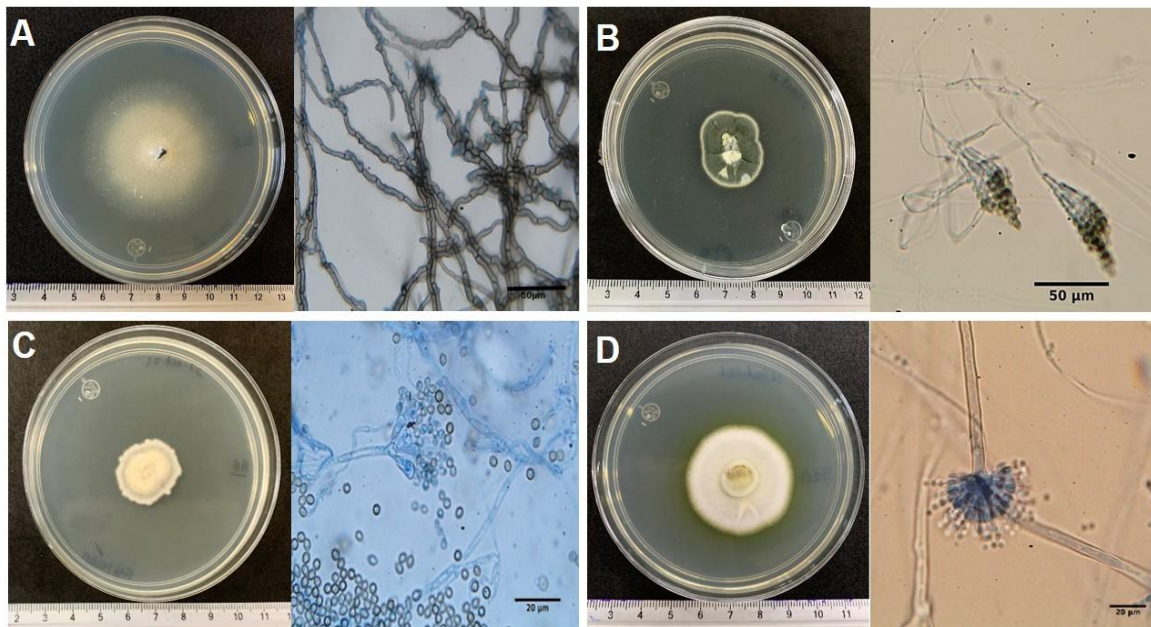
#### **3.5.4 Aislamiento y caracterización de hongos rizosféricos**

Se aislaron y se caracterizaron 32 cepas de hongos de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* (Anexo 5), se agruparon con base a sus características macroscópicas y microscópicas, quedando con un total de 17 cepas, las cuales se identificaron molecularmente (**Anexo A4**). El 100% de las cepas crecieron en medio ligninolítico (Subba, 1992), lo que indica que pueden ser útiles para la implementación de procesos biológicos alternativos. De las 17 cepas, 11 se identificaron a nivel de especie, tres a género, una a familia y dos no pudieron asignarse a ninguna especie conocida sobre la base de las secuencias del gen ITS (**Figuras 20 y 21**).



**Figura 20.** Morfología colonial y microscópica correspondiente a los hongos aislados de la rizosfera de *D. pseudoflix-mas*. **A.** *Alternaria alternata*; **B.** *Colletotrichum gloeosporioides*; **C.** *Penicillium concentricum*; **D, E y F.** *Penicillium fellutanum*; **G.** *Penicillium* sp. 1; **H.** *Penicillium* sp. 2.





**Figura 21.** Morfología colonial y microscópica correspondiente a los hongos aislados de la rizosfera de *D. pseudofilix-mas*. **A.** *Scytalidium lignicola*; **B.** *Talaromyces* sp.; **C.** Trichocomaceae; **D.** Fungal sp.

Los hongos identificados se agruparon en cinco géneros, el más numeroso fue *Penicillium*, con cuatro especies. La especie *Penicillium fellutanum* estuvo presente en los tres sitios de estudio (**Cuadro 15**). Los géneros de hongos encontrados en la rizosfera de *D. pseudofilix-mas* son similares a los citados en estudios anteriores para helechos. En la rizosfera de *Ampelopteris prolifera* se aisló *Penicillium sclerotiorum*. En *Anogramma leptophylla* y *Hypodematium cernatum*, el género dominante fue *Penicillium* (Bharti y Pravesh, 2014; Hande y Dongare, 2016). El género *Penicillium* es uno de los hongos más comunes que se encuentran la rizosfera (Park, 2020); sin embargo, se ha observado que los exudados radicales de las plantas determinan las poblaciones microbianas (Sasse *et al.*, 2017), esto podría explicar la presencia de *Penicillium fellutanum* en los tres sitios de estudio.

**Cuadro 15.** Listado de hongos rizosféricos asociados a *D. pseudofilix-mas* en los tres sitios de muestreo. + = Presencia

Especie de HR	Sitio		
	1	2	3
<i>Alternaria alternata</i>			+
<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>		+	+
<i>Penicillium concentricum</i>	+		+
<i>Penicillium fellutanum</i>	+	+	+
<i>Penicillium</i> sp. 1		+	
<i>Penicillium</i> sp. 2			+
<i>Scytalidium lignicola</i>			+
<i>Talaromyces</i> sp.	+		+
<i>Trichocomaceae</i> , Fungal sp.		+	+

HR: hongo rizosférico

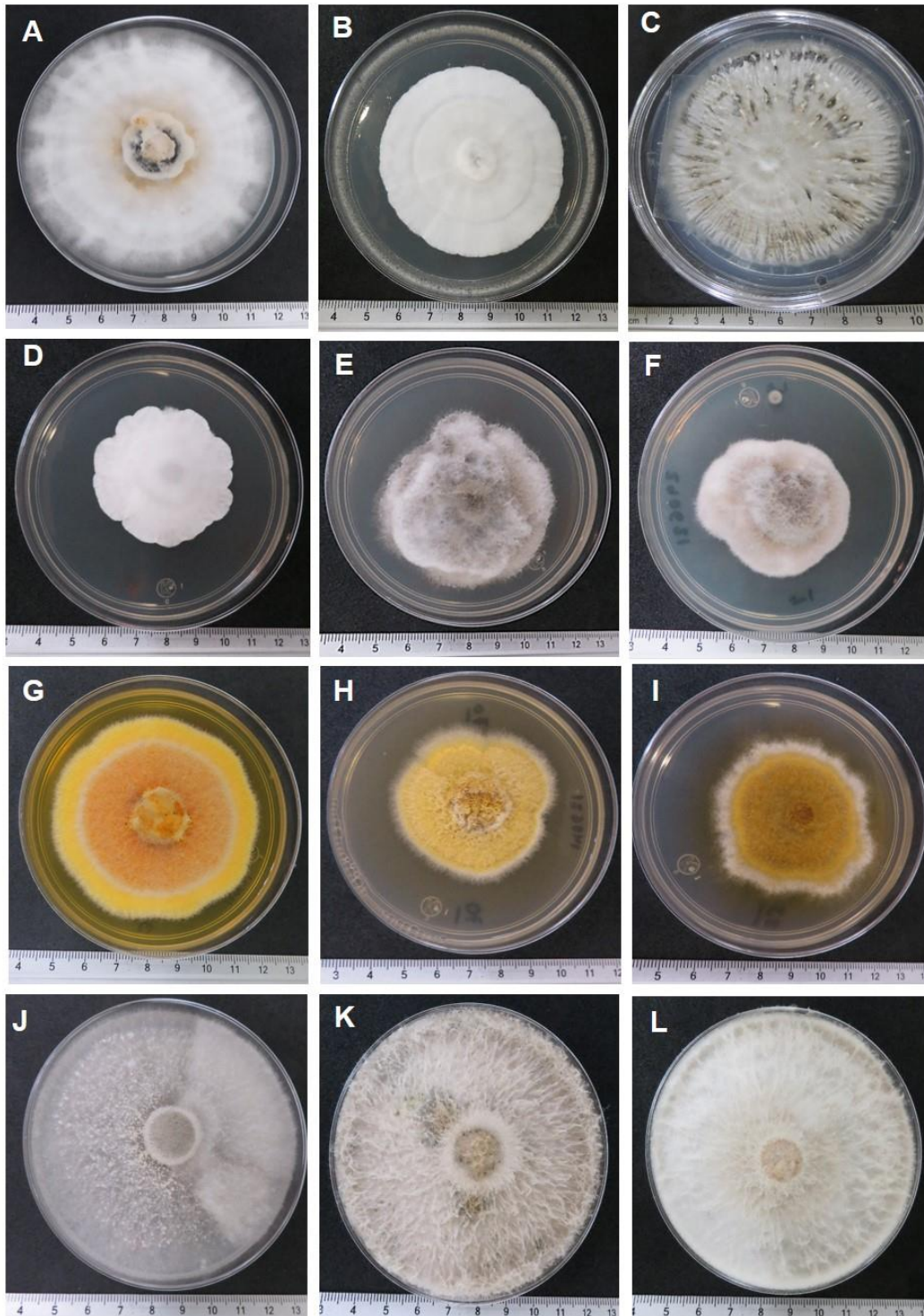
### 3.5.5 Abundancia, riqueza y diversidad de hongos endófitos

En total se aislaron 218 cepas de hongos endófitos de raíz, pecíolo, pinna basal, pinna media y del ápice, las cepas se agruparon con base a sus características macroscópicas y microscópicas, quedando con un total de 82 cepas. De las cuales, 64 fueron identificadas (**Anexo A5**), el resto no pudieron asignarse a ninguna especie porque en las secuencias obtenidas las bases no fueron claras en la lectura. Al comparar las 64 secuencias obtenidas en la base de datos GenBank, 43 hongos se identificaron hasta especie, 14 hasta género, y siete no pudieron asignarse a ninguna especie conocida sobre la base de las secuencias del gen ITS, lo que indica que pueden ser especies nuevas (**Figuras 22 y 23**).

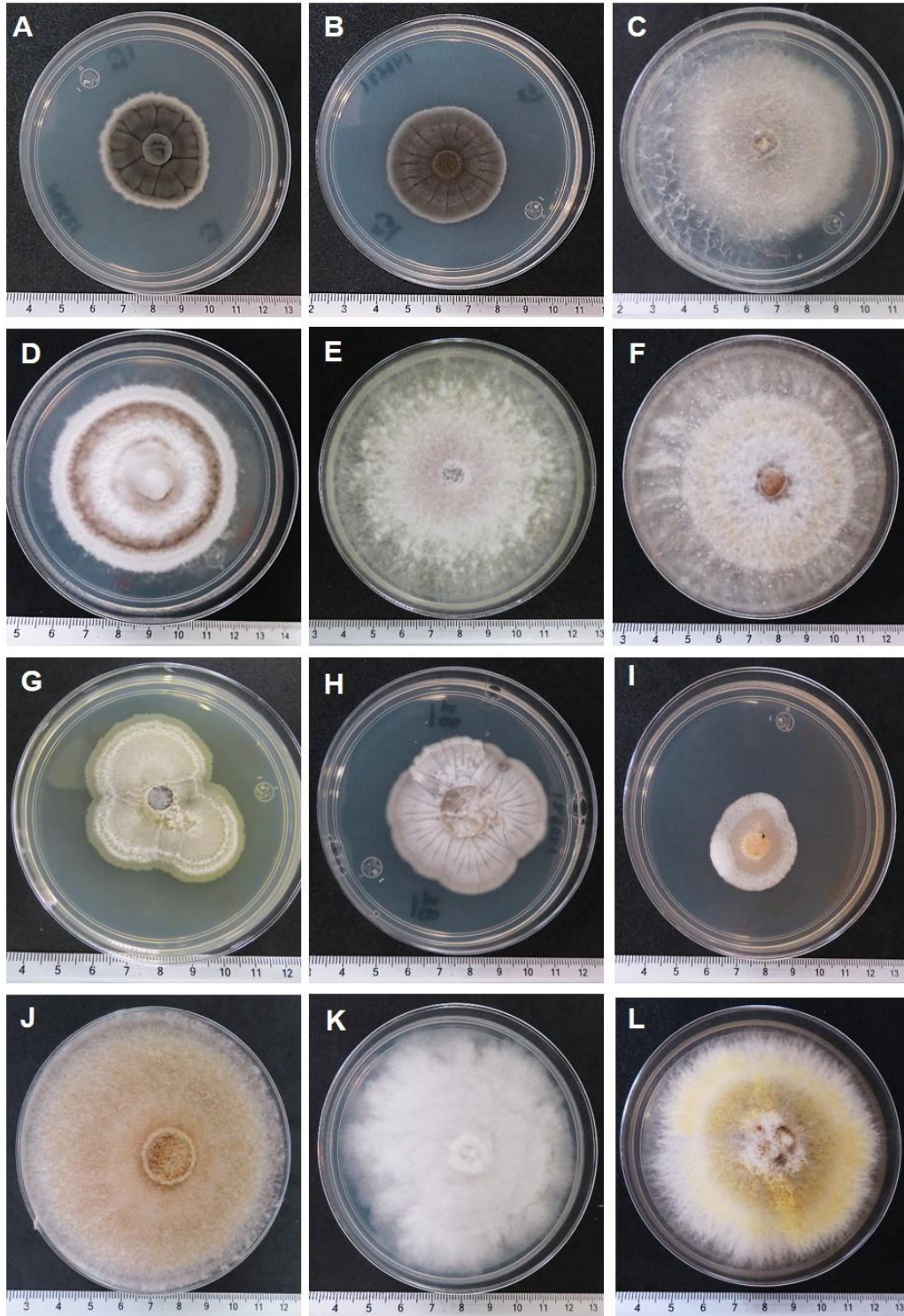
Las especies de hongos endófitos identificadas se agruparon en 25 géneros, predominando *Cladosporium* (4), *Xylaria* (4), *Fusarium* (3), *Biscogniauxia* (3) y *Epicoccum* (2). Para el sitio 1 se identificaron 21 especies, agrupadas en 12 géneros. *Cladosporium* sp. y *Epicoccum nigrum* fueron las más abundantes. En el sitio 2 se identificaron 23 especies, las cuales se agruparon en 15 géneros, *Colletotrichum godetiae*, *Epicoccum layuense*, *Epicoccum nigrum* y *Phoma* sp., tuvieron más abundancia. En el sitio 3 se identificaron 20 especies, distribuidas en 15 géneros, las especies con más presencia fueron *Epicoccum nigrum*, *Alternaria alternata* y *Boeremia exigua*.



Las especies *Alternaria alternata*, *Epicoccum nigrum*, *Xylaria multiplex* y *Trichoderma atroviride* estuvieron presentes en los tres sitios de estudio. *Epicoccum nigrum*, *Colletotrichum godetiae* y *A. alternata* fueron especies recurrentes, con alta abundancia relativa: 0.2283, 0,0961 y 0.0502 respectivamente (**Cuadro 16**). El registro de especies de los géneros *Cladosporium*, *Fusarium*, *Trichoderma*, *Xylaria* y *Phoma* sp. como endófitos de *D. pseudofilix-mas* coincide con hallazgos previos en otros helechos, Petrini *et al.* (1992) citan el aislamiento de cepas de hongos endófitos de estos géneros en *Pteridium aquilinum*.



**Figura 22.** Morfología colonial correspondiente a los hongos endófitos aislados de *D. pseudofilix-mas*. **A.** *Xylaria multiplex*; **B y C.** *Xylaria* sp. 1; **D.** *Xylaria* sp. 2; **E y F.** *Alternaria alternata*; **G.** *Epicoccum lauyense*; **H y I.** *Epicoccum nigrum*; **J.** *Trichoderma atroviride*; **K.** *Biscogniauxia mediterranea*; **L.** *Biscogniauxia* sp. 1.



**Figura 23.** Morfología colonial correspondiente a los hongos endófitos aislados de *D. pseudofilix-mas*. **A.** *Cladosporium cladosporioides*; **B.** *Cladosporium asperulatum*; **C.** *Cladosporium* sp.; **D.** *Colletotrichum godetiae*; **E.** *Fusarium oxysporum*; **F.** *Myrmaecium rubricosum*; **G.** *Preussia minima*, **H.** *Preussia similis*; **I.** *Sarocladium* sp.; **J.** Fungal endophyte sp.1; **K.** Fungal endophyte sp.2; **L.** *Annulohyphoxylon stygium*.



**Cuadro 16.** Número de aislamientos y abundancia relativa de hongos endófitos presentes en *D. pseudofilix-mas* en los tres sitios de muestreo.

Especie de hongo endófito	Sitio			AR
	1	2	3	
<i>Alternaria alternata</i>	2	3	8	0.0568
<i>Alternaria tenuissima</i>	0	2	4	0.0262
<i>Annulohyphoxylon stygium</i>	0	0	2	0.0087
<i>Basidioascus undulatus</i>	0	0	1	0.0044
<i>Biscogniauxia mediterranea</i>	3	0	0	0.0131
<i>Biscogniauxia</i> sp. 1	3	0	0	0.0131
<i>Biscogniauxia</i> sp. 2	1	0	0	0.0044
<i>Boeremia exigua</i>	0	0	6	0.0262
<i>Boeremia exigua</i> var. <i>pseudolilacis</i>	0	0	1	0.0044
<i>Botrytis cinerea</i>	0	0	1	0.0044
<i>Chaetomiaceae</i> sp.	0	0	2	0.0087
<i>Chromolaenicola clematidis</i>	1	0	3	0.0175
<i>Cladosporium asperulatum</i>	1	1	0	0.0087
<i>Cladosporium cladosporioides</i>	0	5	0	0.0218
<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>	1	4	0	0.0218
<i>Cladosporium</i> sp.	10	0	0	0.0437
<i>Colletotrichum godetiae</i>	0	16	6	0.0961
<i>Didymella</i> sp.	1	1	0	0.0087
<i>Epicoccum layuense</i>	0	9	2	0.0480
<i>Epicoccum nigrum</i>	6	12	34	0.2271
Fungal endophyte sp. 1	1	0	0	0.0044
Fungal endophyte sp. 2	0	0	9	0.0393
Fungal sp. 1	1	0	0	0.0044
<i>Fusarium acuminatum</i>	0	0	4	0.0175
<i>Fusarium oxysporum</i>	1	0	0	0.0044
<i>Fusarium sarcochroum</i>	1	1	0	0.0087
<i>Fusarium</i> sp.	0	1	0	0.0044
<i>Ilyonectria crassa</i>	0	0	1	0.0044
<i>Mucor hiemalis</i> f. <i>hiemalis</i>	0	2	2	0.0175
<i>Myrmaecium rubricosum</i>	0	1	0	0.0044
<i>Nigrospora oryzae</i>	0	4	0	0.0175
<i>Penicillium</i> sp.	0	0	1	0.0044
<i>Periconia</i> sp.	1	0	0	0.0044
<i>Pestalotiopsis</i> sp.	0	2	0	0.0087
<i>Phoma</i> sp.	0	5	0	0.0218
<i>Preussia minima</i>	1	0	0	0.0044
<i>Preussia similis</i>	1	0	0	0.0044
<i>Sarocladium</i> sp.	0	1	0	0.0044
<i>Trichoderma atroviride</i>	1	2	2	0.0218
Fungal endophyte sp. 3	0	2	0	0.0087

Especie de hongo endófito	Sitio			AR
	1	2	3	
Fungal endophyte sp. 4	0	1	0	0.0044
Uncultured soil fungus sp. 1	0	6	0	0.0262
Uncultured soil fungus sp. 2	5	0	0	0.0218
<i>Xylaria multiplex</i>	4	3	2	0.0393
<i>Xylaria</i> sp. 1	2	3	0	0.0218
<i>Xylaria</i> sp. 2	1	0	1	0.0087
<i>Xylaria</i> sp. 3	1	0	0	0.0044

AR: Abundancia relativa.

La comparación entre las comunidades de hongos endófitos en cada sitio se realizó considerando la presencia de especies, el análisis mostró que las poblaciones de HE de *D. pseudofilix-mas* de los sitios de estudio presentan similitud. Los valores del índice de similitud de Sørensen indican que la mayor similitud se presenta entre los sitios 1 y 2. En contraste, el sitio 1 presentó mínima similitud con el sitio 3 (**Cuadro 17**).

**Cuadro 17.** Valores del índice de similitud de Sørensen de la comunidad de hongos endófitos entre los tres sitios de muestreo.

Sitios	1	2	3
1	0	0.39	0.23
2		0	0.37
3			0

Otra diferencia entre el sitio 1 y el sitio 3 es la radiación fotosintéticamente activa (RFA) y la radiación UV. En el primer sitio el promedio de RFA tuvo un valor de 25 ( $\pm 6.2$ )  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$  y la radiación UV fue de 2 ( $\pm 1.0$ )  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ , en contraste en el sitio 3 los valores fueron de 97.3 ( $\pm 65.3$ )  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$  para RFA y 10.5 ( $\pm 6.0$ )  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$  para la radiación UV. Es probable que los individuos del sitio 3 estén expuestos a mayor exposición de radiación solar que los del sitio 1, pues se encontró en un dosel más abierto.

Posiblemente las variaciones de estos factores expliquen la baja similitud en la composición de las poblaciones de hongos endófitos en estos sitios, ya que, en su mayoría, los aislamientos procedieron de la lámina. A diferencia de los endófitos que habitan en la raíz, los endófitos foliares se enfrentan a la desecación, la radiación ultravioleta e intensidad de luz (Arnold, 2007).

En los tres sitios de estudio se registró la presencia de *Alternaria alternata*, *Epicoccum nigrum*, *Trichoderma atroviride* y *Xylaria multiplex* (**Cuadro 18**), estas especies de se han citado como microorganismos benéficos o patógenos en otras plantas. *Alternaria alternata* es considerado un hongo patógeno; común en frutas, semillas y distintos órganos vegetales, produce compuestos tóxicos específicos para cada planta hospedante (Barkai-Golan y Follett, 2017). *Epicoccum nigrum* es un ascomiceto, comúnmente endófito, considerado como agente de control biológico debido a que suprime diversos patógenos de plantas; no obstante, también puede ser patógeno para algunas plantas (Taguiam *et al.*, 2021).

Los hongos del género *Epicoccum* son considerados una fuente promisoría de metabolitos secundarios con potenciales aplicaciones biotecnológicas, dado que, de distintas especies, se han aislado sustancias como la flavipina y epicorazina, las cuales poseen actividades antioxidantes, antinematodales y antifúngicas. También se han aislado sustancias con propiedades citotóxicas, como el taxol, actualmente un fármaco anticancerígeno (Braga *et al.*, 2018; Harwoko *et al.*, 2020).

*Trichoderma atroviride* promueve el crecimiento de sus anfitriones a través de la producción de auxinas, y es antagonista de microorganismos patógenos de las plantas (Zin y Badaluddin, 2020). *Xylaria multiplex* ha sido descrita como hongo endófito de algunas plantas (Lodge *et al.*, 1996); las especies de este género han sido de interés porque la mayoría produce sustancias como lactonas, xilaramida, globoscina, xilaropironas, anularina A y anularina, las cuales presentan actividad antifúngica, (Mogollón *et al.*, 2013; Chenjia *et al.*, 2017).

Los hongos endófitos *Preussia minima*, *Preussia similis* y *Biscogniauxia mediterranea* solo aparecieron en el sitio 1; las especies del género *Preussia* son conocidos por su capacidad de producir una gran variedad de metabolitos antifúngicos, antibacterianos y citotóxicos (González-Menéndez *et al.*, 2017). Respecto a *Biscogniauxia mediterranea*, es considerada como un patógeno, principalmente del género *Quercus* (Yangui *et al.*, 2021).

La especie *Myrmaecium rubricosum* se registró únicamente para el sitio 2, este endófito se ha citado como patógeno de *Pinus patula*, causa lesiones y caída de hojas (Gutiérrez-Flores *et al.*, 2022). La especie *Basidioascus undulatus* fue exclusiva para el sitio 3, se aisló de la raíz. Esta levadura es termófila y xerófila, habita principalmente en el suelo; las levaduras del suelo contribuyen a procesos ecológicos esenciales como la mineralización de materia orgánica (Nguyen *et al.*, 2015).

Con base al índice de Shannon-Wiener el sitio 3 tuvo la comunidad más diversa de hongos endófitos; en contraste, la menor diversidad fue en el sitio 1, aunque sin diferencias significativas entre los sitios de muestreo (Tukey,  $\alpha = 0.05$ ). La dominancia (índice de Simpson) fue mayor en el sitio 1, con 0.90, el valor más bajo fue en el sitio 3, con 0.81 (**Cuadro 18**).

**Cuadro 18.** Listado de hongos endófitos de *D. pseudofilix-mas* en los tres sitios de muestreo. + = Presencia.

Especie de hongo endófito	Sitio		
	1	2	3
<i>Alternaria alternata</i>	+	+	+
<i>Alternaria tenuissima</i>		+	+
<i>Annulohyphoxylon stygium</i>			+
<i>Basidioascus undulatus</i>			+
<i>Biscogniauxia mediterranea</i>	+		
<i>Biscogniauxia</i> sp. 1	+		
<i>Biscogniauxia</i> sp. 2	+		
<i>Boeremia exigua</i>			+
<i>Boeremia exigua</i> var. <i>pseudolilacis</i>			+
<i>Botrytis cinerea</i>			+
<i>Chaetomiaceae</i> sp.			+
<i>Chromolaenicola clematidis</i>	+		+
<i>Cladosporium asperulatum</i>	+	+	
<i>Cladosporium cladosporioides</i>		+	
<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>	+	+	
<i>Cladosporium</i> sp.	+		
<i>Colletotrichum godetiae</i>		+	+
<i>Didymella</i> sp.	+	+	
<i>Epicoccum layuense</i>		+	+
<i>Epicoccum nigrum</i>	+	+	+
<i>Fungal endophyte</i> sp. 1	+		
<i>Fungal endophyte</i> sp. 2			+
<i>Fungal</i> sp. 1	+		
<i>Fusarium acuminatum</i>			+
<i>Fusarium oxysporum</i>	+		
<i>Fusarium sarcochroum</i>	+	+	
<i>Fusarium</i> sp.		+	
<i>Ilyonectria crassa</i>			+
<i>Mucor hiemalis</i> f. <i>hiemalis</i>		+	+
<i>Myrmaecium rubricosum</i>		+	
<i>Nigrospora oryzae</i>		+	
<i>Penicillium</i> sp.			+
<i>Periconia</i> sp.	+		
<i>Pestalotiopsis</i> sp.		+	
<i>Phoma</i> sp.		+	
<i>Preussia minima</i>	+		
<i>Preussia similis</i>	+		
<i>Sarocladium</i> sp.		+	
<i>Trichoderma atroviride</i>	+	+	+
<i>Fungal endophyte</i> sp. 3		+	
<i>Fungal endophyte</i> sp. 4		+	



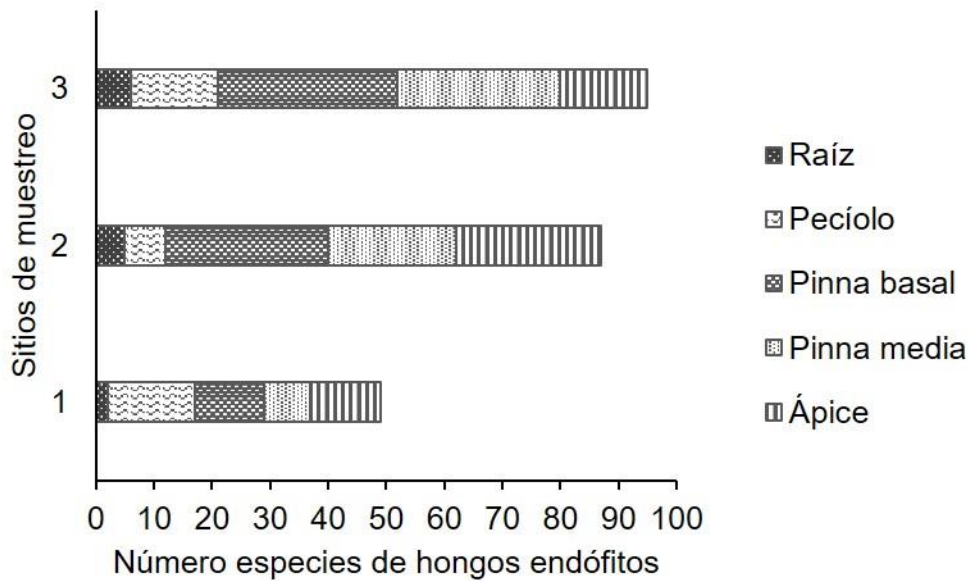
Especie de hongo endófito	Sitio		
	1	2	3
<i>Uncultured soil fungus</i> sp. 1		+	
<i>Uncultured soil fungus</i> sp. 2	+		
<i>Xylaria multiplex</i>	+	+	+
<i>Xylaria</i> sp. 1	+	+	
<i>Xylaria</i> sp. 2	+		+
<i>Xylaria</i> sp. 3	+		
Riqueza	21	23	20
Índice Shannon-Wiener	2.67 a (±0.32)	2.89 a (±0.18)	2.73 a (±0.07)
Índice de Simpson	0.90 a (±0.3)	0.85 a (±0.05)	0.81 a (±0.03)

Valores en la misma fila con la misma letra no presentan diferencias significativas (Tukey,  $\alpha=0.05$ ).  
Medias  $\pm$ error estándar. n = 4.

### 3.5.6 Diversidad de hongos endófitos en órganos

En los tres sitios de estudio *Trichoderma atroviride* fue aislada únicamente de la pinna basal, y *Myrmaecium rubricosum* de las pinnas medias. Mientras que, *Epicoccum layuense*, *Xylaria multiplex* y *Colletotrichum godetiae* se aislaron de la pinna basal, pinna media y pecíolo; sin embargo, fueron más frecuentes en las pinnas. *Fusarium sarcochroum* se aisló de raíz y pecíolo. Las cepas de *Preussia minima*, *Preussia similis*, *Ilyonectria crassa*, *Xylaria* sp. 1 y *Xylaria* sp. 2 se aislaron únicamente de raíz. Esta tendencia es similar a lo observado en *Pteridium aquilinum*, en donde el endófito *Stagonospora* sp. fue más común en las pínulas, mientras que *Aureobasidium pullulans* y *Cladosporium tenuissimum* tuvieron más frecuencia en el raquis (Petrini, 1992).

En este estudio, la mayoría de aislamientos se obtuvieron de la pinna basal (**Figura 25**). Trabajos previos en otros grupos de plantas han observado la especificidad de hongos endófitos para órganos y tejidos del huésped. Las comunidades endófitas, generalmente son diferentes en cada órgano, lo cual se asocia a las condiciones microecológicas particulares presentes en ellos. Los hongos Ascomycota prevalecen como endófitos foliares (Arnold, 2007).



**Figura 24.** Número de especies de hongos endófitos aislados en cada órgano de *D. pseudo-filix-mas* en los sitios de estudio.

### 3.6 CONCLUSIONES

Las comunidades de hongos rizosféricos de *Dryopteris pseudo-filix-mas* en los sitios de estudio, presentan similitud. *Penicillium fellutanum* puede ser específica de esta planta, debido a que estuvo presente en los tres sitios de estudio. La especie *Alternaria alternata* estuvo presente en la rizosfera, y como endófito en la pinna basal, pinna media y en el ápice.

La rizosfera de *D. pseudo-filix-mas* alberga hongos que crecen en medio ligninólítico, lo que indica que estos hongos pueden dirigirse a pruebas de biotecnología para la restauración ecológica, biorremediación de suelos y aguas contaminadas.

El aislamiento de hongos endófitos asociados a *D. pseudo-filix-mas* sugiere que estos microorganismos pueden coexistir en los tejidos del helecho como endófitos asintomáticos, dado que en los sitios de estudio los individuos de esta especie lucen láminas frondosas y verdes, con poca, o ninguna señal de daño causado por enfermedades.

La caracterización de los hongos endófitos asociados a *D. pseudo-filix-mas* muestra que la comunidad en los tres sitios está dominada principalmente por *Cladosporium* (4),

*Xylaria* (4), *Fusarium* (3), *Biscogniauxia* (3) y *Epicoccum* (2). La similitud de las poblaciones de hongos endófitos de *D. pseudofilix-mas* entre los sitios de estudio es baja, posiblemente esto se debe a las diferencias de radicaion UV e intensidad de luz a la que están expuestas las plantas en cada sitio, dado que la mayoría de los aislamientos se obtuvieron de la lámina.

Las especies *Epicoccum nigrum*, *Xylaria multiplex* y *Trichoderma atroviride* se presentaron en todos los sitios de estudio. Estudios previos citan que estas especies producen metabolitos secundarios con actividad antifúngica, antibacteriana y citotóxica. Por tanto, las cepas registradas en este estudio, principalmente *X. multiplex* y *E. nigrum* son promisorias para el aislamiento de metabolitos secundarios, que pueden dirigirse a enfoques biotecnológicos. También pueden ser útiles para el control de los patógenos en cultivos agrícolas.

*Dryopteris pseudofilix-mas* representa un importante reservorio de cepas fúngicas que pueden tener bioactividades útiles. Esta es la primera cita de riqueza y diversidad de hongos rizosféricos y endófitos asociados a *D. pseudofilix-mas* en México.

## CONCLUSIONES GENERALES

*Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm., crece en suelos ácidos a ligeramente ácidos, con alto contenido de fósforo, nitrógeno y materia orgánica. Las poblaciones microbianas asociadas a su rizósfera presentan similitud en los sitios de estudio, sobre todo la composición de sus poblaciones bacterianas.

La rizosfera de *D. pseudofilix-mas* alberga diversos grupos de bacterias funcionales que pueden dirigirse a enfoques biotecnológicos. Así mismo, sus raíces forman asociaciones simbióticas con hongos micorrízicos arbusculares y hongos endófitos septados.

Los hongos endófitos aislados en este estudio han sido descritos por su capacidad de producir metabolitos secundarios con actividad antifúngica, antibacteriana y citotóxica. Por tanto, las cepas registradas en este estudio son promisorias para el aislamiento de metabolitos secundarios, que pueden ser en la agricultura y en la medicina. Se sugiere que los microorganismos caracterizados en este trabajo sean estudiados con más detalle.

*D. pseudofilix-mas* es un reservorio de microorganismos funcionales, por lo tanto, es importante tomar medidas para evitar su pérdida en esta localidad.

## LITERATURA CITADA

- Abdel-Hafez, S. J. I. 1984. Rhizosphere and phyllosphere fungi of four fern plants growing in Saudi Arabia. *Mycopathologia*, 85: 45-52.
- Acebey, A. 2015. Riqueza y patrones de distribución de los pteridobiontes de la región de los Tuxtlas, Veracruz, México. Tesis Doctoral. Universidad Veracruzana Centro De Investigaciones Tropicales. 187 p.
- Alarcón, A., Ferrera-Cerrato, R. 1999. Manejo de la micorriza arbuscular en sistemas de propagación de frutales. *Terra*, 17:179-19.
- Aldrete, A. 2008. Distribución altitudinal, tratamientos pregerminativos e influencia de *Lupinus* spp. (Fabaceae, Papilionoidae) en la fertilidad de suelos forestales. Tesis de Doctorado, Colegio de Postgraduados, 133 p.
- Alexander, M. 1987. Introduction to soil microbiology. John Wiley and sons. New York, USA., pp. 280-327.
- Almaraz-Suárez, J. J., Pineda-Mendoza, D. Y., Hereida-Acuña, C. 2020. Métodos prácticos para el estudio de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal. *In: Microbiología aplicada a la agricultura y agroecosistemas Principios y técnicas para su investigación*. Ferrera-Cerrato, R., Delgadillo-Martínez, J., Alarcón, A., Alvarado-López, J., Pérez-Moreno, J., Almaraz-Suárez, J. J., pp. 227-240
- Álvarez-Zúñiga, E., Sánchez-González, A., López-Mata, L. Tejero-Díez, J. D. 2012. Composición y abundancia de las pteridofitas en el bosque mesófilo de montaña del Municipio de Tlanchinol, Hidalgo, México. *Botanical Sciences*, 90(2):163-177.
- Anderson, O. R. 2009. Eukaryotic Microbial Communities Associated with the Rhizosphere of the Temperate Fern *Thelypteris noveboracensis* (L.) Nieuwl. *American Fern Journal*, 99(3):176-181.
- Anderson, O. R. 2021. Physiological ecology of ferns: Biodiversity and conservation perspectives. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, 13(2):49-63.
- Anderson, R. O. 2009. Eukaryotic Microbial Communities Associated with the Rhizosphere of the Temperate Fern *Thelypteris noveboracensis* (L.) Nieuwl. *American Fern Journal*, 99(3):176-181.
- Aquihuatl, M. A., Volke, T., Prado, L. A., Matsumoto, K. S., Ramírez, F., Salazar, M. 2012. Manual de prácticas de laboratorio de Microbiología General. Universidad Autónoma Metropolitana. México, D.F., pp. 7-69.
- Araújo, I., Araújo, W. L., Azevedo, J. L. 2010. The effect of different growth regimes on the endophytic bacterial communities of the fern, *Dicksonia sellowiana* Hook (Dicksoniaceae). *Brazilian Journal of Microbiology*, 41:956-965.
- Arnold, A. E. 2007. Understanding the diversity of foliar endophytic fungi: progress, challenges, and frontiers. *Fungal Biology Reviews*, 21:51-66.

- Arreguín-Sánchez, M. L., Fernández-Nava, R., Quiroz-García, D. L., Acosta-Castellanos, S. 2009. Análisis de la distribución de las especies de helechos y afines del Valle de México, notas ecológicas y florísticas. *Polibotánica*, 28:15-36.
- Bahadur, A., Batool, A., Nasir, F., Jiang, S., Mingsen, Q., Zhang, Q., Pan, J., Liu, Y., Feng, H. 2017. Mechanistic Insights into Arbuscular Mycorrhizal Fungi-Mediated Drought Stress Tolerance in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(17):4199.
- Banerjee, R. D., Sen, S. P. 1980. Antibiotic Activity of Pteridophytes. *Economic Botany*, 34(3):284-298.
- Barkai-Golan, R., Follett, P. A. 2017. Irradiation Effects on Mycotoxin Accumulation. *In: Irradiation for Quality Improvement, Microbial Safety and Phytosanitation of Fresh Produce*. Barkai-Golan, R. y Follett. Academic Press, pp. 41-46.
- Bautista-Cruz, A. A. 2016. Diversidad de hongos micorrizógenos arbusculares asociados a helechos de un bosque tropical caducifolio de la Reserva de la Biósfera Sierra Gorda, Querétaro, México. Tesis de Maestría en Biología. Universidad Autónoma Metropolitana-Unidad Iztapalapa. México, D.F., 89 p.
- Bautista-Cruz, A. A., Montaña, N. M., Camargo-Ricalde, S. L., Pacheco, L. 2014. Hongos micorrizógenos arbusculares y nutrimentos del suelo asociados a cuatro especies de helechos en dos ecosistemas de Oaxaca, México. *Revista Chapingo. Serie Ciencias Forestales y del Ambiente*, 20(3):199-212.
- Bertani, G. 1951. Studies on lysogenesis. I. The mode of phage liberation by lysogenic *Escherichia coli*. *Journal of Bacteriology*, 62:293-300.
- Bharti, M. y Pravesh, R. 2012. Studies on the rhizosphere and non-rhizosphere mycoflora of *Lygodium flexuosum* (L.) Sw. and *Ampelopteris prolifera* (Retz.) Copel. of Ranchi District of Jharkhand, India. *The Ecoscan Special Issue*, 1:61-68.
- Bonfante, P., Genre, A. 2010. Mechanisms underlying beneficial plant-fungus interactions in mycorrhizal symbiosis. *Nature Communications*, 1(48):1-11.
- Brader, G., Compant, S., Mitter, B., Trognitz, F., Sessitsch, A. 2014. Metabolic potential of endophytic bacteria. *Current Opinion in Biotechnology*, 27:30-37.
- Braga, R.M, Padilla, G., Araújo, W.L. 2018. The biotechnological potential of *Epicoccum* spp.: diversity of secondary metabolites. *Critical Reviews in Microbiology*, 44(6): 759-778.
- Bray, R. H., Kurtz, L. T. 1945. Determination of total, organic and available forms of phosphorus in soils. *Soil Science*, 59:39-45.
- Byung-Chun, K., Mi, K., Hyun, K., Beom, S., Sook, K., Kee-Sun, S. 2009. Isolated from the Rhizosphere of the Fern *Paenibacillus filicis* sp. Nov., isolated from the rhizosphere of the fern. *The Journal of Microbiology*, 47(5):524-529.

- Cabrera-Luna, J. A., Gómez-Sánchez, M. 2005. Análisis florístico de La Cañada, Querétaro, México. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, 77:35-50.
- Cacciari, I., Lippi, D. 1986. Arthrobacters: Successful arid soil bacteria: a review. *Arid Soil Research and Rehabilitation*, 1(1):1-30.
- Cai, S., Huang, Y., Chen, F., Zhang, X., Sessa, E., Zhao, Marchant, D. B., Xue, D., Chen, G., Dai, F., Leebens-Mack, J. H., Zhang, G., Shabala, S., Christie, J. M., Blatt, R. M., Nevo, E., Soltis, S. P., Soltis, D. E., Franks, P. J., Wu, F., Zhong-Hua C. 2020. Evolution of rapid blue-light response linked to explosive diversification of ferns in Angiosperm forests. *New Phytologist*, 230:886-888.
- Calvo, P., Meneses, L., Zúñiga D. D. 2008. Estudio de las poblaciones microbianas de la rizósfera del cultivo de papa (*Solanum tuberosum*) en zonas altoandinas. *Ecología Aplicada*, 7:141-148.
- Camargo-Ricalde, S. L., Esperón-Rodríguez, M. 2005. Efecto de la heterogeneidad espacial y estacional del suelo sobre la abundancia de esporas de hongos micorrizógenos arbusculares en el valle semiárido de Tehuacán-Cuicatlán, México. *Revista de Biología Tropical*, 53(3-4):339-352.
- Cao, H., Tsun-Thai, C., Wang, X., Morais-Braga, M., Jing-Hua, Y., Fai-Chu, W., Wang, R., Yao, H., Cao, J., Cornara, L., Burlando, B., Wang, Y., Xiao, J., Coutinho, H. 2017. Phytochemicals from fern species: potential for medicine applications. *Phytochemistry reviews: proceedings of the Phytochemical Society of Europe*, 16:379-440.
- Cao, J., Xia, X., Chen, X., Xiao, J., Wang, Q. 2013. Characterization of flavonoids from *Dryopteris erythrosora* and evaluation of their antioxidant, anticancer and acetylcholinesterase inhibition activities. *Food and Chemical Toxicology*, 51:242-250.
- Carvalho, L. M., Correia, P. M., Ryel, R. J., Martins-Loução, M. A. 2003. Spatial variability of arbuscular mycorrhizal fungal spores in two natural plant communities. *Plant and Soil*, 251:227-236.
- Catara, V. 2007. *Pseudomonas corrugate* plant pathogen and or biological resource? *Molecular Plant Pathology*, 8(3):233-244.
- Chaluvadi, S., Bennetzen, J. L. 2018. Species-associated differences in the below-ground microbiomes of wild and domesticated *Setaria*. *Frontiers in Plant Science*, 9:1183.
- Chenjia, G., Wu, P., Xue, J., Li, H., Wei, X. 2018. Xylaropyrones B and C, new  $\gamma$ -pyrones from the endophytic fungus *Xylaria* sp. SC1440. *Natural Product Research*, 32(13):1525-1531.
- Cleal, C., Thomas, B. 2019. Ferns. *In: Introduction to Plant Fossil*. Cambridge University Press. pp. 115-144.

- Colección Internacional de Cultivos de HMVA. <http://invam.wvu.edu/> Consulta septiembre 2022.
- Coutinho, F., Cavalcanti, M., Yano-Melo, A. 2010. Filamentous fungi isolated from the rhizosphere of melon plants (*Cucumis melo* L. cv. Gold Mine) cultivated in soil with organic amendments. *Acta Botanica Brasilica*, 24:292-298.
- Coyne, M. 2000. Microbiología del suelo: un enfoque exploratorio. Editorial Paraninfo. Madrid, España, 416 p.
- Das, G., Park, S., Choi, J., Baek, K. H. 2019. Anticandidal Potential of Endophytic Bacteria Isolated from *Dryopteris uniformis* (Makino). *Jundishapur Journal of Microbiology*, 12(1):e69878.
- De la Rosa-Mera, C., Ferrera-Cerrato, R., Alarcón, A., Sánchez-Colín, M. J., Franco-Ramírez, A. 2012. Aislamiento de consorcios de hongos micorrícicos arbusculares de plantas medicinales y su efecto en el crecimiento de vinca (*Catharanthus roseus*). *Revista Chilena de Historia Natural*, 85(2):187-198.
- Departamento de Patología de Plantas de la Universidad de Agronomía de Szczecin, Polonia (<http://www.zor.zut.edu.pl/Glomeromycota/Taxonomy.html>). Consulta septiembre 2022.
- Dijkhuizen, L. W., Brouwer, P., Bolhuis, H., Gert-Jan, R., Koppers, N., Huettel, B., Bolger, A., Fay-Wei, L., Cheng, S., Liu, X., Wong, K., Pryer, K., Weber, A., Cautigam, A., Schluempmann, H. 2017. Is there foul play in the leaf pocket? The metagenome of floating fern *Azolla* reveals endophytes that do not fix N<sub>2</sub> but may denitrify. *New Phytologist*, 217:453-466.
- Döbereiner, J., Day, J. M. 1976. Associative symbiosis in tropical grasses: characterization of microorganisms and dinitrogen fixing sites. *In*: Newton WE, Nyman CJN (eds) "Int Symp Nitrogen Fixation". Washington State University Press, pp 518-538.
- Doyle, J. J., Doyle, J. L. 1990. Isolation of plant DNA fresh tissue. *Focus*, 12:13-15.
- Dunlap, C. A., Saunders, L. P., Schisler, D. A., Leathers, T. D., Naeem, N., Cohan, F. M., Rooney, A. P. 2016. *Bacillus nakamurai* sp. nov., a black-pigmentproducing strain. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66:2987-2991.
- Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32:1792-1797.
- Etchevers, J. D. 1987. Determinación de nitrógeno en suelos. *In*: Aguilar, S. A., Etchevers, J. D., Castellanos, R. J. Z. (Eds.). Análisis químico para evaluar la fertilidad del suelo. Publicación Especial Núm. 1. Sociedad Mexicana de la Ciencia del Suelo, pp. 45-83.



- Fanin, N., Kardol, P., Farrell, M., Nilsson, M. C., Gundale, J. M., Wardle, A. D. 2019. The ratio of Gram-positive to Gram-negative bacterial PLFA markers as an indicator of carbon availability in organic soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 128:111-114.
- Fernandez, H., Kumar, A., Revilla, M. 2011. *Working with Ferns: Issues and Applications*. Springer New York Dordrecht Heidelberg London, pp. 388-395.
- Field, K. J., Pressel, S. 2018. Unity in diversity: structural and functional insights into the ancient partnerships between plants and fungi. *New Phytologist*, 220:996-1011.
- Figuroa, J. L. 2009. Reflexiones respecto a plantas medicinales y su enseñanza en medicina. *Revista Digital Universitaria*, 10(9):2-12.
- Font Quer, P. 1993. *Plantas Medicinales I-III*. Labor, Barcelona. p.1033.
- Frac, M., Hannula, S. E., Bełka, M., Jedryczka, M. 2018. Fungal biodiversity and their role in soil health. *Frontiers in Microbiology*, 9:707.
- Frankland, J. 1966. Succession of Fungi on Decaying Petioles of *Pteridium aquilinum* *Journal of Ecology*, 54(1):41-63.
- Gai, J. P., Christie, P., Cai, X. B., Fan, J. Q., Zhang, J. L., Feng, G. y Li, X. L. 2009. Occurrence and distribution of arbuscular mycorrhizal fungal species in three types of grassland community of the Tibetan Plateau. *Ecological Research*, 24:1345-1350.
- Galván-Tejada, N. C., Peña-Ramírez, V., Mora-Palomino, L., Siebe, C. 2014. Soil P fractions in a volcanic soil chronosequence of Central Mexico and their relationship to foliar P in pine trees. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 177:792-802.
- Ganger, M. T., Hiles R., Hallowell, H., Cooper, L., McAllister, N., Youngdahl, D., Alfieri, J., Ewing, S. J. 2019. A soil bacterium alters sex determination and rhizoid development in gametophytes of the fern *Ceratopteris richardii*. *AoB PLANTS*, 11(2):plz012.
- Gerdemann, W., Nicolson, T. 1963. Spores of mycorrhizal endogene species extracted from soil by wet sieving and decanting. *British Mycological Society*, 46:253-244.
- Ghosh, P., Rathinasabapathi, B., Lena, Q. Ma. 2011. Arsenic-resistant bacteria solubilized arsenic in the growth media and increased growth of arsenic hyperaccumulator *Pteris vittata* L. *Bioresource Technology*, 102(19):8756-8761.
- Giri, B., Giang, P. H., Kumari, R., Prasad, R., Varma, A. 2005. Microbial diversity in soils. *In: Varma, A., Buscot, F. (eds) Microorganisms in soils: roles in genesis and functions*. *Soil Biology*, vol. 3, pp. 19-55.
- González Mancilla, A., Almaraz Suárez, J. J., Ferrera Cerrato, R., Rodríguez Guzmán, M. P., Taboada Gaytán, O. R., Trinidad Santos, A. 2018. Rizobacterias y hongos micorrízicos arbusculares asociados con chile poblano en la Sierra Nevada de Puebla, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9(20):4355-4365.

- González-Menéndez, V., Martín, J., Siles, J. A., González-Tejero, R., Reyes, F., Platas, G., Tormo, J. R., Genilloud, O. 2017. Biodiversity and chemotaxonomy of *Preussia* isolates from the Iberian Peninsula. *Mycological Progress*, 16:713-728.
- Goswami, H. K., Sen, K. y Mukhopadhyay, R. 2016. Pteridophytes: evolutionary boon as medicinal plants. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization. Plant Genetic Resources*, 14(4):328-355.
- Goswami, H. K., Sen, K., Mukhopadhyay, R. 2016. Pteridophytes: evolutionary boon as medicinal plants. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization. Plant Genetic Resources*, 14(4):328-355.
- Gouda, S., Das, G., Sen, K., Han-Seung, S., Kumar, J. 2016. Endophytes: A Treasure House of Bioactive Compounds of Medicinal Importance. *Frontiers in Microbiology*, 7:1-8.
- Grady, E. N., MacDonald, J., Liu, L., Richman, A., Ze-Chun, Y. 2016. Current knowledge and perspectives of *Paenibacillus*: a review. *Microbial Cell Factories*, 15:203.
- Gutiérrez-Flores, L. M., López-Reyes, L., Hipólito-Romero, E., Torres-Ramírez, E., Castañeda-Roldán, E. I., Mauricio-Gutiérrez, A. 2022. Biological control perspectives in the pine forest (*Pinus* spp.), an environmentally friendly alternative to the use of pesticides. *Mexican Journal of Phytopathology*, 40(3):1-24.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41:95-98.
- Han, X., Zheng, L., Chen-Yang, L., Wei-Na, J., Hong-Tao, W., Chun-Hua W. 2015. Phytochemical Constituents and Biological Activities of Plants from the Genus *Dryopteris*. *Chemistry & Biodiversity*, 12:1131-1162.
- Hande, P. R., Dongare, M. M. 2016. Rhizosphere and non-rhizosphere mycoflora of two ferns from Panhala Fort, Kolhapur, Maharashtra, India. *Journal of Threatened Taxa*, 8(3):8638-8640.
- Harwoko, H., Lee, J., Hartmann, R., Mándi, A., Kurtán, T., Müller, E. G., Feldbrügge, M., Kalscheuer, R., Ancheeva, E., Daletos, G., Frank, M., Liu, Z., Proksch, P. 2020. Azacoccones F-H, new flavipin-derived alkaloids from an endophytic fungus *Epicoccum nigrum* MK214079. *Fitoterapia*, 146:104698.
- Hassan, S. E. 2017. Plant growth-promoting activities for bacterial and fungal endophytes isolated from medicinal plant of *Teucrium polium* L. *Journal of Advanced Research*, 8(6):687-695.
- Hepden, P. 1960. Studies in vesicular-arbuscular endophytes: endophytes in the pteridophyta, with special reference to leptosporangiate ferns. *Transactions of the British Mycological Society*, 43(3):559-570.

- Hernández-Hernández, V., Terrazas, T., Delgadillo, C. 2009. The *Dryopteris patula* complex (Dryopteridaceae) in México: morphometric analyses. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, 85:103-112.
- Hernández-Zamudio, G., Sáenz-Mata, J., Moreno-Reséndez, A., Castañeda-Gaytán, G., Ogaz, A., Carballar-Hernández, S., Hernández-Cuevas, L. 2017. Dinámica de la diversidad temporal de los hongos micorrícicos arbusculares de *Larrea tridentata* (Sesse & Mocino ex DC) Coville en un ecosistema semiárido. *Revista Argentina de Microbiología*, 50(3):301-310.
- Hill, I., Park, D., Bridges, W., David White D. 2022. Soil water content and photosynthetically active radiation influences soil color assessment. *Geoderma Regional Available*, 31:e00581.
- Howard, R. L., Abotsi, E., Rensburg, E. L. J., Howard, S. 2003. Lignocellulose biotechnology: issues of bioconversion and enzyme production. *African Journal of Biotechnology*, 2(12):602-619.
- Huang, A., Teplitski, M., Rathinasabapathi, B., Lena, Ma. 2010. Characterization of arsenic-resistant bacteria from the rhizosphere of arsenic hyperaccumulator *Pteris vittata*. *Canadian Journal of Microbiology*, 56(3):236-246.
- Jackson, E., Echlin, H. y Jackson, C. 2006. Changes in the phyllosphere community of the resurrection fern, *Polypodium polypodioides*, associated with rainfall and wetting. *FEMS Microbiology Ecology*, 58:236-246.
- Jag, V., Poehlein, A., Bengelsdorf, F. R., Daniel, R., Dürre, P. 2017. Genome sequencing and description of *Oerskovia enterophila* VJag, an agar-and cellulose-degrading bacterium. *Standards in Genomic Sciences*, 14:12-30.
- Jarial, R., Thakur, S., Sakinah, M., Zularisam, A. W., Sharad, A. 2018. Potent anticancer, antioxidant and antibacterial activities of isolated flavonoids from *Asplenium nidus*. *Journal of King Saud University Science*, 30:185-192.
- Jin, Y. H., Jeon, S., Lee, J., Kim, S., Jang, M. S., Park, C. M., Song, J. H., Kim, H. R., Kwon, S. Anticoronaviral activity of the natural phloroglucinols, dryocrassin ABBA and filixic acid ABA from the rhizome of *Dryopteris crassirhizoma* by targeting the main protease of SARS-CoV-2. *Pharmaceutics*, 14(2):376.
- Juárez-Rosete, C. R., Aguilar-Castillo, J. A., Juárez-Rosete, M. E., Bugarín-Montoya, R., Juárez-López, P., Cruz, E. 2013. Hierbas aromáticas y medicinales en México: tradición e innovación. *Bio Ciencias*, 2:119-129.
- Karl, C., Pedersen, P. A. y Müller, G. 1981. Dryopterin, ein neuartiges C<sub>17</sub>-Flavan aus *Dryopteris filix-mas*. *Zeitschrift für Naturforschung C*, 36:607-610.
- Kim, B. C., Kim, M. N., Lee, K. H., Kwon, S. N., Bae, K. S. y Shin, K. S. 2009. *Paenibacillus filicis* sp. nov., isolated from the rhizosphere of the fern. *The Journal of Microbiology*, 45(5):524-529.

- Kloepper, J. W., Hu, C. H., Burkett-Cadena, M., Liu, K., Xu, J., McInroy, J. 2012. Increased populations of deleterious fluorescent pseudomonads colonizing rhizomes of leatherleaf fern (*Rumohra adiantiformis*) and expression of symptoms of fern distortion syndrome after application of Benlate systemic fungicide. *Applied Soil Ecology*, 61:236-246.
- Koske, R. E., Tessier, B. 1983. A convenient, permanent slide mounting medium. *Mycological Society of America Newsletter*, 34:59.
- Krieg, C. P., Chambers, S. M. 2022. The ecology and physiology of fern gametophytes: A methodological synthesis. *Applications in Plant Sciences*, 10:e11464.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35:1547-1549.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33:1870-1874.
- Lara-Pérez, L. A., Noa-Carrazana, J.C., Landa, A., Hernández-González, S., Oros-Ortega, I., Andrade-Torres, A. 2014. Colonización y estructura de la comunidad de hongos micorrízicos arbusculares en *Alsophila firma* (Cyatheaceae) en bosque mesófilo de montaña en Veracruz, México. *Revista de Biología Tropical*, 62(4):1609-1623.
- Lara-Pérez, L. A., Valdés-Baizabal, M., Noa-Carrazana, J. C., Zulueta-Rodríguez, R., Lara-Capistrán, L., Andrade-Torres, A. 2015. Mycorrhizal associations of ferns and lycopods of central Veracruz, Mexico. *Symbiosis*, 65:85-92.
- Lara-Pérez, L. A., Zulueta-Rodríguez, R., Andrade-Torres A. 2017. Micorriza arbuscular, Mucoromycotina y hongos septados oscuros en helechos y licófitas con distribución en México: una revisión global. *Revista de Biología Tropical*, 65(3):1062-1081.
- Lauber, C. L., Hamady, M., Knight, R., Fierer K. N. 2009. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 75 (15):5111-5120.
- Lehnert, M., Kottke, I., Setaro, S., Pazmiño, L. F., Suárez, J. P., Kessler, M. 2009. Mycorrhizal Associations in Ferns from Southern Ecuador. *American Fern Journal*, 99(4):292-306.
- Lehnert, M., Krug, M. y Kessler, M. 2017. A review of symbiotic fungal endophytes in lycophytes and ferns—a global phylogenetic and ecological perspective. *Symbiosis*, 71:77-89.
- Liarzi, O., Bar, E., Lewinsohn, E., Ezra, D. 2016. Use of the endophytic fungus *Daldinia cf. concentrica* and its volatiles as bio-control agents. *PLOS ONE*, 10:1-18.

- Ling, N., Wang, T., Kuzyakov, Y. 2022. Rhizosphere bacteriome structure and functions. *Nature Communications*, 13:836.
- Lodge, D. J., Fisher, P. J., Sutton, B. C. 1996. Endophytic fungi of *Manilkara bidentata* leaves in Puerto Rico. *Mycologia*, 88(5):733-738.
- Logan, N. A., de Vos, P. 2015. *Bacillus*. In: Bergey's Manual Trust (ed) Bergey's manual of systematics of archaea and bacteria. Wiley in association with Bergey's Manual Trust, Hoboken, pp.1-163.
- López-Hernández, J., García-Cárdenas, E., López-Bucio, J. S., Jiménez-Vázquez, K. R., Reyes de la Cruz, H., Ferrera-Rodríguez, O., Santos-Rodríguez, D. L., Ortiz-Castro, R., López-Bucio J. 2022. Screening of Phosphate Solubilization Identifies Six *Pseudomonas* species with Contrasting Phytostimulation Properties in *Arabidopsis* Seedlings. *Microbial Ecology*, 1: 1-15.
- Lorea, F., Riba, R. 1990. Guía para la recolección y preparación de ejemplares para herbario de Pteridofitas. Consejo Nacional de la Flora de México, A. C., 12 p.
- Mahmood, A., Mahmood, A., Malik, R. N. 2012. Indigenous knowledge of medicinal plants from Leepa valley, Azad Jammu and Kashmir, Pakistan. *Journal of Ethnopharmacology*, 143(1):338-346.
- Martínez-Rojas, V. 2015. Microorganismos del suelo y cinética de carbono en ecosistemas del Monte Tláloc. Tesis de Doctorado, Colegio de Postgraduados, 119 p.
- Martínez-Salas, E., Ramos, E. 2014. Biodiversidad de Pteridophyta en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85:110-113.
- Mehltreter, K. 2010. Fern Conservation. In: Mehltreter, K., Walker, L. R., Sharpe, J. M. (Eds.). *Fern Ecology*. Cambridge University Press. Cambridge, pp. 323-359.
- Mendes, R., Garbeva, P., Raaijmakers, J. M. 2013. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *Microbiology Reviews*, 37(5):634-663.
- Menéndez, V., Arbesú, R., Somer, M., Revilla, A., Fernández, H. 2011. From spore to sporophyte: how to proceed *in vitro*. In: Fernandez H., Kumar A., Revilla M. *Working with Ferns: Issues and Applications*. Springer New York Dordrecht Heidelberg London, 388 p.
- Mickel, J. T., Smith, A. R. 2004. The pteridophytes of Mexico. *Memoirs of the New York Botanical Garden* 88:1-1054.
- Mitter, B., Brader, G., Afzal, M., Compant, S., Naveed, M., Trognitz, F., Sessitsch, A. 2013. Advances in elucidating beneficial interactions between plants, soil, and Bacteria. *Advances in Agronomy*, 121:381-426.

- Mogollón, I., Moreno, S., Iturriaga, T., Taddei, A. 2013. Análisis químico preliminar y actividad antimicrobiana de los extractos obtenidos de cuatro especies del género *Xylaria*. *Avances en Ciencias e Ingeniería*, 4(1):75-83.
- Montero-Calasanz, M. C., Göker, M., Rohde, M., Spröer, C., Schumann P., Hans-Jürgen, B., Schmide, M., Klenk, H. P., Tindalla, J. B., Camacho. 2014. *Chryseobacterium oleae* sp. nov., an efficient plant growth promoting bacterium in the rooting induction of olive tree (*Olea europaea* L.) cuttings and emended descriptions of the genus. *Systematic and Applied Microbiology*, 37(5):342-350.
- Moran, R. C. 1995. Dryopteridaceae. *In*: Davidse, G., Sousa, M., Knapp, S (eds.). *Flora Mesoamericana*, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Missouri Botanical Garden & Natural History Museum, Londres, pp. 210-226.
- Moreno, A; García, V; Reyes, J; Vásquez, J; Cano, P. 2018. Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal: una alternativa de biofertilización para la agricultura sustentable. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 20(1):68-83.
- Moreno, E. C. 2001. Manual de métodos para medir la biodiversidad. Textos universitarios: Universidad Veracruzana. México, 84 p.
- Muthukumar, T., Prabha, K. 2013. Arbuscular mycorrhizal and septate endophyte fungal associations in lycophytes and ferns of south India. *Symbiosis*, 59:15-33.
- Muthukumar, T., Sathiyaraj, G., Priyadharsini, P., Kullaiyan, E. y Sathiyadash, K. 2014. Arbuscular mycorrhizal and dark septate endophyte fungal associations in ferns and lycophytes of Palni Hills, Western Ghats, Southern India. *Brazilian Journal of Botany*, 37(4):561-581.
- Nafees, M., Ullah, S., Burni, T. 2019. Vesicular arbuscular mycorrhizal (VAM) studies in six pteridophytes in district Buner. *International Journal of Botany Studies*, 4(5):98-101.
- Navarro-Noya, Y. E., Luna-Guido, M., Dendooven, L. 2016. Cultivable nitrogen fixing bacteria from extremely alkaline-saline soils. *Advances in Microbiology*, 6:412-423.
- Nazir, S., Khan, H., Khan, S. A., Alam, W., Ghaffar, R., Khan, S. H. A., Daglia, M. 2021. *In vivo* acute toxicity, laxative and antiulcer effect of the extract of *Dryopteris Ramose*. *Cellular and Molecular Biology*, 67(1):9-16.
- Nguyen, H. D., Chabot, D., Hirooka, Y., Roberson, R. W., Seifert, K. A. 2015. *Basidioascus undulatus*: genome, origins, and sexuality. *IMA Fungus*, 6(1):215-31.
- Nichols, D., Lewis, K., Orjala, J., Mo, S., Ortenberg, R., O'Connor, P., Zhao, C., Vouros, P., Kaeberlein, T., Epstein, S.S. 2008. Short peptide induces an "uncultivable" microorganism to grow *in vitro*. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(15):4889-4897.

- NOM-059-SEMARNAT. 2010. Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio <https://www.dof.gob.mx/normasOficiales>. Consultado en Julio 2022.
- Oehl, F., Sýkorová, Z., Redecker, D., Wiemken, A., Sieverding, E. 2006. *Acaulospora alpina*, a new arbuscular mycorrhizal fungal species characteristic for high mountainous and alpine regions of the Swiss Alps. *Mycologia*, 98:286-294.
- Ong, B. L., Kluge, M., Friemert, V. 1986. Crassulacean acid metabolism in the epiphytic ferns *Drymoglossum piloselloides* and *Pyrrosia longifolia*: studies on responses to environmental signals. *Plant, Cell and Environment*, 9:547-557.
- Ontivero, R. E., Risio Allione, L., Castellarini, F., Lugo, M.A. 2023. Composición de las comunidades de hongos micorrícicos arbusculares en diferentes usos de suelo en el Caldenal, Argentina. *Ecología Austral*, 33:095-107.
- Pacheco, L., Bautista, L. 2001. ¿Son los helechos una alternativa de alimentación? *Contactos*, 42:5-10.
- Palleroni, N. J. 2015. *Pseudomonas*. In: *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. Trujillo, M. E., Dedysh, S., DeVos, P., Hedlund, B., Kämpfer, P., Rainey, F. A., Whitman, W.B., pp.1-105.
- Park, M. S., Lee, J.W., Kim, S. H., Park, J. H., You, Y. H., Lim, Y. W. 2020. *Penicillium* from rhizosphere soil in terrestrial and coastal environments in South Korea. *Mycobiology*, 48(6):431-442.
- Pérez, A. S., Coto, O., Echemendía, M., Ávila, G. 2015. *Pseudomonas fluorescens* Migula, ¿control biológico o patógeno? *Protección Vegetal*, 30(3):225-234.
- Pérez-Luna, Y., Álvarez-Solís, J. D., Mendoza-Vega, J., Pat-Fernández, J. M., Gómez-Álvarez, R., Cuevas, L. 2012. Diversidad de hongos micorrícicos arbusculares en maíz con cultivo de cobertura y biofertilizantes en Chiapas, México. *Gayana Botánica*, 69(1):46-56.
- Pérez-Paredes, M. G., Sánchez-González, A., Tejero-Díez J. 2012. Listado de licopodios y helechos del municipio de Zacualtipán de Ángeles, Hidalgo, México. *Polibotánica*, 33:57-73.
- Petrini, O., Fisher, P., Petrin, L. 1992. Fungal endophytes of bracken (*Pteridium aquilinum*), with some reflections on their use in biological control. *Sydowia*, 44:282-293.
- Phillips, J. M., Hayman, D. S. 1970. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. *Mycological Society*, 55:158-161.
- Pikovskaya, R. I. 1984. Mobilization of phosphorus in soil connection with the vital activity of some microbial species. *Microbiology*, 17:362-370.

- Porras-Alfaro A., Bayman P. 2011. Hidden fungi, emergent properties: endophytes and microbiomes. *Annual Review of Phytopathology*, 49:291-315.
- Pressel, S., Bidartondo, M., Field, K., Rimington, W., Duckett, J. 2016. Pteridophyte fungal associations: Current knowledge and future perspectives. *Journal of Systematics and Evolution*, 54:666-678.
- Qi, S., Wang, J., Wan, L., Dai, Z., Silva Matos, D. M., Du, D., Egan, S., Bonser, S. P., Thomas, T., Moles, A. T. 2022. Arbuscular mycorrhizal fungi contribute to phosphorous uptake and allocation strategies of *Solidago canadensis* in a phosphorous-deficient environment. *Frontiers in Plant Science*, 13:831654.
- Qin, Y., Wang, D., Brandt, K. K., Rensing C. 2016. Two draft genome sequences of *Pseudomonas jessenii* strains isolated from a copper contaminated site in Denmark. *Standards in Genomic Sciences*, 3:11-16.
- Quisehuatl-Tepexicuapan, E., Ferrera-Cerrato, Silva-Rojas, H. V., Rodriguez-Zaragoza, S., Alarcón, A., Almaraz-Suárez, J. J. 2016. Free-living culturable bacteria and protozoa from the rhizoplanes of three floating aquatic plant species, *Plant Biosystems. An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology*, 150(5):855-865.
- Ramírez-Gama, R. M., Urzúa, A., Camacho, G., Tsuzuki, R., Esquível, R. 2015. Técnicas básicas de microbiología y su fundamento. Editorial Trillas. México, D.F. 375 p.
- Rathod, D., Dar, M., Gade, A., Shrivastava, R., Rai, M., Varma, A. 2013. Biotechnology for Medicinal Plants. *In: Microbial Endophytes: Progress and Challenges*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg. pp. 101-122.
- Rennie, R. J. 1981. A single medium for the isolation of acetylenereducing (dinitrogen-fixing) bacteria from soils. *Canadian Journal of Microbiology*, 27:8-14.
- Reyes-Jaramillo, I., Mendoza, A. 2004. Apogamia en *Dryopteris munchii* (Dryopteridaceae). *Polibotánica*, (18):99-110.
- Riba, R. 1988. Mexican pteridophytes: distribution and endemism. *In: Ramamoorthy, R. Bye. (eds.) Diversidad biológica de México: orígenes y distribución*. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. pp. 379-383.
- Riddell, R. W. 1950. Permanent stained mycological preparations obtained by slide Culture. *Mycologia*, 42: 265-270.
- Rodríguez, F. H., Rodríguez, A. F. 2015. Métodos de análisis de suelos y plantas: criterios de interpretación. 3ª ed. México: Trillas: UANL., 288 p.
- Rodríguez, L., Pacheco, L., Zavala J. A. 2008. Pteridofitas indicadoras de alteración ambiental en el bosque templado de San Jerónimo Amanalco, Texcoco, México. *Revista de Biología Tropical*, 56(2):641-656.



- Rodzi, R., Cheah, Y., Ooi, K., Othman, F., Mohtarrudin, N., Tohid, S., Suhaili, Z., Zakaria, Z. 2013. Chemopreventive potential of methanol extract of *Dicranopteris linearis* leaf on DMBA/croton oil-induced mouse skin carcinogenesis. *African Journal of Pharmacy and Pharmacology*, 7(35):2484-2498.
- Rouphael, Y., Franken, P., Schneider, C., Schwarz, D., Giovannetti, M., Agnolucci, M., De Pascale, S., Bonini, P., Colla, G. 2015. Arbuscular mycorrhizal fungi as biostimulants in crops. *Scientia Horticulturae*, 196:91-108.
- Sah, S., Singh, R. 2016. Phylogenetical coherence of *Pseudomonas* in unexplored soils of Himalayan region. *3 Biotech*, 6(2):170.
- Sah, S., Krishnani, S., Singh, R. 2021. *Pseudomonas* mediated nutritional and growth promotional activities for sustainable food security. *Current Research in Microbial Sciences*, 2: 100084.
- Sánchez, A., López, L. 2003. Clasificación y ordenación de la vegetación del norte de la Sierra Nevada, a lo largo de un gradiente altitudinal. *Anales del Instituto de Biología. Serie Botánica*, 74(1):47-71.
- Sánchez-Fernández, R., Sánchez-Ortiz, B., Sandoval-Espinosa, Y., Ulloa-Benítez, A., Armendáriz-Guillén, B., García-Méndez, M., Macías-Rubalcava, M. 2013. Hongos endófitos: fuente potencial de metabolitos secundarios bioactivos con utilidad. *Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, 16(2):132-146.
- Sánchez-González, A., Álvarez-Zúñiga, E., López-Mata, L. 2016. Diversity and distribution patterns of ferns and lycophytes in a cloud forest in Mexico. *Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y del Ambiente*, 22(3):235-253.
- Sánchez-Viveros, G. 2020. Técnicas de estudio de *Azolla-Anabaena Azollae*. *In: Microbiología aplicada a la agricultura y agroecosistemas, principio y técnicas para su investigación*. Ferrera-Cerrato, R., Alarcón, A., Moreno-Pérez, J., Delgadillo-Martínez, J., Alvarado-López, J., Almaraz Suárez, J.J. Editorial: Colegio de Postgraduados. pp. 425-442.
- Santos, J. 2016. Estudio de la actividad biológica de *Pleopeltis crassinervata* (Fée) T. Moore. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa. Ciudad de México. pp. 21-23.
- Sareen, B., Thapa, P., Joshi, R., Bhattacharya, A. 2019. Proteome analysis of the gametophytes of a western Himalayan fern *Diplazium maximum* reveals their adaptive responses to changes in their micro-environment. *Frontiers in Plant Science*, 10:1623.
- SAS. 2002. Statistical Analysis System. Software: the SAS System for Windows version 9.0. SAS Institute Inc., Cary, NC 25513, USA.
- Sasse, J., Martinoia, E., Northen, T. 2017. Feed your friends: do plant exudates shape the root microbiome? *Trends in Plant Science*, 23(1):25-41.

- Schenck N. C., Pérez Y. 1990. Manual for the identification of VA mycorrhizal fungi. Published by Synergistic Publications Gainesville, USA. 286 p.
- Schüßler, A., Schwarzott, D., Walker, C. A. 2001. New fungal phylum, the Glomeromycota: Phylogeny and evolution. *Mycological Research*, 105:1413-1421.
- Schüßler, A., Walker, C. 2010. The Glomeromycota: a species list with new families and new genera. Gloucester, U. K., 56 p.
- Sen, A., Battacharya, M. K., Prasad, H. K., Sharma, G. D. 2018. Plant growth promoting activities of rhizosphere bacteria from two ferns *Pronephrium nudatum* (Roxb.) Holttum. and *Bolbitis heteroclita* (C. Presl) Ching: an analysis of ferns-rhizosphere relationship. *Indian Journal of Experimental Biology*, 56:267-273.
- Sessa E. B., Givnish T. J. 2014. Leaf form and photosynthetic physiology of *Dryopteris* species distributed along light gradients in eastern North America. *Functional Ecology*, 28:108-123.
- Sessa, E. B., Zimmer A. E., Givnish T. J. 2012. Phylogeny, divergence times, and historical biogeography of new world *Dryopteris* (Dryopteridaceae). *American Journal of Botany*, 99(4):730-750.
- Smercina, D. N., Evans, S. E., Friesen, M. L., Tiemann, L. K. 2019. To fix or not to fix controls on free-living nitrogen fixation in the rhizosphere. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(6):e02546-18.
- Srivastava, S., Paul, A. K. 2016. Associated microflora of medicinal ferns: biotechnological potentials and possible applications. *International Journal of Bioassays*, 5(3):4927-4943.
- Subba, R. 1992. Biofertilizer in agriculture. Narosa Publishing House. New Delhi. India, pp. 4-9.
- Surono, Narisawa, K. 2017. The dark septate endophytic fungus *Phialocephala fortinii* is a potential decomposer of soil organic compounds and a promoter of *Asparagus officinalis* growth. *Fungal Ecology*, 28:1-10.
- Taguiam, J. D., Evallo, E., Balendres, M. A. 2021. *Epicoccum* species: ubiquitous plant pathogens and effective biological control agents. *European Journal of Plant Pathology*, 159:713-725.
- Tamura, K., Nei, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10:512-526.
- Tejero-Díez, J. D., Torres-Díaz, A. N. 2016. Licopodios y helechos (Pteridobionta). *In: La biodiversidad en la Ciudad de México*. Conabio/Sedema, México, Vol. II, pp. 87-98.
- Tejero-Díez, J. D., Torres A., Gual, M. 2014. Licopodios y helechos en el bosque mesófilo de montaña de México. *In: Bosques Mesófilos de Montaña de México: diversidad,*

- ecología y manejo. Gual-Díaz, M. y Rendón-Correa A. Conabio/Sedema, México, pp 197-217.
- Thomas, D. C., Vandegrift, R., Ludden, A., Carroll, G. C., Roy, B. A. 2016. Spatial ecology of the fungal genus *Xylaria* in a tropical cloud forest. *Biotropica*, 48(3):381-393.
- Varela-Fregoso, L., Mora-Velázquez, A., Chávez-Hernández, C., Martínez-Bernal, A., Sánchez, R., Chimal-Sánchez, E., Montaña, N. 2017. *Acaulospora alpina* y *Ambispora fennica*, dos registros nuevos de hongos micorrizógenos arbusculares para México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 88(3):496-501.
- Vázquez-Ramírez, M. A., Meléndez-Camargo, M. E., Arreguín, M. L. 2005. Estudio etnobotánico de *Selaginella lepidophylla* (Hook. et Grev.) Spring (Selaginellaceae-Pteridophyta) en San José Xicohtécatl, municipio de Huamantla, Tlaxcala, México. *Polibotánica*, 19:105-115.
- Vedder E. B. 1915. Starch agar, a useful culture medium. *The Journal of Infectious Diseases*, 16:385-388.
- Velázquez-Montes, E. 2022. Flora de Guerrero, Dryopteridaceae (Pteridophyta). 92:1-96.
- Venugopalan, A., Srivastava, S. 2015. Endophytes as in vitro production platforms of high value plant secondary metabolites. *Biotechnology Advances*, 33:873-887.
- Verhille, S., Baida, N., Dabboussi, F., Izard, D., Leclerc, H. 1999. Taxonomic study of bacteria isolated from natural mineral waters: proposal of *Pseudomonas jessenii* sp. nov. and *Pseudomonas mandelii* sp. nov. *systematic and applied microbiology*, 22(1):45-58.
- Von Ziegler Muñoz, B. P., Espinosa Aguilar, T. C., Islas García, A. 2022. Aplicación de hongos ligninolíticos para la biorremediación de aguas contaminadas con colorantes. *Contactos, Revista de Educación en Ciencias e Ingeniería*, 124:15-33.
- Walkley, A., Black, I. A. 1934. An examination of Degtjareff method for determining soil organic matter and a proposed modification of the chromic acid titration method. *Soil Science*, 37:29-38.
- Watrud, L. S., Maggard, S., Shiroyama, T., Coleman, C. G., Johnson, M. G., Donegan, K. K., Giovanni, G. D., Porteous, A. L., Henry, E. L. 2003. Bracken (*Pteridium aquilinum* L.) frond biomass and rhizosphere microbial community characteristics are correlated to edaphic factors. *Plant and Soil*, 249:359-371.
- Yang, Q., Tu, S., Wang, G., Liao, X., Yan, X. 2012. Effectiveness of applying arsenate reducing bacteria to enhance arsenic removal from polluted soils by *Pteris vittata* L., *International Journal of Phytoremediation*, 14(1):89-99.
- Yanguí, I., Boutiti, M., Vettraino, A. M., Bruni, N., Vannini, A., Jamaa, M., Boussaid, M., Messaoud, C. 2021. *Biscogniauxia mediterranea* associated with cork oak (*Quercus suber*) in Tunisia: Relationships between phenotypic variation, genetic diversity and ecological factors. *Fungal Ecology*, 41:224-233.

Zakaria, Z. A., Mohamed, A. M., Mohd, M. S., Rofiee, M. S., Somchit, M. N., Zuraini, A., Arifah, A. K., Sulaiman, M. R. 2011. *In vitro* cytotoxic and antioxidant properties of the aqueous, chloroform and methanol extracts of *Dicranopteris linearis* leaves. African Journal of Biotechnology, 10(2):273-282.

Zin, N. A., Badaluddin, A. B. 2020. Biological functions of *Trichoderma* spp. for agriculture applications. Annals of Agricultural Sciences, 65(2):168-178.

## ANEXOS

**A1.** Características morfológicas macro y microscópicas de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. Fila sombreada corresponde a las cepas que perdieron viabilidad.

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
1	P1, SP1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	1	ondulado	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
2	P2, SP2	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	circular	verde claro	3	crenado	lisa	umbonada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
3	P2, SP3	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	beige	2	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
4	P3, SP4	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	1	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
5	P3, SP5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	3	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
6	P3, SP6	<i>Paraburkholderia</i> sp.	circular	crema	0.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	recto
7	P3, SP7	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	circular	amarillo claro	4	entero	lisa	elevada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
8	P4, SP8	<i>Paraburkholderia</i> sp.	circular	crema	1	ondulado	rugosa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
9	P4, SP9	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	circular	amarilla	1	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	rectos
10	P5, SP10	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	0.5	entero	rugosa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	rectos
11	P5, SP11	<i>Pseudomonas kribbensis</i>	circular	rosa	0.5	entero	rugosa	pulvinada	butirosa	húmeda	positiva	estreptobacilo	redondos
12	P6, SP12	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	circular	crema	3.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
13	P7, SP13	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	circular	amarilla claro	0.5	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
14	P7, SP14	<i>Caballeronia choica</i>	circular	crema	0.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
15	P7, SP15	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	amarillo claro	0.5	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	puntiagudo
16	P7, SP16	<i>Pseudomonas jessenii</i>	fusiforme	verde claro	5	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
17	P8, SP17	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	beige	2.5	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
18	P15, SP18	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	crema	1	ondulado	lisa	convexa	butirosa	seca	negativa	bacilo	redondos
19	P9, SP19	<i>Buttiauxella</i> sp.	circular	verde claro	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
20	P9, SP20	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	verde fluorescente	2	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	puntiagudo
21	P9, SP21	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	blanca	1	entero	rugosa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
22	P10, SP22	<i>Serratia quinivorans</i>	circular	blanca	1	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	rectos
23	P11, SP23	<i>Pseudomonas canadensis</i>	circular	verde fluorescente	1	entero	papilar	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
24	P11, SP24	<i>Buttiauxella</i> sp.	circular	crema	0.5	entero	rugosa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	puntiagudo
25	P11, SP25	<i>Buttiauxella</i> sp.	circular	crema	0.8	entero	papilar	pulvinada	viscosa	seca	negativa	cocobacilo	rectos
26	P12, SP26	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	0.5	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	puntiagudo
27	P12, SP27	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	0.5	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
28	P13, SP28	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	1	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
29	P13, SP29	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	0.3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
30	P13, SP30	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	rosa claro	1	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
31	P31, SP31	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	circular	crema	1	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
32	P14, SP32	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	circular	rosa	1.5	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
33	P14, SP33	<i>Rahnella</i> sp.	circular	crema	1	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
34	P14, SP34	<i>Pseudomonas edaphica</i>	circular	verde claro	2	entero	lisa	plana	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
35	P14, SP35	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	amarillo claro	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
36	P15, SP36	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	blanca-amarilla	0.5	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
37	P15, SP37	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	verde claro	2.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
38	P15, SP38	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	blanca	3	crenado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	bacilo	redondos
39	P16, SP39	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	verde claro	0.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
40	P16, SP40	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	crema	1.2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
41	P16, SP41	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	crema	0.3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
42	P16, SP42	<i>Paraburkholderia</i> sp.	circular	rosa claro	1	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	diplococos	
43	P1, 2	<i>Buttiauxella</i> sp.	circular	beige	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
44	P1, 3	<i>Pseudomonas corrugata</i>	circular	verde claro	2	ondulado	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
45	P1, 4	<i>Flavobacterium</i> sp.	circular	anaranjado	2	crenado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
46	P1, 7	<i>Agromyces fucosus</i>	circular	amarillo fluorescente	2	filamentoso	lisa	pulvinada	Viscosa	húmeda	positiva	bacilo	puntiagudo
47	P1, 8	<i>Roseomonas rhizosphaerae</i>	circular	beige	3	lobulado	rugosa	elevada	butirosa	seca	negativa	estreptobacilo	redondos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
48	P1, 9	<i>Arthrobacter oryzae</i>	circular	blanca	1	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	positiva	cocobacilo	rectos
49	P2, 2	<i>Pedobacter</i> sp.	circular	rosa claro	2	ondulado	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
50	P2, 5	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	circular	amarillo claro	4	ondulado	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
51	P2, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	hialina	6	lobulado	rugosa	plana	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
52	P2, 7	<i>Pseudomonas carnis</i>	circular	beige	3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
53	P2, 8	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	hialina	5	lobulado	rugosa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
54	P4, 3	<i>Pseudomonas granadensis</i>	circular	rosa claro	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
55	P4, 4	<i>Pseudomonas moraviensis</i>	circular	amarillo claro	2	lobulado	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
56	P4, 5	<i>Pseudomonas sivasensis</i>	circular	verde claro	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
57	P4, 6	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	amarillo claro	3	lobulado	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
58	P4, 7	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	blanca	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
59	P4, 8	<i>Variovorax boronicumulans</i>	circular	amarillo claro	2	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	puntiagudo
60	P7, 1	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	circular	blanca	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	bacilo	redondos
61	P7, 2	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>	circular	amarilla	3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
62	P7, 3	<i>Pseudomonas canadensis</i>	circular	verde fluorescente	1	crenado	lisa	elevada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
63	P7, 5	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	hialina	4	lobulado	rugosa	umbonada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
64	P7, 8	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	circular	anaranjado	2	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	estreptobacilo	rectos



N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
65	P7, 11	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarilla	4	ondulado	lisa	convexa	viscosa	húmeda	positiva	bacilo	redondos
66	P8, 1	<i>Aeromonas aquatica</i>	circular	amarilla	3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
67	P8, 2-1	<i>Buttiauxella</i>	circular	amarilla	1	ondulado	papilar	umbonada	viscosa	húmeda	positiva	estreptobacilo	rectos
68	P8, 2-2	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	hialina	5	lobulado	rugosa	umbonada	viscosa	húmeda	positiva	bacilo	redondos
69	P8, 4	( <i>Brevibacterium</i> ) <i>frigoritolerans strain</i>	circular	amarilla	5	lobulado	papilar	umbonada	viscosa	seca	negativa	bacilo	rectos
70	P8, 5	<i>Bacillus licheniformis</i>	circular	blanca	3	ondulado	lisa	convexa	butirosa	seca	positiva	bacilo	rectos
71	P8, 6	<i>Aeromonas aquatica</i>	circular	amarilla	3	ondulado	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
72	P8, 9	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	café claro	12	lobulado	lisa	plana	viscosa	húmeda	positiva	estreptobacilo	rectos
73	P5, 2	<i>Pseudomonas crudilactis</i>	circular	verde claro	1	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
74	P5, 3-2	<i>Peribacillus butanolivorans</i>	circular	beige	2.5	crenado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	estreptobacilo	rectos
75	P5, 4	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	hialina	1	ondulado	lisa	plana	butirosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
76	P5, 5	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	amarillo claro	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
77	P5, 8	<i>Serratia quinivorans</i>	circular	beige	2	ondulado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
78	P5, 10	<i>Pseudomonas mohnii</i>	circular	amarillo claro	4	ondulado	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
79	P6, 1	<i>Peribacillus simplex</i>	circular	blanca	3	ondulado	papilar	plana	butirosa	seca	negativa	estreptobacilo	rectos
80	P6, 2-1	<i>Bacillus flexus</i>	circular	beige	2	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	puntiaguado
81	P6, 4	<i>Variovorax ginsengisoli</i>	circular	amarillo	0.5	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	puntiaguado
82	P6, 6	<i>Serratia quinivorans</i>	circular	beige	0.5	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
83	P6, 8	<i>Pseudomonas baetica</i>	circular	café claro (el medio lo cubía a café)	5	crenado	papilar	elevada	viscosa	seca	negativa	bacilo	redondos
84	P6, 11	<i>Pseudomonas baetica</i>	circular	hialina (el medio lo cubía a café)	4	crenado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
85	P6, 12	<i>Pseudomonas baetica</i>	circular	amarillo claro	3	lobulado	papilar	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
86	P6, 13	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	amarillo claro	4	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
87	P6, 14	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	circular	amarillo fuerte	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
88	P6, 15	<i>Pseudomonas granadensis</i>	circular	rosa claro	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
89	P9, 1	<i>Pseudomonas fragi</i>	circular	beige	1	crenado	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
90	P9, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	circular	amarillo claro	3	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	positiva	bacilo	rectos
91	P9, 8	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	circular	hialina	5	ondulado	lisa	elevada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
92	P9, 11	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	circular	amarillo	3	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
93	P9, 2	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	circular	hialina	1	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
94	P14, 6	<i>Buttiauxella</i> sp.	pusiforme	hialina	2	entero	papilar	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	recto
95	P10, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	circular	verde claro	3	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
96	P10, 10	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>	circular	anaranjado	3	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
97	P11, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	hialina (el medio lo cubia a café)	6	lobulado	rugosa	umbonada	viscosa	húmeda	negativa	estreptobacilo	redondos
98	P11, 2	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarillo claro	4	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
99	P11, 4	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	circular	verde claro	0.5	entero	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
100	P11, 6	<i>Bacillus nakamurai</i>	ameboide	hialina (el medio lo cubia a café)	8	lobulado	rugosa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	estreptobacilo	redondos
101	P11, 7	<i>Oerskovia enterophila</i>	circular	amarillo	1	filamentoso	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	diplococos	
102	P12, 1	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	verde claro	5	ondulado	papilar	elevada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
103	P12, 2	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	verde claro	4	ondulado	lisa	plana	butirosa	seca	negativa	cocobacilo	redondos
104	P12, 3	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarillo claro	3	crenado	papilar	umbonada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	recto
105	P13, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarillo claro	3	entero	lisa	elevada	viscosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
106	P13, 2	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	crema	4	ondulado	lisa	elevada	butirosa	húmeda	negativa	diplococos	
107	P13, 3	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	circular	anaranjado	2	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	bacilo	rectos
108	P13, 5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarillo claro	4	ondulado	papilar	umbonada	viscosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
109	P13, 6	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	circular	anaranjado	2	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	positiva	bacilo	rectos
110	P14, 2	<i>Chryseobacterium shigense</i>	circular	amarillo	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos

N°	Clave	Identificación molecular	Forma	Color	Tamaño (mm)	Borde	Superficie	Elevación	Consistencia	Aspecto	Reacción Gram	Forma	Extremos
111	P14, 3	<i>Paenibacillus thalictri</i>	circular	perlado	2	entero	papilar	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	rectos
112	P14, 4	<i>Arthrobacter oryzae</i>	circular	blanca	3	ondulado	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
113	P14, 5	<i>Pseudomonas corrugata</i>	circular	blanca	1	entero	lisa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	estreptobacilo	recto
114	P15, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	verde claro	2	ondulado	lisa	pulvinada	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
115	P15, 4	<i>Oerskovia enterophila</i>	circular	crema	3	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
116	P15, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	circular	amarillo claro	3	ondulado	lisa	elevada	butirosa	húmeda	positiva	diplococos	-
117	P15, 8	<i>Aeromonas encheleia</i>	circular	café	2	crenado	rugosa	umbonada	butirosa	seca	negativa	cocobacilo	redondos
118	P10, 2	<i>Pseudomonas baetica</i>	circular	verde claro	2	ondulado	rugosa	convexa	butirosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
119	P10, 7	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>	circular	crema	1.5	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	diplococos	-
120	P13, 4	<i>Pseudomonas reactans</i>	circular	amarillo claro	2	crenado	lisa	umbonada	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
121	P14, 1	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	aperlado	6	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	negativa	bacilo	redondos
122	P15, 3-1	<i>Bacillus paralicheniformis</i>	circular	amarillo	2	entero	lisa	convexa	viscosa	húmeda	positiva	diplococos	-
123	P16, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	circular	amarillo-azul	3	entero	lisa	pulvinada	viscosa	húmeda	positiva	cocobacilo	redondos
124	P16, 8	<i>Pseudomonas</i> sp.	circular	rosa claro	2	entero	rugosa	convexa	viscosa	húmeda	negativa	cocobacilo	redondos
125	P3, 2	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>	circular	pajizo	4.5	ondulado	lisa	umbonada	butirosa	húmeda	positiva	bacilo	redondos

**A2. Secuencias 16s DNA correspondientes a cepas de bacterias aisladas de la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm.**

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
1	P1, SP1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>CATGATGACTTGACGTCATCTCCACCTTCCTcCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCC            TTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTT            ACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC            CTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCCATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGT            CAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACC            GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA            CCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCC            AACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTT            TGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTT            CGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTC            CACCACCTCTACCATACTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTG            AGCCCGGGGCTTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCC            CAGTAATTCGGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACA            GAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTT            AATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACAC            ACGCGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCT            GCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCT            CTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTGGTGGAGCCATTACCTCACCACCTAGC            TAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCTGCTTTC            TCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTTTGAAACGTTGTCCCCACTA            CCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCCGCTGAATTCAGAGCAA            GCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCCTGCCGCCAGCGTTCAAT            CTGAGCCAGGAT</p>
2	P2, SP2	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	<p>ACGATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCTCTGTAC            CGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGAC            GTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCAC            CATTACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACC            CAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTT            CCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCGTTGTA            AGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGC            CCCCCTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCAGGCGTACTCCCCAGGCGGTCAA            CTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGA            CATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCT            TTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGT            CCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCTCTAC            CATACTAGCTCGTCAAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTGAGCCGGGCTTT            CACATCCAACCTAACGAACCACTACGCGCGCTTTACGCCAGCTTAATTCGATT            AACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGC            TTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCC            AACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGG            ATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTC            TGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGG            ATCGTCGCCTTGGTGGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCT            CATCTGATAGCGCAAGGCCGAAGGTCCTTCTCCCGTAGGACGATG            CGGTATTAGCGTTCTTTGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTTAG            GCATTACTACCCGTCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCT            CGACTTGCATGTGTTAGGCCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAA            CTCT</p>
3	P2, SP3	<i>Pseudomonas sp.</i>	<p>TTAGACTAGCTACTTCTGGTGAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTG            TACAAGGCCCGGGAACGTATTACCCGCGACATTCTGATTCCGCGATTACTAGCG            ATTCGACTTACGCGAGTCCGATGTCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTT            TTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCTCTGTACCGACCTTGT            AGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGCAGTATCCCCA            CCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCTTAACGTGC            TGTAACCTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCA          CCAATCCATCTCTGGAAAGTTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGC          GTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGCGGGCCCGCTCAATT          CATTGAGTTTTAACCTTGC GGCGTACTCCCCAGGCGTCAACTTAATGCGTT          AGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACG          GCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTC          AGTGTCAAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATAT          CTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTCTACCATACTCTAGC          TTGTCAGTTTTGAATGCAGTTCCCAGGTTGAGCCCCGGGCTTTCACATCCAAC          TAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCAC          CCTCTGTATTACCGCGGCTGTGGCACAGAGTTAGCCGGTCTTATTCTGTCG          GTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGT          GCTTTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTT          TCGCCCATTGTCCAATATCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGT          GTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGC          CTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATA          GCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTAGCGGATTAG          CGTTCTTTGAAACGTTGTCCCACTACCAGGCAGTTCTAGCGATTACT          ACCCGTCCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCA          TGTGTTAGGCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
4	P3, SP4	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTG          GGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCAC          GTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTC          CTCCGGTTTTGCACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTA          ACTAAGGACAAGGGTTGCGCTGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACGACA          CGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCCAT          CCATCTCTGGAAGTTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGC          TTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTG          AGTTTTAACCTTGC GGCGTACTCCCCAGGCGTCAACTTAATGCGTTAGCTG          CGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTG          GACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCAACGCTTTCGCACCTCAGTGTG          AGTATCCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGC          ATTTACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCATACTAGCCTTGTC          GTTTTGAATGCAGTTCCCAGGTTGAGCCCCGGGCTTTCACATCCAACCTAACAA          ACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCT          GTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAAC          GTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTA          CAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCC          ATTGTCCAATATCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGCTGGACGCTGTCTCA          GTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGT          GAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCA          AGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTC          CTTTCGAAACGTTGTCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCG          TCCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGT          TAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
5	P3, SP5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGT          TTTAACCTTGC GGCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGC          CACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGAGTAGTAGACATCGTTTACGGCGTGGAC          TACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCAACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGT          ATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATT          TCACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCATACTCTAGCTCGTCAAGT          TTGAATGCAGTTCCCAGGTTGAGCCCCGGGCTTTCACATCCAACCTAACGAAC          CACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTA          TTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGATGCGGTAACGTA          AAAACAGCAACGTTAAGTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTCTTTACAA          TCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATT          GTCCAATATCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTT          CCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAG          CCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGG          CCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
6	P3, SP6	<i>Paraburkholderia</i> sp.	<p>TCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTC CGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA GGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATTCAAACCTCT</p> <p>CCCAGTCATGAATCCTACCGTGGTGACCGTCCTCCTTGCGGTTAGACTAGCCA CTTCTGGTAAAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGG GAACGATTACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCA CGCACTCGAGTTGCAGAGTGCATCCGGACTACGATCGGTTTTCTGGGATTGG CTCCCCCTCGCGGGTTGGCGACCCTCTGTTCCGACCATTGTATGACGTGTGAA GCCCTACCCATAAGGGCCATGAGGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGT TTGTCACCGGCAGTCTCCCTAGAGTGCTCTTGGTAGCAACTAGGGACAAGGG TTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATCTCAGCACAGAGCTGACGACAG CCATGCAGCACCTGTGTTATGGCTCCCTTTCCGGCACCCCGGCCCTCTCAGCCA GGTTCATACATGTCAAGGGTAGGTAAGGTTTTTCGCGTTGCATCGAATTAATC CACATCATCCACCGCTTGTGCGGGTCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCTT GCGACCGTACTCCCAGGCGGTCAACTTCACGCGTTAGCTACGTTACCAAGTC AATGAAGACCCGACAAGTGTGACATCGTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTA TCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTTCGTGCATGAGCGTCAGTATTGGCCAG GGGGTGCCTTCGCCATCGTATTCCTCCACATCTCAGCATTCACTGCTAC ACGTGGAATTCACCCCCCTCTGCCATACTCTAGCCGCCAGTCACAAATGCA GTTCCCAGGTTAAGCCCGGGGATTTACATCTGTCTTAGCGAACCAGCTGCGC ACGCTTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTACGTTACCAGCGG CTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGTGCTTATTCTTCCGGTACCGTCATCCCCAC GGGTATTAACCACGAGTTTTCTTTCCGGACAAAAGTGCTTTACAACCCGAAGG CCTTCTTACACACGCGGCATTGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTGTCCAAAAT TCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTCTCAGTCCCAGTGTG GCTGGTGCCTCTCAGACCAGCTACAGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTTACC CCACCAACTAGCTAATCTGCCATCGGCCGCCCTGTAGCGCGAGGTCCGAAG ATCCCCCGCTTTCATCCACAGATCGTATGCGGTATTAATCCGGCTTTCCGCCG GCTATCCCCACTACAGGACACGTTCCGATGTATTACTACCCGTTCCGCCACTC GCCACCAGGGTTGCCCCCGTGCTGCCGTTGCACTTGCATGTGTAAGGCATGC CGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
7	P3, SP7	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	<p>CAATCCATATCTGGAAAGTTCATGGATGTCAAGGCTGGTAAGGTTCTTCGCG TTGCTTCAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCA TTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCAGGCTCAACTTAATGCGTTAG CTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTAGACATCGTATACGGC GTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCCGACCTCAGT GTCAGTATCAGTCCAGGTGGTCCGCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTA CGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATACTCTAGCTCG TCAGTTTTGAATGCAGTCCCAGGTTGAGCCCGGGCTTTCCATCCAACTTAA CGAACCACTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGTTGACCC TCTGTATTACCGCGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTCTATTCTGTGCGT AACGTCAAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGC TTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTC GCCATTGTCCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGT CTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTT GGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGC GCAAGGCCCGAAGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGATGCGGTATTAGCG TTCTTTTCAAAACGTTGTCCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCAC CCGTCCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATG TGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
8	P4, SP8	<i>Paraburkholderia</i> sp.	<p>CCCAGTCATGAATCCTACCGTGGTGACCGTCCTCCTTGCGGTTAGACTAGCCA CTTCTGGTAAAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGG GAACGATTACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCA CGCACTCGAGTTGCAGAGTGCATCCGGACTACGATCGGTTTTCTGGGATTGG CTCCCCCTCGCGGGTTGGCGACCCTCTGTTCCGACCATTGTATGACGTGTGAA GCCCTACCCATAAGGGCCATGAGGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGT TTGTCACCGGCAGTCTCCCTAGAGTGCTCTTGGTAGCAACTAGGGACAAGGG TTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATCTCAGCACAGAGCTGACGACAG CCATGCAGCACCTGTGTTATGGCTCCCTTTCCGGCACCCCGGCCCTCTCAGCCA GGTTCATACATGTCAAGGGTAGGTAAGGTTTTTCGCGTTGCATCGAATTAATC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CACATCATCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTC AATTCCTTTGAGTTTTAATCTT GCGACCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTCACGCGTTAGCTACGTTACCAAGTC AATGAAGACCCGACAAC TAGTTGACATCGTTTAGGGCGTGGACTACCGGGTA TCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTGCGTGCATGAGCGTCAGTATTGGCCAG GGGGCTGCCTTCGCCATCGGTATTCTCCACATCTCTACGCATTTCACTGCTAC ACGTGGAATTCTACCCCCCTCTGCCATACTCTAGCCCGCCAGTCACAAATGCA GTTCCAGGTTAAGCCCGGGGATTTTACATCTGTCTTAGCGAACC CGCTGCGC ACGCTTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTACGTATTACCGCGG CTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGTGCTTATTCTTCCGGTACCGTCATCCCCAC GGGTATTAACCACGAGGTTTTCTTTCCGGACAAAAGTGCTTTACAACCCGAAGG CCTTCTCACACACGCGCATGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTGTCGCAAAAT TCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTG GCTGGTCGTCCTCTCAGACCAGCTACAGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTTACC CCACCAACTAGCTAATCTGCCATCGGCCGCCCTGTAGCGCGAGGTCCGAAG ATCCCCCGCTTTTATCCACAGATCGTATGCGGTATTAATCCGGCTTTGCGCCGG GCTATCCCCACTACAGGACACGTTCCGATGTATTACTACCCGTTGCGCCACTC GCCACCAGGTTGCCCCGTGCTGCCGTTGCAATGTCATGTGTAAGGCATGC CGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA
9	P4, SP9	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	TGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCC TCCGGTTTGTCAACGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAA CTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACAC GAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATC CATCTCTGGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCT TCGAATTAACCACATGCTCCACCCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGA GTTTTAACCTTGGCGCCGTA CTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGC GCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGG ACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCCACGCTTTGCGACCTCAGTGTCA GTATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCA TTTACCAGTACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATACTCTAGCTCGTCAAG TTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTACATCCAACCTAACGAA CCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGT ATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTCTTACTGTGCGTAACTG CAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCACTTAAAGTGGTTTACA ATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTGCCCCAT TGTCCAATATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCCTGTCTCAGT TCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGA GCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAG GCCCCAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCC TTCGAAACGTTGCCCCACTACCAGGCAGATTCCCTAGGCATTACTACCCGCTC CGCCGCTGAATTCAAGAGCAAGCTCCTGTCATCCGCTGCAATGTCATGTGTTA GCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA
10	P5, SP10	<i>Pseudomonas jessenii</i>	TAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTA CGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACC TGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCAATTGGATGC AAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACACATGCTCCACCG CTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGGCGCCGTA CTCC CAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAA CGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGATCTAATCCTGTTTG CTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCG CCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCAGTACACAGGAAATTTCCA CCACCCTTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAG CCCGGGGCTTTACATCCAACCTTAACAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCCA GTAATTCGGATTAACGCTTGCACCCTCTGATTACCGCGGCTGCTGGCACAGA GTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAAAACAAGCTATTAGGTTAA TGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACTTCTTACACAC GCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTGCCCCATTGTCCAATTTCCCCACTGCTGC CTCCCGTAGGAGTCTGGACCCTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCT CAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGGAGCCATTACCTACCAACTAGCTA ATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCTGCTTTCTC CCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTCGAAACGTTGCCCCACTAC



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACCCGTCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAG CTCCTGTTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCTGCCGCCAGCGTTCAATC TGAGCCAGGATCAAACCTNN
12	P6, SP12	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	TGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTTCATCCCCACCTTCCTC CGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACT AAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGA GCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCA TCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTC GAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTGAGT TTAACCTTTCGCGCCGTAACCTCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGC CACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGAC TACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGACCTCAGTGTCACT ATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATT TCACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATACTCTAGCTCGACAGTT TTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTCACATCCAACCTAACGAAC CACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTA TTACCGCGGTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTCTTATCTGTCGGTAAACGC AAAACAGCAAAGTATTAATTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTACAA TCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTA GTCCAATATTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTT CCAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAG CCATTACCTCACCACCTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGG CCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCCTT TCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTTAGCATTACTCACCCGTC CGCCGCTGAATCCAGGAGCAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA GGCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCC
13	P7, SP13	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	CACCTCGCGGCTTGGCAACCCCTTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCC CAGACCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTG TCACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATGACGTGCTGGTAACCTAAGGACA AGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACG ACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGG AAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTGTGCTCGAATTA ACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTGAGTTTTAAC TTGCGGCCGTAACCTCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAG AGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGG GTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAATCAGTC CAGGTGGTTCGCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCCGC TACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATACTCTAGCTCGACAGTTTTGAATG CAGTTCCCAGGTTGAGCCCGGGGATTCACATCCAACCTAACGAACCACCTAC GCGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCCTGTATTACCGC GGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTCTTATCTGCGGTAACGTCAAAACAG CAAAGTATTAATTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAG ACCTTCTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAAT ATTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGT GACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTAC CTCACCACCTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAG GTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCCTTTCGAAACG TTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTTAGGCATTACTCACCCGCTCCGCGCTG AATCCAGGAGCAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCC GCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT
14	P7, SP14	<i>Caballeronia choica</i>	ACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACG ATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGA CCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTC ATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCTTAGAGTGCCACCACT ACGTGCTGTAACCTAAGGACAAGGGTTGCGCTCTTACGGGACTTAAACCCAA ATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCG AAGGCACCAATCTATCTCTAGAAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTT CTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCG TCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCAGGCCGTAACCTCCAGGCGGTCAACTTAA TGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCG

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>TTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGC  ACCTCAGTGTCAAGTGTGGTCCAGGTGGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTC  CTATATCTACGCATTTCCAGGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCACAC  TCTAGTCAGTCAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACAT  CCAACCTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGC  TTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATT  CTGTCCGTAACGTCAAAACACTAAAGTATTAATTTAATGCCCTTCTCCCACTT  AAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCA  GGCTTTCGCCATTGTCCAATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGG  ACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCG  TAGCCTTGGTGAAGCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCT  GATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGT  ATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCAT  TACTACCCGTCGCGGCTCTCAAGAGGAGCAAGCTCCTCTCTACCGCTCGAC  TTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
15	P7, SP15	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>ATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCACGCAGTCGAGTTGCAGAC  TGCGATCCGACTACGATCGGTTTTCTGGGATTAGCTCCCCCTCACGGGTTGG  CAGCCCTCTGTTCCGACCATTGTATGACGTGTGAAGCTCCCTACCACAAAGGGCC  ATGAGGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTCTCC  TTAGAGTGTCTTTCGCTAGCAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGAC  TTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGCG  ACGGTCTCTTTTCGAGCACCCACCTTTCAGCAGGGTTCGTCATGTCAAG  GGTAGGTAAGGTTTTTCGCGTTGCATCGAATTAATCCACATCATCCACCGCTTG  TGCGGGTCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCTTGCAGCCGTACTCCCAAGG  CGGTCAACTTCACGCGTTAGCTACGTTACTAAGGAAATGAATCCCAACAACCTA  GTTGACATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCC  ACGCTTTCGTGCATGAGCGTCAGTATTGGCCAGGGGGCTGCCTTCGCCATCG  GTATTCCTCCACATCTCTACGCATTTCACTGCTACACGTGGAATTCTACCCCCC  TCTGCCATACTCTAGCTTGCAGTCACAAATGCAGTTCCAGGTTAAGCCCGG  GGATTTACATCTGTCTTAACAAACCCTGCGCACGCTTTACGCCAGTAATT  CCGATTAACGCTCGCACCCCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGC  CGGTGCTTATTCTCCGGTACCCTCAGCCTCCACCGTATTAGGGCGGAAGTT  TTCTTTCGGACAAAAGTGCTTTACAACCCGAAGCCTTCTTACACACGCGG  CATTGCTGGATCAGGTTTTCCCCATTGTCCAAAATCCCACTGCTGCCTCCC  GTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCTGGTCTGCTCTCAGAC  CAGCTACAGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTACCCCACTAGCTAATCTG  CCATCGGCCGCCCTTAGCGCGAGGTCCGAAGATCCCCGCTTCTCCCTCA  GGTGTATGCGGTATTAATCCGGCTTTCGCCGGGCTATCCCCCACTACAGGAC  ACGTTCCGATGTGTTACTCACCCGTTCCGCACTCGCCACGAGGTTGCCCCG  TGCTGCCGTTGACTTGCATGTGTAAGGCATGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGC</p>
16	P7, SP16	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GTAACCTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACG  ACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACC  AATCCATCTCTGGAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGT  TGCTTCAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGCTCAATTCAT  TTGAGTTTTAACCTTTCGCGCCGTACTCCCAAGGCGGTAACCTAATGCGTTAGC  TGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCG  TGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCAAGGCTTTCGCACCTCAGT  TCAGTATCAGTCCAGGTGGTCCGCTTCCCACTGGTGTTCCTTATATCTAC  GCATTTACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCATACTCTAGCTTGT  CAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAACCTAAC  AAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCT  CTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTA  ACGTCAAAACAGCAACGTATTAAGTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCT  TTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTTCG  CCCATTGTCCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGATGAGGATGAGGACCGTGTG  TCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTG  GTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCG  CAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGT  TCCTTTCGAAACGTTGTCCTCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CGTCCGCCGCTGAATCCAGGAGCAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGT GTTA
17	P8, SP17	<i>Pseudomonas jessenii</i>	ACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCC ACCTTAACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAA CCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATG TTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGG TAAGTTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGG CCCCCGTCAATTCATTGAGTTTTAACCTTGCAGGCGTACTCCCCAGGCGGTC AATTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTT GACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCTGTTTGTCTCCCCAC GTTTTGCGACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGCGCTTCGCCATTCGCCATGTT GTTCTTCTTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTC TACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGGG CTTTCACATCCAACCTAACAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCC GATTAACGCTTGCACCCTCTGATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCG GTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTC CTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATG GCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACATCTCCCGTA GGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCCTCTCAGACCAG TTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCT AGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCGGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGAC GTATGCGGTATTAGCGTTCTTTGCAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATT CCTAGGCATTACTACCCGTCGCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTTCAT CCGCTCGACTTGCATGTG
18	P15, SP18	<i>Pseudomonas sp.</i>	TACTTCTGGTGCAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCC GGGAACGTATTCACCGCGACATTCTGATTTCGCGATTACTAGCGATTCCGACTTC ACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATTA GCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACATTGTAGCACGTGTGT AGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGG TTTTGTCACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCTTAACGTGCTGGTAACTAAG GACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCT GACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCT CTGGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGTTCTTCGCGTTGCTTCGAA TTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGTCAATTCATTTGAGTTTT AACCTTGCAGGCTACTCCCCAGGCGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCAC TAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTAC CAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAAGTATC AGTCCAGGTGGTTCGCTTCCGCACTGGTGTCTTCTTATATCTACGCATTTCA CCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTG AATGCAGTCCCAGTTGAGCCCGGGCTTTCACATCCAATTAACAACACAC CTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGTTTCACCTCTGTATTA CCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAA ACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCC GAAGACCTTCTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTC CAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCA GTGTGACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCA TTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCC GAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGATTAGCGTTTCTTTCCG AAACGTTGCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGC CGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGC CTGCCGCC
19	P9, SP19	<i>Buttiauxella sp.</i>	GTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAG TCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGCATTTATGAGGTCCGCTTGC TCTCGCGAGGTCGTTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTGATGCCCTA CTCGTAAGGGCCATGATGACTTACGCTCATCCCCACTCTCCAGTTTATCAC TGGCAGTCTCCTTTGAGTTCCCGGCCGAACCGCTGGCAACAAGGATAAGGGT TGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGC CATGCAGCACCTGTCTCACAGTTCCCGAAGGCACTAAGGCATCTCTAGCAAAT TCTGTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCAC ATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTGAGTTTTAACCTTGGC

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GCCGTA TCCCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACTCCTC  AAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATC  TAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGG  GGCCGCTTCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATTTCCACCGTACA  CCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCCTGCCAGTTTTCGAATGCAGT  TCCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCGACTTGACAGACCGCCTGCGTGC  GCTTTACGCCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGTATTACCGCGGCT  GCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATCACTGCGG  TTATTAACCACAATGCCTTCTCCTCGCTGAAAGTACTTTACAACCCGAAGGCC  TTCTTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTC  CCCAGTGTGCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTCTCAGTTCCAGTGTGGCT  GGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCTCA  CCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCAAGAGGCCCGAAGGTCC  CCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTAT  CCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCCGCGCTCGTCA  CCCAGGAGCAAGCTCCCTGTGCTACCGCTCGACTTGATGTGTTAGGCCTGCC  GCCAGCGTTCAATCTGAGCC</p>
20	P9, SP20	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GATTCGCGATTACTAGCATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGA  TCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGAACC  CTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGAT  GACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCGGCAGTCTCCTTAGA  GTGCCACCAATTACGTGCTGGTAAGTAAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGG  ACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTC  TCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAGTTTATTGGATGTCAAGG  CCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGT  GCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAACCCGAGG  CGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGC  TAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCC  CCACGCTTTTCGCACCTCAGTGTGATGATCAGTCCAGTGGTGCCTTCGCCAC  TGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCCAC  CCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCCCC  GGGCTTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAAT  TCCGATTAACGCTTGCACCCCTGTGATTACCAGGCTGCTGGCACAGAGTTAG  CCGGTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCC  TTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGC  ATGGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTGTCCAATATCCCACTGCTGCCTCCC  GTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGAC  CAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCG  ACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCGGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTA  GGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCCTTTGAAACGTTGCTCCCCACTACCCAGGC  AGATTCCTAGGCATTAATCAACCGTCCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCT  GTCATCCGCTCGACTTGATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAG</p>
21	P9, SP21	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>CGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACC  TGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAGTTTATTGGATGTC  AAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCG  CTTGTCGGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAACCTCC  CAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAA  CGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTG  CTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGATGATCAGTCCAGTGGTGCCTTCG  CCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTC  CCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAG  CCCGGGGCTTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCA  GTAATTCGGATTAACGCTTGACCCCTCTGATTACCAGGCGCTGCTGGCACAGA  GTTAGCCGGTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACACTAACGTTATTAGGTTAA  TGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACAC  GCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTGTCCAATATCCCACTGCTGC  CTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCT  CAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTA  ATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCGGAAGGTCCCCTGCTTTCTC  CCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTGAAACGTTGTCACCCACTAC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
22	P10, SP22	<i>Serratia quinivorans</i>	<p>CAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAG CTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGT</p> <p>CACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCTGA GTTGCAGACTCCGATCCGACTACGACTACGACTACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTC GCGAGTTTCGCTTCTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCG TAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGG CAGTCTCCCTTGAGTTCCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAGGGTTG CGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCA TGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCGGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGAATTCT CTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATG CTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCATTTAGTTTTAAGTTTACCTTGCAGCG CGTACTCCCCAGGCGGTGACTTACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCCTCA AGGGCACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCT AATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGG GGCCGCTTCGCCACCGGTATTCCTCCAGATCTCTACGCATTTACCGCTACA CCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGGCAGTTTCAAATGCAGT TCCCAGTTAAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAAACAAACCGCTGCGTGC GCTTTACGCCCAGTAATTCGATTAACGCTTGACCTCCGATTACCGGCTTACCGGCT GCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTG CTATTAACACACCACCCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCC TTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATT CCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGC TGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCC ACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCCGAAGGTC CCCCACTTTGGTCCGAAGACATTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTA TCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCCCGCTCGTC ACCCAGAGAGCAAGCTCTCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCCT GCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT</p>
23	P11, SP23	<i>Pseudomonas canadensis</i>	<p>GCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCAGGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGG CCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCT CCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAACATAAGGACAAGGGTTGCGCTCG TTACGGGACTTAACCCAACATCTCAGCACGAGCTGACGACAGCCATGCAGC ACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTACTAGAAAGTTCAATGGAT GTCAAGGCCTGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCCAC CGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA CCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAAAGCTCAAGGCTTC CAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTG TTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATTAGTCCAGGTGGTGCCT TCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATT CCACCACCTTACCATACTACTAGTCAGTCACTTTGATGAGTTCAGTTCCGAGTT GAGCCCGGGATTTCACATCCAACCTTAACAAACCACTACGCGCGCTTTAGGC CCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCAC AGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGT TAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACAC ACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACTGCT GCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCT CTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGC TAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCGTCTTTC TCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCCACT ACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCCGCTCTCAAGAGAAGCA AGCTTCTCTTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCCTGCCGCCAGCGTTCAA TCTGAGCCAGGATCAAACCTC</p>
24	P11, SP24	<i>Buttiauxella</i> sp.	<p>GTCATGAATCACAAAGTGGTAAGCGCCCTCCCGAAGGTTAAGCTACCTACTTCT TTTGTAACCCACTCCCCATGGTGTGACGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAA CGTATTACCCAGTACATTTCTGATCTACGATTACTAGCATTCCGACTTCCAGGA GTCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGACTTTATGAGGTCCGCTTG CTCTCGCGAGGTGCTTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCC TACTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCAGTTTATC ACTGGCAGTCTCCTTTGAGTTCCCGGCCGAACCGCTGGCAACAAAGGATAAGG GTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGA  ATTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACC  ACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCATTGAGTTTTAACCTTG  CGGCCGTA CTCCCAGGCGGTCGACTTAACGCGTTAGTCCGGAAGCCACTC  CTCAAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTTACGGCGTGGACTACCAGGTT  ATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCA  GGGGGCCGCTTCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATTTACCGCT  ACACCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCCTGCCAGTTTCGAATGC  AGTTCCAGGTTGAGCCCGGGATTTACATCCGACTTGACAGACCGCCTGCG  TGCGCTTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGTATTACCGCG  GCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTCTTCTTTCGCGAGTAACGTC AATCACTG  CGGTTATTAACCACAATGCCTTCTCCTCGCTGAAAGTACTTTACAACCCGAAG  GCCTTCTTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAAT  ATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGT  GGCTGGTATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTGCCTAGGTGAGCCATTAC  CTCACCTACTAGTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCAAGAGGCCCGAAG  GTCCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGTACCGTTTCCAGTAG  TTATCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCGCGCTC  GTCACCCAGGCAAGCTCCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCC  TGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGC</p>
25	P11, SP25	<i>Buttiauxella</i> sp.	<p>CAAAGGATAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACACAACAC  GAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAG  CTATCTCTAGCGAATTTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGC  ATCGAATTAACCACATGCTCCaCCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCATTG  AGTTTTAACCTTGC GGCCGTA CTCCCAGGCGGTCGACTTAACGCGTTAGCT  CGGAAGCCACTCCTCAAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTACGGCGTG  GACTACCAGGATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGCACCTGAGCGT  CAGTCTTTGTCCAGGGGGCCGCTTCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTAC  GCATTTACCGCTACACCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGC  CAGTTTCGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGATTTACATCCGACTTGA  CAAACCGCCTGCGTGCCTTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCC  TCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGTTGCTTCTTGTGCGAGT  AACGTCAATCGCCAAGGTTATTAACTTAACGCTTCCCTCCTGTTACGAAGTAC  TTTACAACCCGAAGCCCTTCTTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGC  GCCATTGTGCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGT  CTCAGTTCCAGTGTGGCTGGTCACTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTGCCT  AGGTGAGCCATTACCTACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGG  CAAGAGGCCCGAAGGTCCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGC  TACCGTTTCCAGTAGTTATCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTCA  CCCGTCCGCCGCTCGTACCCAGGAGCAAGCTCCCTGTGCTACCGCTCGACT  TGCATGTGTTAGGCTG</p>
26	P12, SP26	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TTCCTCCGTTTGTCAACGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATCACGTGCTG  GTA ACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACG  ACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACC  AATCCATCTCTGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGT  TGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCAT  TTAGTTTTAACCTTGC GGCCGTA CTCCCAGGCGGTC AACTTAATGCGTTAGC  TGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCG  TGGACTACCAGGATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGCACCTCAGTG  TCAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTAC  GCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGT  CAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGCTTTCACATCCAACTTAAC  AAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCCT  CTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGTTGCTTATTCTGCGGTA  ACGTCAAAACACTAACGTATTAGTTAATGCCCTTCCCTCCAACCTTAAGTGT  TTACAATCCGAAGACCTTCTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCG  CCATTGTCCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTG  TCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTGCCTTG  GTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCG  CAAGGCCCGAAGGTCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			TCCTTTGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACC CGTCCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGATTGCATGT GTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTC
27	P12, SP27	<i>Pseudomonas jessenii</i>	TTCCCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCACATCACGTGCTG GTAACATAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACG ACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACC AATCCATCTCTGGAAAGTTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGT TGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCATTCAT TTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGC TGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCG TGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCCGACCTCAGTG TCAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTAC GCATTTACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGT CAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTCACATCCAACCTAAC AAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCT CTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCCGTA ACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCT TTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCTAGTGGATCAGGCTTTTCG CCCATTGTCCAATATTCACCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGT TCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTGCCTTG GTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCG CAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGT TCCTTTGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACC CGTCCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGATTGCATGT GTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTC
28	P13, SP28	<i>Pseudomonas jessenii</i>	CATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGACA TTCTGATTGCGGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTTCAGATTGCAGACTG CGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCA ACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCAT GATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTA GAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACATAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACG GGACTTAACCCAACATCTCACGACAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTG TCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAGTTTCATTGGATGTCAA GGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACACATGCTCCACCGCTT GTGCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCA GGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACG GCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCT CCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGC ACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATTCACC ACCCTTACCATACTCTAGCTCGTCAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCC CGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACgAACACCTACGCGCGCTTTACGCCAGT AATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTT AGCCGGTGTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACAGCAACGTATTAAGTTACTGC CCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCG GCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCTC CCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAG ACCAGTTACGGATCGTGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATC CGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCG TAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTTCTTTCGAAACGTTGTCCCCCACTACCAG GCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTC CTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGA GCCAGGATCAAACCTC
29	P13, SP29	<i>Pseudomonas jessenii</i>	CCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCAGTGTGTAGCCCA GGCCGTAAGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGTTTTGTG ACCCGAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATACGTGCTGGTAACATAAGGACAAG GGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGAC AGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAA AGTTCAATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAAC CACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTT GCGGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGA

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGG  TATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCC  AGGTGGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTCCACGCT  ACACAGGAAATTCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGC  AGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACG  CGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTATTACCGCG  GCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACACT  AACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAG  ACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAAT  ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGT  GACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTGGTGAGCCATTAC  CTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAG  GTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTTCTTTGAAACG  TTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACCCGTCCGCCGCTG  AATTCAGGAGCAAGCTCCTGTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCC  GCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
30	P13, SP30	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>CCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCA  GGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTACATCCCACCTTCTCCGGTTTGT  ACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGTGGTAACTAAGGACAAG  GGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGAC  AGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAA  AGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAAC  CACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTT  GCGGCCGTACTCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGA  GCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGG  TATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCC  AGGTGGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCT  ACACAGGAAATTCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGC  AGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACG  CGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTATTACCGCG  GCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACACT  AACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAG  ACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAAT  ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGT  GACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTGGTGAGCCATTAC  CTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAG  GTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTTCTTTGAAACG  TTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACCCGTCCGCCGCTG  AATTCAGGAGCAAGCTCCTGTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCC  GCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
31	P31, SP31	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	<p>TGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTACATCCCACCTTCTC  CGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACT  AAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGA  GCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCA  TCTCTGGAAAGTTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTT  GAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGT  TTAACCTTGCGGCCGTACTCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGC  CACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGAC  TACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGT  ATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATT  TCACCGCTACACAGGAAATTCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTCGACAGTT  TTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACGAAC  CACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTA  TTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTC  AAAACAGCAAAGTATTAATTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAA  TCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATT  GTCCAATATTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTT  CCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTGGTGAG  CCATTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGG  CCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTTCTT</p>



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			TCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACCCCGTC CGCCGCTGAATCCAGGAGCAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA GGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCC
32	P14, SP32	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	TAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGAT CGGTTTTATGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGAACCCCTTTGTACCGACC ATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCAT CCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATT CGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACA TCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGA AGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGCAAGGCCTGGTAAGGTT CTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGC TCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGGCGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAA TGCGTTAGCTGCGCCACTAAGATCTCAAGGCTTCCAACGGCTAGTTGACATCG TTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGC ACCTCAGTGTGACGATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTC CTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCATAC TCTAGCTCGTCAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTTACAT CCAATTAACGAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACG CTTGACCCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGATTAGCCGGTCTTAT TCTGTCCGTAACGTCAAACTGTAAAGTATTAATCTACTGCCCTTCTCCCAACT TAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCA GGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGG ACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCG TCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCT GATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGATGCGGT ATTAGCGTCCGTTTCCAAACGTTATCCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCAT TACTCACCCGTCGCGCGCTCTCTACAGAAGCAAGCTTCTCTTACCCTCGAC TTGCATGTGTTAGGCTGCCGCCAGCGTTCAATC
33	P14, SP33	<i>Rahnella sp.</i>	TTCACCCCAGTCATGAATCACAAAGTGGTAAGCGCCCTCCCGAAGGTTAAGCT ACCTACTTCTTTTGAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGG CCCGGGAACGTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGAC TTCATGGAGTCGAGTTGCAGACTCCAATCCGGACTACGACATACTTTATGAGGT CCGCTTGTCTCGCGAGTTTGCTTCTTTGTATATGCCATTGTAGCACGTGTG TAGCCCTACTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCG GTTTATCACCGGCAGTCTCCTTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAG GATAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCT GACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCCTAAGCTATCT CTAGCGAATTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAA TTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTT AACCTTGCGGCCGTAATCCCGAGGCGGTGCACTTAACCGTTAGCTCCGGAA GCCACGCTCAAGGGCACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGACTA CCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCT TTGTCCAGGGGGCCGCTTCGCCACCGGATTCCTCCAGATCTCTACGCATTT CACCGCTACACCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTT CAAATGCAGTTCCCAAGTAAAGCTCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAACCG CCTGCGTGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGATT ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAA TGCACAGTGCTATTAACACTGAACCCCTTCTCTCGTGAAGGTCTTTACAAC CCTAAGGCCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTG TGCAATATCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTC CAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGATCGTCGCTAGGTGAGC CATTACCCACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCCGATGGCGTGAGGC CCGAAGGTCCCCACTTTGCTTGTGCGAGGTGATGCGGTATTAGCTACCGTTT CCAGTAGTTATCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGG CCGCTCGTACCCAGAGAGCAAGCTCCTGTGCTACCCGCTGACTTGCATGT GTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTG
34	P14, SP34	<i>Pseudomonas edaphica</i>	GAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACG GGACTTAACCCAACATCTCACGTCACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTG TCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATCTTAGAAAGTTCATTGGATGTCAA GGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GTGCGGGCCCCGTC AATTCA TTTGAG TTTTAA CCTTGCGGCCG TACTCCCCA  GGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAAAGCTCAAGGCTTCCAACG  GCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCT  CCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGT CAGTATTAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCC  ACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGAAATTCACC  ACCCTCTACCATACTCTAGTCAGTCAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCC  CGGGGATTTACATCCA ACTTAA CAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGT  AATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTT  AGCCGGTGCTTATTCTGT CCGTAACGTCAA AACAGCAAAGTATTAATTTACTGC  CCTTCTCCCAACTTAAAGTGC TTTACAATCCGAAGACCTTTCACACACGCG  GCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCCATTTGTCCAATTTCCCACTGCTGCC  CCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAG  ACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATC  CGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCG  TAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCACTACCAG  GCAGATTCCTAGGCATTACTACCCGCTCCGCCGCTCTCAAGAGAAGCAAGCTT  CTCTCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGA  GCC</p>
35	P14, SP35	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>GGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCCTTGTGCG  GGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCG TACTCCCCAGGCGG  TCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAG  TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCA  CGTTTTCGCACCTCAGTGT CAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGG  TGTTCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGAAATTCACCACCCT  CTACCATACTCTAGCTTGT CAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCCCGG  GCTTTCACATCCA ACTTAA CAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTC  CGATTA</p>
36	P15, SP36	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TAAGGACAAGGGTAGCGCTCGTTACGGGACTTAAACCAACATCTCACGACAG  AGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCC  ATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTT  CGAATTA AACCAATGCTCCACCCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGA  GTTTTAACCTTGCGGCCG TACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGC  GCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGG  ACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCA  GTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCA  TTTACCAGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAG  TTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCCCGGGCTTTCACATCCA ACTTAA CAAA  CCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGT  ATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGT  CAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACA  ATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCG  TGTCCAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGT  TCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGA  GCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAG  GCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCCTTCT  TTCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGCT  CGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA  GGCCTGCCCGCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAATC</p>
37	P15, SP37	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>GGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCCTTGTGCG  GGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCG TACTCCCCAGGCGG  TCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAG  TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCA  CGTTTTCGCACCTCAGTGT CAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGG  TGTTCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGAAATTCACCACCCT  CTACCATACTCTAGCTTGT CAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCCCGG  GCTTTCACATCCA ACTTAA CAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTC  CGATTA</p>
38	P15, SP38	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCCTTGTGCG  GGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCG TACTCCCCAGGCGG  TCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAG  TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCA  CGTTTTCGCACCTCAGTGT CAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGG  TGTTCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGAAATTCACCACCCT  CTACCATACTCTAGCTTGT CAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAGCCCGG  GCTTTCACATCCA ACTTAA CAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTC  CGATTA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCA  CGCTTTCGCACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCGCCACTGG  TGTTCCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCT  CTACCATACTCTAGCTTGTGATGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGG  GCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATC  CGATTA</p>
39	P16, SP39	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>GGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCCACCCTGTTGCGG  GGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCAGGCGTACTCCCCAGGCGG  TCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAG  TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCA  CGCTTTCGCACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCGCCACTGG  TGTTCCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCT  CTACCATACTCTAGCTTGTGATGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGG  GCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATC  CGATTA</p>
40	P16, SP40	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>TACTTCTGGTGAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCC  GGGAACGTATTCACCGCGACATTCTGATTCGCGATTACTAGCGATTCCGACTTC  ACGCAGTCGAGTTGCAGACTCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATTA  GCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGAGCAGTGTGT  AGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGG  TTTGTACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCTTAACGTGCTGGTAACATAAG  GACAAGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCT  GACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCT  CTGGAAAGTTCAATGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAA  TTAAACCACATGCTCCACCCTGTGCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTT  AACCTTGCAGGCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCAC  TAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTAC  CAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGATC  AGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTCTTCTCTATATCTACGCATTTCA  CCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGATTTTTG  AATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCAC  CTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCTCTGTATTA  CCGCGGCTGCTGGCAGAGTTAGCCGGTGTCTTCTGCGGTAACGCAAAA  ACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCC  GAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTC  CAATATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCA  GTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCA  TTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCC  GAAGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTTCG  AAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGC  CGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGC  CTGCCGCC</p>
41	P16, SP41	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>AACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCA  TGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTT  AGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACATAAGGACAAGGTTGCGCTCGTTAC  GGGACTTAACCAACATCNCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCT  GTGTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTTATTGGATGTC  AGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCCACCCT  TGTGCGGGCCCCGTCATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCAGGCGTACTCCCC  AGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAAC  GGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGC  TCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTCGCCTTCGC  CACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCAC  CACCTCTACCATACTAGCTTGTGATGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGC  CCGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTCGCCAG  TAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCAGGCTGCTGGCAGAGT  TAGCCGGTGTCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATG  CCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGC  GGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCT  CCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCTCTCA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GACCAGTTACGGATCGTCGCCCTTGGTGAGCCATTACCTCACCAACTAGCTAAT            CCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCTCTTTCTCCC            GTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCCTTTGAAACGTTGTCCCCACTACCA            GGCAGATTCCCTAGGCATTACTCACCCGTCCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCT            CCTGTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCGTGCCGCCAGCGTTCAATCTG            AGCCAGGATCAAAC</p>
42	P16, SP42	<i>Paraburkholderia</i> sp.	<p>CCCAGTCATGAATCCTACCGTGGTGACCGTCCTCCTTGC GGTTAGACTAGCCA            CTTCTGGTAAAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGG            GAACGTATTCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCA            CGCACTCGAGTTGCAGAGTGCATCCGGACTACGATCGGTTTTCTGGGATTGG            CTCCCCCTCGCGGGTTGGCGAACCTCTGTTCCGACCATTGTATGACGTGTGAA            GCCCTACCCATAAGGGCCATGAGGACTTGACGTCATCCCACCTTCTCCGGT            TTGTCACCGGCAGTCTCCCTAGAGTGTCTTGGCTAGCAACTAGGGACAAGGG            TTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAG            CCATGCAGCACCTGTGTTATGGCTCCCTTTCCGGCACCCCGGCCCTCTCAGCCA            GGTTCCATACATGTCAAGGGTAGGTAAGGTTTTTCCGCTTGCATCGAATTAATC            CACATCATCCACCGCTTGTGCGGGTCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAATCTT            GCGACCGTACTCCCAGGCGGTCAACTTCACGCTTAGCTACGTTACCAAGTTC            AATGAAGACCCGACAACCTAGTTGACATCGTTTAGGGCTGGACTACCAAGGTA            TCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTTCGTGCATGAGCGTCAGTATTGGCCAG            GGGGCTGCCTTCGCCATCGGTATTCTCCACATCTCTACGCATTTCACTGCTAC            ACGTGGAAATCTACCCCTCTGCCATACTCTAGCCCGCCAGTCACAAATGCA            GTTCCCAGGTTAAGCCCGGGGATTTACATCTGTCTTAGCGAACCAGCTGCGC            ACGCTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTACGTATTACCGCGG            CTGCTGGCAGTAGTTAGCCGGTGCTTATTCTTCCGGTACCCTATCCCCCAC            GGGTATTAACCACGAGGTTTTCTTTCCGGACAAAAGTCTTTACAACCCGAAGG            CTTTCTCACACACGCGGCATTGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTGTCCAAAAT            TCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTG            GCTGGTGTCTCTCAGACCAGCTACAGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTTACC            CCACCAACTAGCTAATCTGCCATCGGCCGCCCTGTAGCGCGAGGTCCGAAG            ATCCCCCGCTTTCATCCACAGATCGTATGCGGTATTAATCCGGCTTTCCGCCG            GCTATCCCCACTACAGGACACGTTCCGATGTATTACTACCCGTTCCGCCACTC            GCCACCAGGGTTGCCCGGTGCTGCCGTTCCGACTTGCATGTGTAAGGCATGC            CGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
43	P1, 2	<i>Buttiauxella</i> sp.	<p>GTCATGAATCACAAAGTGGAAGCGCCCTCCCGAAGGTTAAGCTACCTACTTCT            TTTGCAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAA            CGTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGA            GTCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGCACTTTATGAGGTCCGCTTG            CTCTCGCGAGGTCGCTTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCC            TACTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTACATCCCCACTTCCCTCCAGTTATC            ACTGGCAGTCTCCTTTGAGTTCCCGGCCGAACCGCTGGCAACAAAGGTAAGG            GTTGGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACA            GCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCGGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGA            ATTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACC            ACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGCTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTG            CGGCCGACTCCCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACTC            CTC AAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGT            ATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCA            GGGGGCCGCTTCCGCCACCGGATTTCTCCAGATCTCTACGCATTTACCCGCT            ACACCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCCTGCCAGTTTTGAAATGC            AGTTCCAGGTTGAGCCCGGGATTTACATCCGACTTGACAGACCGCCTGCG            TGCGCTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCCGTATTACCGCG            GCTGCTGGCAGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATCACTG            CGGTTATTAACCAATGCCTTCTCCTCGCTGAAAGTACTTTACAACCCGAAG            GCCTTCTTACATACCGCGGCATGGCTGCATCAGGCTGCGCCCAATTTGCAAT            ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGT            GGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTAC            CTCACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCAAGAGGCCCGAAG            GTCCCCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAG            TTATCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCCGCCGCTC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			GTCACCCAGGAGCAAGCTCCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCC TGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGC
47	P1, 8	<i>Roseomonas rhizosphaerae</i>	
48	P1, 9	<i>Arthrobacter oryzae</i>	CACCCCAGTCATGAATCACAAAGTGGTAAGCGCCCTCCCGAAGGTTAAGCTAC CTACTTCTTTTGAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCC CGGGAACGTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTT CACGGAGTCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGCACCTTTATGAGGTC CGCTTGCTCTCGCGAGGTGCGTTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTG TAGCCCTACTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCTCCA GTTTATCACTGGCAGTCTCCTTTGAGTCCCGGCCGAACCGTGGCAACAAAG GATAAGGTTGCGCTCGTTGCGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCT GACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCCACTAAGCTATCT CTAGCGAATTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAA TTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTT AACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCGGTGACTTAAACGCGTTAGCTCCGGAA GCCACTCTCAAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACGGCGTGGACTA CCAGGATCTAATCCTGTTTCTCCCCACGCTTTCGACCTGAGCGTCACTCT TTGTCCAGGGGCGCCTTCGCTCCCGGATTCCTCCAGATCTACGCAATTT CACCGCTACACCTGGAATTTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTT CGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCCGGGATTTACATCCGACTTGACAAACC GCCTGCGTGCCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGTA TTACCGCGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGTCTTCTGCGAGTAACGTC AATCGCCAAGGTTATTAACCTTAACGCCTTCTCCTCGCTGAAAGTACTTTACA ACCCGAAGGCCTTCTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCAT TGTGCAATATTCGCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGT TCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCTAGGTGA GCCATTACCTCACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCAAGAG GCCCCAAGGTCCCCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGT TTCCAGTAGTTATCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCCGTC CGCCGCTCGTCACCCAGGA
49	P2, 2	<i>Pedobacter</i> sp.	CCGGACTACGATCGCTTTTATGTGATTAGCTCCGCCTCGCGCGTGGCAACC TCiGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCTGTAAGGTCCATGATGA CTTGACGTCAATCCCACCTTCTCCGTTTTGTCACCGGCAGTCTCCTTAGAGT GCCACCATAACGTGCTGGTAAGTAAGGACAAGGTTGCGCTCGTTACGGGAC TTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTC AATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATCTCTAGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCC TGGTAAGGTTCTTCGCTTGTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGC GGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCG GTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGCTCCCAACGGCTA GTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGATATCAATCCTGTTTGTCTCCC ACGCTTTTCGCACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTG GTGTTCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCC TCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGG GATTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTC CGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCC GGTGTATTCTGTGCGTAACGTCAGACCGCAACGATTAGGTTACTGCCCTT CCTCCCAACTTAAAGTGCCTTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCAT GGCTGGATCAGGCTTTTCGCCATTGTCCAATATTCGCCACTGCTGCCTCCCGT AGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCA GTTACGGATCGTCGCTTGGTGGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGAC CTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAgG ACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAGCGTTATCCCCACTACCAGGCAG ATTCTTAGGCACTACTACCCGTCGCCGCTCTCA
50	P2, 5	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	CAATCCATATCTGAAAGTTCATGGATGTCAAGCGCTGGTAAGGTTCTTCGCG TTGCTTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTC TTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAG CTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTAGACATCGTATACGGC GTGGACTACCAGGATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGT GTCAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTA

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CGCATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTCG  TCAGTTTTGAATGCAGTCCCAGGTTGAGCCCGGGCTTTACACATCCAACCTAA  CGAACACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCC  TCTGTATTACCGCGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGT  AACGTCAAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCAACTTAAAGTGC  TTTACAATCCGAAGACCTTCTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTC  GCCATTGTCCAATATTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGT  CTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCCT  GGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGC  GCAAGGCCCGAAGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCG  TTCCCTTTCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCAC  CCGTCCGCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATG  TGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
51	P2, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>CCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCA  GGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTG  ACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAACTAAGGACAAG  GGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGAC  AGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCGAAGGACCAACTCATCTCTGGAA  AGTTCATTGGATGTCAAGGCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAAC  CACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTT  GCGGCCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGA  GCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGG  TATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTACAGTATCAGTCC  AGGTGGTCGCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATCTACGCATTTACCCGCT  ACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGC  AGTTCACAGGTTGAGCCCGGGCTTTCACATCCAACCTAACAAACCACCTACG  CGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCG  GCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACACT  AACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCAACTTAAAGTGCCTTACAATCCGAAG  ACCTTCTTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAAT  ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGT  GACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGTGAGCCATTAC  CTCACCAACTGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGAAGGACCAAG  GTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTTCGAAACG  TTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGCGCTG  AATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCC  GCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
52	P2, 7	<i>Pseudomonas carnis</i>	
53	P2, 8	<i>Bacillus nakamurai</i>	<p>ACGGCTCCCTCCACAAGGGTTAGGCCACCGGCTTCGGGTGTTACCGACTTTCA  TGACTTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGAAACGTATTCACCGCAGCGTT  GCTGATCTGCGATTACTAGCGACTCCGACTTCATGAGGTGCGATTGCGACCT  CAATCCGAACTGAGACCGGCTTTTTGGGATTCGCTCCGCTTACGACATCGCA  GCCCTTGTACCGGCCATTGTAGCATGCGTGAAGCCAAAGACATAAGGGGCAT  GATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGAGTTGACCCCGCAGTCTCATAT  GAGTTCCACCAATTACGTGCTGGCAACATACGACGAGGGTTGCGCTCGTTGCG  GGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTG  TAACCGAGTGTCCAAGAGTTCACATTTCTGACGCTTCTCGGTTATGTCAAG  CCTTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAATCCGCATGCTCCGCCGCTTG  TGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAGCCTTGCGGCCGTACTCCCCAG  GCGGGGCGCTTAATGCGTTAGCTACGACACGGAACCGTGGAAGGTCCCCA  CATCTAGCGCCAACGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATTAATCCTGTTT  GCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGTTACGGCCCAGAGAAGTGCCTTC  GCCATCGGTGTTCTCCTGATATCTGCGCATTCACCGCTACACCAGGAATTC  CATTCTCCCTACCGCACTCCAGTCTGCCCGTACCCACTGCAGGCCGAGGTT  GAGCCTCGGGATTTACAGCAGACGCGACAAACCGCTACGAGCTCTTTACGC  CCAATAATTCCGGACAACGCTCGGACCCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCAC  GTAGTTAGCCGGTCTTTTTCTGCAAGTACCGTCAAGGAGCAAGCTCCCCTTCT  TCCTTACTAAAAGAGGTTTACAACCCGAAGGCCGTCATCCCTACGCGGCGTT  GCTGCATCAGGCTTTCGCCATTGTGCAATATTCCCCTGCTGCCTCCCGTA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			GGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGGTCACCCTCTCAGGCCG GCTACCCGTCGACGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACAAGCTGATAGGCC GCGAGTCCATCCCAGACCGAAAAAACTTTCCACCCAAAACCATGCGGTTCCAG GTCCATATCCGGTATTAGCACCGATTTCTCGGAGTTATCCCAGAGTCCAGGGCA GGTTACTCACGTGTTACTCACCCGTTGCCACTAATCCCCCCCAGCAAGCTGG AAGTTCATCGTTCGACTTGCATGTGTTAAGCACGCCGCCAGCGTTTCGTCTGA GCCAGGAT
54	P4, 3	<i>Pseudomonas granadensis</i>	TACGACTTCACCCCAGTCATGAATCACTCCGTGGTAACCGTCCCCCTTGCGGT TAGACTAGCTACTTCTGGAGCAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGT ACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTGACATTCTGATTACGATTACTAGCGA TTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTT TATGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGAACCCCTTGTACCGACCATTGTA GCACGTGTGTAGCCCTGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCAC CTTCTCCGGTTTGTACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCCGAGGTGCTG GTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACG ACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGTCTGAGTTCCCGAAGGCAC CAATCCATCTCTGAAAAGTTCTCAGCATGTCAAGGCCAGGTAAGGTTCTTCG GTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTCCGGGCCCCCGTCAATT CATTGAGTTTTAACCTTGGCGCGTACTCCCCAGGCGGTGCGATTTATCGCGTT AGCTGCGCCACTAAGATCTCAAGGATCCCAACGGCTAGTCGACATCGTTTACG GCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCACGCTTTTCGCACCTC AGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATAT CTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTTACCGTACTCTAGC TCAGTAGTTTTGGATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAAC TGCTGAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGA CCCTTCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTCTTATTCTGTT GGTAACGTCAAAACAGCAAGGTATTAATTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAG TGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCT TTCGCCATTGTCCAATATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG TGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGC CTTGGTAGGCCTTACCCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATA GCGTGAGGTCCGAAGATCCCCCACTTTCTCCCTCAGGACGTATGCGGTATTAG CGCCCGTTTTCCGGACGTTATCCCCCACTACCAGGACAGTTCTAGGCATTACT CACCCGTCCGCGCTGAATCCAGGAGCAAGCTCCCTTATCCGCTCGACTTGC ATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT
55	P4, 4	<i>Pseudomonas moraviensis</i>	
56	P4, 5	<i>Pseudomonas sivasensis</i>	TAGCCCCAGTTATCGGTTTTACCCTAGGACGCTCCTTGGCGTTACATACTTTAG GTACCCCAACTTCCATGGCTTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACG TATCACCAGCGTCATTGCTGATACGCGATTACTAGCGAATCCAACCTTACGGG TCGAGTTGCAGACCCCAATCCGAACCTGTGAATGGCTTTGTAGATTTCGATAG CGTTGCCGGCTAGCTGCCCTCTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCC GGACGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCGTCCCCTCCTTCTCTCTGTTTGC ACAGGCAGTCTGTTTAGAGTCCCCACCTTGACGTGCTGGCAACTAAACATAGG GGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACACCTCACGGCACGAGCTGACGA CAGCCATGCAGCACCTAGTTTCGTGTGATTGCTCACTATTTATCTCTAAATGAT TCACTAACTTTCAAGCCCGGGTAAGGTTTCTCGCGTATCATCGAATTAACCCAC ATGTCCTCCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTCTTGGC AGCGTACTCCCCAGGTGGAACACTTAACGCTTTCGCTTAGCCGCTGACTGTGT ATCGCCAACAGCGAGTGTTCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAA TCCTGTTTGTATCCCCACGCTTTCGTGCCTCAGCGTCAATAAGACCATAGTAAGC TGCTTCGCAATCGGTGTTCTGAGACATATCTATGCATTTACCCGCTACTTGT TCATTCGCGCTACCTCTAGTCCATTCAAGCCCATCAGTATCAAGGGCACTGCGA TAGTTGAGCTACCGTCTTTCACCCCTGACTTAACAGGGCCGCTACGACCCCTT AAACCAATAAATCCGGATAACGCTTGGATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTG GCACGGAGTTAGCCGATCCTTATTCTTCCGGTACATTAAGCTACTTACACGTAA GCAGGTTTATTCCCGGATAAAAAGCAGTTTACAACCCATAGGGCAGTCTTCTGC ACGCGGCATGGCTGGTTCAGAGTTGCCTCCATTGACCAATATTCTTACTGCTG CCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACCAGTGTGGGGGGCCATCCT CTCAGATCCCCTAGTCATCGTGCCTTGGTGGGCCGTTACCCCGCAACTAGC

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>TAATGACACGCATGCCATCTTCATCCCATAAATGTTTGATCATTGGATAATGC  CATCCTGTGATTTTATGCGGTATTAATCCGGATTTCTCCGGGCTATCCCCAGA  TGAAGGTAGTTGCATACGCGTTACGCACCCGTGCGCCACTTTCTTAAGGAGC  AAGCCCCCTAATATCGTTTCGACTTGCATGTATTAGGCCCTGCCGCTAGCGTTCAT  CCTGAGCCA</p>
58	P4, 7	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>CGCGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCG  GACTACGATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCCTCT  GTACCGACCATTTAGTACACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACT  TGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGC  CCACCATTACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTT  AACCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCA  TGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCCT  GGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCG  GGCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCAGGCGG  TCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAG  TTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCA  CGTTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTCCGCTTCCGCACTGG  TGTTCTTCTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATTCACCACCCCT  CTACCATACTAGTCTGTCAGTTTTGAAATGCAGTTCCAGTTGAGCCCCGGG  GCTTTCACATCCAACCTAACGAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATTC  CGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCC  GGTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTT  CCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCAT  GGCTGGATCAGGCTTTCGCCCATTTGCCAATATCCCCTGCTGCCTCCCGT  AGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTCCAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCA  GTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAAGCCATTACCTCACCAACTAGCTAATCCGAC  CTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGG  ACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTTTCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAG  ATTCCTAGGCATTAATCACCCTGCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGT  CATCCGCTCGACTTGCATGTATTAGGCCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTG</p>
59	P4, 8	<i>Variovorax boronicumulans</i>	<p>CTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGATTTCGAA  TTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTT  AACCTTGCGGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAATCGTTAGCTGCGCCAC  TAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTAC  CAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGATC  AGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTCA  CCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTGAGTTTTG  AATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCCGGGCTTTCACATCCAACCTAACAAACCAC  CTACGCGCGCTTTCAGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTA  CCGCGGCTGTGACAGAGTATAGCCGTTGCTTATTCTGTGCGTAACGCTCAAA  ACACTAACGTATTAGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAAATCC  GAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTC  CAATATCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCA  GTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGTGAAGCCA  TTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCC  GAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAAGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTTTGCA  AACGTNNTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCCATTACTACCCGTCGCGC  GCTGAATTCAGGAGCA</p>
60	P7, 1	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	<p>TAAGGACAAGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCAGACACG  AGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCC  ATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTT  CGAATTAACCATATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGA  GTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGC  GCCACTAAAACTCAAGGATTTCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGG  ACTACCAGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCAAGCTTTCGCACCTCAGTGTCA  GTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTTCCTTCTATATCTACGCA  TTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTCGTCAG  TTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCCGGGCTTTCACATCCAACCTAACGAA  CCACCTACGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCTGT  ATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGT</p>



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CAAAATTGCAGAGTATTAATCTACAACCCCTTCCCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACA  ATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTTCGCCAT  TGTCCAATATTCCCAGTGTCTGCCTCCCGTAGGAGTTCGGATGGACCGTGTCTCAGT  TCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGTGA  GCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAG  GCCCCAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGT  TTCCGAACGTTATCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACCCGTC  CGCCGCTCTCAAGAGAAGCAAGCTTCTCTACCCGCTCGACTTGCATGTGTTA  GGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCT</p>
61	P7, 2	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>	<p>CGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCCAGCAGTCGAGTT  GCAGACTGCGATCCGAAGTGAAGACAGATTGTGGGATTGGCTTAACCTCGCG  GTTTCGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCAGCTGTGTAGCCCAGGTCATAA  GGGGCATGATGATTTGACGTATCCCCACCTTCCCGTTTGTACCCGGCAG  TCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTC  GTTGCGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCAC  CACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGGGACGTCCTATCTCTAGGATTGTCAGAGG  ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCAACGCTCC  ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTAGTCCGACCGTA  CTCCCCAGGGCGAGTGTAAATGCGTTAGCTGACGACATAAGGGGCGGAAAC  CCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC  CTGTTGCTCCCCACGCTTTGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTC  GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACACGTG  GAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCAGTTTCCAATGACCCTCCC  CGGTTGAGCCGGGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAAACCGCTGCGAGCCCTT  TACGCCAATAATTCCGGACAACGCTTCCACCTACGTATTACCCGGGCTGCT  GGCAGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCCGTAAGGTGCCCGCTTA  TTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAAACCTT  CATCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGCCATTGCGGAAGATTCC  CTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCC  GATCACCTCTCAGGTCCGGCTACGCATCGTTGCCCTGGTGAGCCGTTACCTCA  CCAAGTACTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCCACCT  TTTATGTTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTTCC  CGGAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGTTACCCAGTGTACTCACCCGTCGCG  CCGCTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTA  GGCAGCCGCCAGCGTTCTGCTCCTGAGC</p>
63	P7, 5	<i>Bacillus nakamurai</i>	<p>CTGTTGCTCCCCACGCTTTGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTC  GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACACGTG  GAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTCAAGTTTCCCAGTTTCCAATGACCCTCCC  CGGTTGAGCCGGGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAAACCGCTGCGAGCCCTT  TACGCCAATAATTCCGGACAACGCTTCCACCTACGTATTACCCGGGCTGCT  GGCAGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCCGTAAGGTGCAAGCAGT  TACTCTTGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAAACCTTCA  TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGCCATTGCGGAAGATTCCCT  ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGA  TCACCCTCTCAGGTCCGGCTACGCATCGTCCGCTGGTGAGCCGTTACCTCACC  AACTAGCTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGACAGCCGAAACCGTCTTT  CATCCTTGAACCATGCGGTTCAAGGAACATCCGGTATTAGCTCCGGTTTCCC  GAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGTTACCCAGTGTACTCACCCGTCGCG  GCTAACATCCGGGAGCAAGCTCCCTTCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTAGG  CACGCCGCCAGCGTTCTGCTCCTGAGCCAGGATCAAACCTCT</p>
64	P7, 8	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	<p>CCCGGAACGTATTCACCGTGACATTCTGATTACGATTACTAGCGATTCCGAC  TTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTATGGGA  TTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTTTGTACCGACCATTTGTAGCAGCTG  TGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACTTCCCTC  CGGTTTGTACCGGAGTCTCTTAGAGTGCCACCATGACGTCTGTTGTAAGT  AAGGACAAGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGA  GCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCA  TCTCTGGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCCGCTTGTTC  GAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGT  TTAACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGAC  TACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCACT  ATCAGTCCAGGTGGTCCGCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATT  TCACCGCTACACAGGAAATTCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTCGACAGTT  TTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACGAAC  CACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTA  TTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTC  AAAATTGCAGAGTATTAATCTACAACCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAA  TCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATT  GTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGT  CCAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCCGCTTGGTGAG  CCATTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGG  CCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTT  TCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGCTC  CGCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA  GGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCA</p>
65	P7, 11	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>GGCAACCCTGTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGG  GCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTC  TCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACATAAGGACAAGGGTTGCGCTC  GTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAG  CACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGA  TGCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCCA  CCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCATTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAC  TCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTC  CCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCT  GTTTGTCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAATCAGTCCAGGTAGTCGC  CTTCGCCACTGGTGTCTTCTCTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAA  TTCCACTACCCTCTACCATACTCTAGCTTGGCAGTTTCGGATGCAGTTCCCAGG  TTGAGCCCCGGGATTTACATCCGACTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTAC  GCCAGTAATTCGGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGC  ACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGGCGGTAACGTCAAAATTGTAGAGTATTA  GCTACTGCCCTTCTCCACCTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTTCA  CACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGCAATATTTCCCACT  GCTGCCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCAT  CCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACT  AGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCT  TTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTTTCGAAACGTTGTCCCCCA  CTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGCTCCGCCGCTGAATCGAAGAG  CAAGCTCTTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCGTGCCGCCAGCGTTC  AATCTGAGCCAG</p>
66	P8, 1	<i>Aeromonas aquatica</i>	<p>TGATTGCGGATTAAGTACGATTCGACTTCCAGCTCAGTGTGAGTTGCAGACTGCG  ATCCGGACTACGATCGGTTTTATGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAAC  CCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGA  TGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGA  GTGCCACCAATTACGTGCTGGTAACATAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGG  ACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTC  TCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATCTAGAAAAGTTCATTGGATGTCAAGG  CCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCCACCCGTTGT  GCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCAGG  CGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGC  TAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCC  CCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAATCAGTCCAGTGGTGCCTTCCGCCAC  TGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATCCACCAC  CCTCTACCATACTCTAGTCACTGATTTTGAATGCAGTTCCTCCAGGTTGAGCCG  GGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCTTCCAGGTTGAGGTAAT  TCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAG  CCGGTGCTTATTCTGTGCGTAACGTCAAAACAATCACGTATTAGGTAACCTGCC  TTCCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGC  ATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCC  GTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGAC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CAGTTACGGATCGTGCCTTGGTGTAGCCATTACCCACCAACTAGCTAATCCG  ACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCC  GGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCACTACCAGG  AGATTCTAGGCATTACTCACCCGTCGCCGCTCTCAAGAGAAGCAAGCTTCT  CTCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGC  CAG</p>
67	P8, 2-1	<i>Buttiauxella</i>	<p>CAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTT  CCCGAAGGCACCAGTCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTA  AGGTTCTTCGCGTTGCTTCCGAATTAACCACATGCTCCACCCTGTGCGGGC  CCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCGGTCAA  CTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGA  CATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCT  TTCGCACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTAGTGCCTTCGCCACTGGTGT  CCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATCCACTACCCTCTAC  CATACTCTAGCTTGCCAGTTTCGGATGCAGTTCAGGTTGAGCCCCGGGATT  TCACATCCGACTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCCAGTAATCCGAT  TAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTG  CTTATTCTGGCGGTAACGTCAAAATTGTAAGTATTAATCTACTGCCCTTCTCTC  CACCTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTTCACACACGCGGCTAGGCTG  GATCAGGCTTTCGCCCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG  TCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACG  GATCGTCGCCTTGGTGTAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGC  TCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCAGTAGGACGTAT  GCGGTATTAGCGTTCTTTGAAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTTA  GGCATTACTACCCGTCGCCGCTGAATCGAAGAGCAAGCTCTTCTCATCCGC  TCGACTTGCCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAG</p>
68	P8, 2-2	<i>Bacillus nakamurai</i>	<p>CGTGGTAACCGTCTCCCGAAGGTTAGACTAGCTACTTCTGGTGCAACCCACT  CCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACCGCGA  CATTCTGATTTCGCGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGAC  TGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGG  CAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCC  ATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCT  TAGAGTGCCACCATGACGTGCTGGTAACATAAGACAAGGTTGCGCTCGTTA  CGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACC  TGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCATTGGATGTC  AAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCCACCG  CTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA  CAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAA  CGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTG  CTCCCCACGCTTTCGACCTCAGTGTGATCAGTCCAGTGGTGCCTTCCG  CCTAGTGTTCCTTCCATATCTACGCAATTCACCCGTCAGCAGGAAATTC  CCACCTCTACCATCTAGCTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCACAGGTTGAG  CCCGGGGCTTTCACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCA  GTAATTCGGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGCTGCTGGCACAGA  GTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAAGTTAC  TGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACAC  CGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGC  CTCCCGTAGGAGTCTGGACCGGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCT  CAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGTGTAGCCATTACCTACCAACTAGCTA  ATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTC  CCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTCGAAACGTTGTCCCCACTAC  CAGGCAGATTCCTAGGCATTACTACCCGTCGCCGCTGAATTCAGGAGCAAG  CTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATC  TGAGCCAG</p>
69	P8, 4	<i>(Brevibacterium) frigoritolerans strain</i>	<p>CTGCCGTGGTATCGCCCTCCTTGCGGTTAAGCTAACTACTTCTGGCAGAACC  GCTCCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGACCCGGGAACGTATTCACC  GTGACATTCTGATCCACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGC  AGACTGCGATCCGGACTACGACTGGTTTTATGGGATTAGCTCCCCCTCGCGGG  TTGGCAACCCTTTGTACCAGCCATTGTATGACGTGTGTAGCCCCACTATAAGG  GCCATGAGGACTTGCATCTCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>TCATTAGAGTGCCCAACTGAATGTAGCAACTAATGACAAGGGTTGCGCTCGTT  GCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCA  CCTGTGTTACGGTTCTCTTTTCGAGCACTAAGCCATCTGGCGAATCCCGTACA  TGTCAAAGGTGGGTAAGGTTTTTCGCGTTGCATCGAATTAACACATCATCCA  CCGCTTGTGCGGGTCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGCCGTAC  TCCCCAGGCGGTCAACTTCACGCGTTAGCTTCGTTACTGAGTCAGTGAAGACC  CAACAACCAGTTGACATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTG  TTTGCTCCCCACGCTTTTCGTGCATGAGCGTCAGTACAGTCCAGGGGATTGCC  TTCGCCATCGGTGTTCCCTCCGCATATCTACGCATTTACTGCTACACGCGGAAT  TCCATCCCCCTCTACCGTACTCTAGCTATGCAGTCACAGATGCAGTCCCAGGT  TGAGCCCGGGGATTTACAACGTCTTACATAACCCGCTGCGCAGCTTTACG  CCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCA  CGTAGTTAGCCGGTGCTTATTCTTACGGTACCGTCATTAGCCCTCTTTATTAGA  AAAGGCCGTTTCGTTCCGTACAAAAGCAGTTTACAACCCGAAGGCCTTCATCCT  GCACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAAAATTTCCCACTG  CTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCTG  CCTCTCAGACCAGCTACAGATCGAAGGCTTGGTGAGCCTTTACCTACCAACT  ACCTAATCTGCCATCGGCCGCTCATTTCGCGCAAGGCTTTCAGTCCCCTGCT  TTCATCCGTAGATCGTATGCGGTATTAGCACAGCTTTCGCTGCGTTATCCCCA  CGATTGGGCACGTTCCGATGTATTACTACCCGTTCCGCACTCGCCGCCAGGA  TTGCTCCCGCGCTGCCGTTGACTTGCATGTGTAAGGCATGCCGCCAGCGTTC  AATCTGAG</p>
70	P8, 5	<i>Bacillus licheniformis</i>	<p>ATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCAT  CCCCACCTTCCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCCACCATTA  CGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACA  TCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGA  AGGCACCAATCTATCTCTAGAAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTT  TTCGCGTTGCTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGT  CAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCAGGCGGTCAACTAAT  GCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGT  TTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTTCGCA  CCTCAGTGTGAGTTGGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCC  TATATCTACGATTTTACCAGCTACACAGGAAATCCACCACCTCTACCACACT  CTAGTCAGTCAGTTTTGAATGCAGTTCACAGTTGAGCCCGGGGATTTACATC  CAACTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCT  TGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGCTTATTC  TGTCCGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTT  AAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCA  GGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGG  ACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCTCAGACAGTACGGATACGATCG  TAGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCT  GATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTA</p>
71	P8, 6	<i>Aeromonas aquatica</i>	
72	P8, 9	<i>Bacillus nakamurai</i>	<p>CACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGATT  AGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTG  TAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCACCTTCTCCG  GTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCCACCATTACGTGCTGGTAACTAA  GGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGC  TGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATC  TCTAGAAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGA  ATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTT  TAACCTTGCGGCCGTAATCCCAGGCGGTCAACTAATGCGTTAGCTGCGCCA  CTAAAAGCTCAAGGCTTCCAACGGCTAGTTGACATCGCTTTACGGCGTGGACTA  CCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTCGCACTCAGTGCAGTAT  TAGTCCAGGTGTCGCTTCCGCACTGGTTCCTTCCATATCTACGCACTTTC  ACCGCTACACAGGAAATCCACCACCCTCTACCATACTCTAGTCAGTCAGTTTT  GAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCA  CCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATT  ACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTCCGTAACGTCAA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			AACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATC CGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTGCCCCATTGT CCAATATTTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTGGACCGTGTCTCAGTTCC AGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCC ATTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCC CGAAGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTC CGAACGTTATCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGG CCGCTCTCAAGAGAAGCAAGCTTCTCTCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGG CCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT
74	P5, 3-2	<i>Peribacillus butanolivorans</i>	GCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCCAGCAGTCGAGTTGCAG ACTGCGATCCGAAGTGAAGACAGATTTGTGGGATTGGCTTAAACCTCGCGGTTT CGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGG GCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCA CCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTT GCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCAC CTGTCACTCTGCCCCGAAGGGGACGTCCTATCTCTAGGATTGTCAGAGGATG TCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCCACC GTTTGTGCGGGCCCCGTCATTCCTTTGAGTTTCACTTGGCAGCCACTC CCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGCGGAAACCCC CTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTG TTCGCTCCCCACGTTTCGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTGCCT TTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACAGGTGAAT TCCACTCTCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCTCCCCGGT TGAGCCGGGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGAGCCCTTTACG CCCAATAATTCCGGACAACGCTTGGCACCTACGTATTACCCGCGGCTGCTGGCA CGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCCGCTTATTCG AACGGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAAACCTTCATC ACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGCCATTGCGGAAGATTCCCTAC TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATC ACCCTCTCAGGTCCGGTACGCATCGTTGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAA CTAGCTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCCACCTTTTA TGTTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTACCCCGGTTTCCCGG AGTTATCCAGTCTTACAGGCAGGTTACCCACGTGTTACTCACCGCTCCCGCG CTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTAGGC ACGCCGCCAGCGTTTCGTCCTGAGCC
77	P5, 8	<i>Serratia quinivorans</i>	CACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCCAGGAGTCGA GTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGTACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTC GCGAGTTGCTTCTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCG TAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGG CAGTCTCCCTTGAAGTTCCACCATACGTGCTGGCAACAAGGATAAAGGGTTG CGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGTACGACAGCCA TGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACCTAAGCTATCTTAGCGAATTCT CTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCCACATG CTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTAACTTGGCGG CGTACTCCCCAGGCGGTCGACTTAAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCTCA AGGGCACAACTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCT AATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCCGACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGG GGCCGCTTCCGCCACCGGATTCCTCCAGATCTTACGCATTTACCCGCTACA CCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGGCAGTTTCAAATGCAGT TCCCACGTTAAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAAACAAACCGCCTGCGTGC GCTTTACGCCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCCGATTACCCGCGGCT GCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTG CTATTAACACACCACCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCC TTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGGCCCATTTGCAATATT CCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTCTGGACCGTTCAGTTGGC TGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCC ACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCCGAAGGTC CCCCACTTTGGTCCGAAGACATTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTA TCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATACTACCCGTCGCGGCTCGCTC

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
78	P5, 10	<i>Pseudomonas mohnii</i>	<p>ACCCAGAGAGCAAGCTCTCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCCT GCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT</p> <p>TACTAGCGATTCCAGCTTTCATAGAGTCGAGTTGCAGACTCCAATCCGAAGTGA GACCAGCTTTTCGAGATTTCATACACATCGCTGTGTAGCTGCCCTCTGTAAGTGG CCATTGTATTACGTGTGTGGCCCAAGGCGTAAGGGCCGTGATGATTTGACGTC ATCCCCACCTTCTCTCTACTTGCCTAGGCAGTCTCACTAGAGTCCCAACTTA ATGATGGCAACTAGTGACAGGGGTTGCGCTCGTTGCAGGACTTAACCTAACAC CTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTTGAAAAATGTCCGAAGA AAAGTCTATTTCTAAACCTGTCAATTTCCCATTTAAGCCTTGGTAAGGTTCCCTCGC GTATCATCGAATTAACCACATAATCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTC CTTTGAGTTTCATTCTTGGCAACGTAATCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTC GCTTAGTCTCTGAATCCGAAAAACCAAAAACGAGTTAGCATCGTTTACGGCGTG GACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGCTCCCCACGCTTTTCCGTCATCAGCGTC AGTTGTTGCTTAGTAACCTGCCTTCGCAATTGGTGTCTAAGTAATATCTATGCA TTTCACCGCTACACTACTTATTCCAGCTACTTCAACAACTCAAGACCTGCAG TATCAATGGCAGTTTCACAGTTAAGCTGTGAGATTTACCACCTGACTTACAGAT CCGCCTACGGACCCTTTAAACCAATAAATCCGGATAACCGCTTGCACCCTCCG TATTACCGCGGCTGCTGGCAGGAGTTAGCCGGTCTTATTCGTAATGATAGTACT TCAGCTACTCTCACGAGAGTAGGTTTATCCCTATACAAAAGAAGTTTACAACCC ATAGGGCCGTCGTCCTTACGCGGGATGGCTGGATCAGGCTCTCACCCATTGT CCAATATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGTCCGTGTCTCAGTACC AGTGTGGGGGATCACCTCTCAGGCCCCCTAAAGATCGTAGACTTGGTGAGCC GTTACCTCACCAACTATCTAATCTTGCCTGCGGTGCCATCTCTATCCACCGGAGT TTCAATAGTAAGTATGATGCCAGTCAATATATTATAGGGTATTAATCTTCTTTTGA AAGGCTATCCCCAGATAAAGGCAGGTTGCACACGTGTTCCGCACCCCGTACGC CGCTCTCAAGATTCCGAAGAATCTCTACCGCTCGGCTGCATGTGTTAGGCCCT CCCCTAGCGTTCATCTGAG</p>
81	P6, 4	<i>Variovorax ginsengisoli</i>	<p>TCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTGTGGGAT TAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGT GTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCC GGTTTGTACCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACCTA AGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAG CTGACGACAGCCATGCAGACCTGTCTCAATGTTCGCAAGGACCAATCCAT CTCTGGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCCGCTTGGCTTCG AATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTT TTAACCTTGCGGCCGTAATCCCAAGGCGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCC ACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACT ACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTTCCGACCTCAGTGTGAGTA TCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCAATTT CACCCTACACAGGAAATCCACCACTTACCACCTACTACTAGCTCGTCAATTT TGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGCTTTTACATCTCAACTTCAACGAACC ACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTAT TACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCA AAACAGCAACGTATTAAGTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAAT CCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCCGCCATTG TCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTC CAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCTTGGTGAGC CATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGC CCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTT CGAAACGTTGCCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTTCC GCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTCGACTTGCATGTGT</p>
82	P6, 6	<i>Serratia quinivorans</i>	<p>CACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTACGGAGTCTGA GTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGTAATTTATGAGGTCCGCTGGCTCTC GCGAGTTCCGCTTCTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCG TAAGGGCCATGATGACTTGCAGCTCATCCCCACTTCCCTCCGTTTGTCTACCCG CAGTCTCCCTTGAGTTCCCACTTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAGGGTTG CGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCA TGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCATAAGCTATCTTAGCGAATTCT CTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCCGCTTGCATCGAATTAACACATG CTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTAACTTGCGGC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CGTACTCCCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCCTCA AGGGCACAACTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCT AATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTGTCCAGGG GGCCGCTTCGCCACCGGTATTCCCTCCAGATCTCTACGCATTTACCGCTACA CCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTTCAAATGCAGT TCCCACGTTAAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAAACCGCCTGCGTGC GCTTTACGCCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGTATTACCGCGGT GCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTG CTATTAACACACCACCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCC TTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATT CCCCACTGCTGCCCTCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTGACCTTCCAGTGTGGC TGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCC ACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCGAAGGTC CCCCACTTTGGTCCGAAGACATTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTA TCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCGCCGCTCGTC ACCCAGAGAGCAAGCTCTCCTGTGCTACCGCTCGACTTGATGTGTTAGGCCCT GCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTCT
83	P6, 8	<i>Pseudomonas baetica</i>	GTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCC CACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGC TGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCA CGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGG GACGTCCTATCTCTAGGATTGTGAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCG CGTTGCTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAAT TCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCAGCCGACTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCG TTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAACCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTT ACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTC CTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCAC ATCTCTACGCATTTACCGCTACACGTGGAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTC AAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCCCGGTTGAGCCGGGGGCTTTCACATC AGACTTAAGAAACCGCCTGCGAGCCCTTACGCCAATAATTCCGGACAACGC TTGCCACCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCT GGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTATTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTA ACAACAGAGCTTACGATCCGAAAACCTTCATCACTACCGCGGCTTTCGCTCCG TCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCT GGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGTGGcTACGCA TCGTTGCCCTTGGTGAAGCCGCTACCTCACCAACTAGCTAATGTGCCGCGGGTCC ATCTGTAAGTG
84	P6, 11	<i>Pseudomonas baetica</i>	GTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCC CACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGC TGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCA CGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGG GACGTCCTATCTCTAGGATTGTGAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCG CGTTGCTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAAT TCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCAGCCGACTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCG TTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAACCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTT ACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTC CTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTCGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCAC ATCTCTACGCATTTACCCGCTACACGTGGAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTC AAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCCCGGTTGAGCCGGGGGCTTTCACATC AGACTTAAGAAACCGCCTGCGAGCCCTTACGCCAATAATTCCGGACAACGC TTGCCACCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCT GGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTATTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTA ACAACAGAGCTTACGATCCGAAAACCTTCATCACTACCGCGGCTTGTCTCCG TCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCT GGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGTGGcTACGCA TCGTTGCCCTTGGTGAAGCCGCTACCTCACCAACTAGCTAATGTGCCGCGGGTCC ATCTGTAAGTG
85	P6, 12	<i>Pseudomonas baetica</i>	GTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCC CACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGC TGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCA

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGG  GACGTCCTATCTCTAGGATTGTCAAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCG  CGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGTCAAT  TCCTTTGAGTTTCAGTCTTTCGACCGTACTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCG  TTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAACCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTT  ACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTC  CTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCAC  ATCTCTACGCATTTACCCGTACACGTGGAATTCCTACTCTCTTCTGCACTC  AAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCTCCCCGGTTGAGCCGGGGGCTTTCACATC  AGACTTAAGAAACCGCCTGCGAGCCCTTACGCCCAATAATTCGGGACAACGC  TTGCCACCTACGTATTACCGCGGTGCTGGCAGTATGACCGTGGCTTTCCT  GGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTATTCGAACGGCACTTGTTCCTCCCTA  ACAACAGAGCTTACGATCCGAAAACCTTCATCACTCACGCGGCGTTGCTCCG  TCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCT  GGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGTCCGGTACGCA  TCGTTGCCTTGGTGAGCCGCTACCTCACCAACTAGCTAATGTGCCGCGGGTCC  ATCTGTAAGTG</p>
86	P6, 13	<i>Pseudomonas</i> sp.	<p>GAGTTGCAGCCTGCAATCCGAATGAGAATGGCTTTATGGGATTGCTTACCTT  CGCAGGTTTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGT  CATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCC  GGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTG  CGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAACCA  TGCACCACCTGTCACTCTGTCCCCGAAGGGGAAAGCCCTATCTCTAGGGTTG  TCAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCAC  ATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAGCCTTGC  GGCCGTACTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGG  CGGAAACCCTCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGT  ATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCGCCTCAGTGTGAGTTACAGACCA  GAAAGTCGCCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCAAATCTCTACGCATTTACCGCTA  CACTTGGAAATTCACCTTTCCTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGAC  CCTCCACGGTTGAGCCGTGGGCTTTCACATCAGACTTAAGGAACCACCTGCGC  GCGCTTACGCCCAATAATTCGGGACAACGCTTGCACCTACGTATTACCGCG  GCTGCTGGCACGTAGTTAGCGTGGCTTTCGTTAGGTACCGTCAAGTACC  AGCAGTTACTCTGGTACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAATTTACGACCCGAAG  GCCTTCTTCGTTACGCGGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAG  ATTCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT  GGCCGATCACCTCTCAGGTCCGCTACGCATCGTCCGCTTGGTGAGCCATTAC  CTCACCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGCCCATCTATAAGTGACAGCGTAAACC  GTCTTTCATCTTCTCTCATGCGAGAAAAGAACGTAATCCGGTATTAGCTCCGGT  TTCCCGAAGTTATCCAGTCTTATAGGCAGGTTGCCACGTGTACTCACCCGT  CCGCCGCTAATCTCAGGGAGCAAGCTCCCATCGATTCCGCTGACTTGCATGTA  TTAGGCACGCCGCCAGCGTTCGTCCTG</p>
87	P6, 14	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	<p>GTTCTGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATT  TGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCACCTTAGAGTGC  CCAATGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAA  CCCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTG  CCCCGAAGGGGAAGCCCTATCTCTAGGGTTGTGAGAGGATGTCAAGACCTG  GTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCCACATGCTCCACCGCTTGTGCGG  GCCCCGTCATTCCTTTGAGTTTCAGTCTTTCGACCGTACTCCCCAGGCGGA  GTGCTTAATGCGTTTGTGTCAGCACTAAAGGGGCGGAAACCCCTCTAACACTTAG  CACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTCGCTCCCCA  CGTTTTGCGCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTCCGCTTCCGCACTGG  TGTTCTCCACATCTCTACGCATTTACCGCTACACGTGGAATTCCTACTCTCT  CTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCTCCCCGGTTGAGCCGGGG  GCTTTCACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGCGCTTTCAGCCCAATAATTC  CGGACAACGCTTGCACCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCAGTATTAGCC  GTGGCTTTCGTTAGGTACCGTCAAGGTACCGCCCTATTCGAACGGTACTTG  TTCTTCCCTAACAAACAGAGTTTTACGATCCGAAAACCTTCATCACTCACGCGGC  GTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCCTACTGCTGCCTCCC  GTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGT</p>



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CGGCTACGCATCGTCGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTAGCTAATGCG            CCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCTAAAAGCCACCTTTTATGATTGAACCAT            GCGGTTCAATCAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTCCCGGAGTTATCCCAGT            CTTACAGGCAGGTTACCCACGTGTTACTCACCCGTCGCCCGCTGACCTA</p>
88	P6, 15	<i>Pseudomonas granadensis</i>	<p>CCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGCGCTTTT            TGGGATTGCTCACTATCGCTAGCTTGCAGCCCTCTGTACGCGCCATTGTAGC            ACGTGTGTAGCCCTGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCT            TCCTCCGTTTATCACCGGCAGTCTCCCTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGG            CAACAAAGGACAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGA            CACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGTTCTGATTCCCGAAGGCACCT            CCGCATCTCTGCAGGATTCCAGACATGTCAAGGCCAGGTAAGGTTCTTCGCGT            TGCATCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCA            TTTGAGTTTTAACCTTGCAGGCGTACTCCCCAGGCGGTGATTTAACGCGTTAG            CTCCGGAAGCCACGTCTCAAGGACACAGCCTCCAAATCGACATCGTTTACGGC            GTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTGAG            CGTCAGTCTTTGTCCAGGGGGCCGCTTCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTC            TACGCATTTACCCGCTACACCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCT            GGACAGTTTTAAATGCAATTTCCAGGTTGAGCCCGGGCTTTTACATCTAACTT            ATCCAACCGCTGCGTGCCTTTACGCCAGTAATTCGGATTAACGCTTGCAC            CCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGTCTTCTGCGA            GTAACGTACAGCTGATGCGTATTAGGCATCAACCTTTCTCCTCGTGAAAGT            GCTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGGTT            TCCCCATTGTGCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGT            GTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCCG            CTTGGTGAGCCATTACCCACCAACTAGCTAATCCACCTGGGTTTCAATCAATC            GCGAAAGGCCCGAAGGTCCCCTCTTTCCCGGTAGGGCGTATGCGGTATTA            GCAGTCGTTTCCAAGTATTCCCCCTCGACTGGGCAGATCCCAGGCATTAC            TCACCCGTCCGCGCTCGCCGGCAAAGTAGCAAGCTACTTTCCCGCTGCCG            CTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAG</p>
90	P9, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	<p>GTTCTGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATT            TGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCACCTTAGAGTGC            CCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGTCTGTTGCGGGACTTAA            CCCAATCTCAGCACAGCTGACGACAACCTGACCCACCTGACCTGCTGACTTG            CCCCCGAAGGGGAAGCCCTATCTTAGGGTTGTAGAGGATGTCAAGACCTG            GTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGG            GCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTTTCGACCGTACTCCCCAGGCGGA            GTGCTTAATGCGTTTGTGTCAGCACTAAAGGGCGGAAACCCTTAACACTTAG            CACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTGCTCCCCA            CGTTTTGCGCCCTCAGCGCTCAGTTACAGACCAGAGAGTGCCTTCCGCACTGG            TGTTCTCCACATCTCAGCATTTACCCGCTACAGCTGGAATTCACCTCTCTCT            CTTCTGCATCAAGTTCCCAATTTCCAATGACCCTCCCCGTTGAGCCGGGG            GCTTTCACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGCGCGCTTTACGCCAATAATTC            CGGACAACGCTTGCACCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCC            GTGGCTTCTGTTAGGTACCGTCAAGGTACCGCCCTATTCGAACGGTACTTG            TTCTTCCCTAACACAGAGTTTTACGATCCGAAAACCTTCATCACTACGCGGC            GTTGCTCCGTGAGCTTTTGTCCATTGCGGAAGATTCCCTACTGCTGCCTCCC            GTAGGAGTCTGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGT            CCGCTACGCATCGTCGCTTGGTGGAGCCGTTACCTCACCAACTAGCTAATGCG            CCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCTAAAAGCCACCTTTTATGATTGAACCAT            GCGGTTCAATCAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTTCCCGGAGTTATCCCAGT            CTTACAGGCAGGTTACCCACGTGTTACTCACCCGTCGCCCGCTGACCTA</p>
91	P9, 8	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	<p>TCACCGCGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTACGCGAGTGC            AGTTGCAGACTGCGATCCGAACCTGAGAACAGATTTGTGGGATTGGCTTAACT            CGCGTTTTCGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAAGT            CATAAGGGGCATGATGATTTGACGTATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTCCACC            GGCAGTACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTG            CGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCA            TGCACCACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGGGACGTCTATCTCTAGGATTGTC            AGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACAT            GCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTTTCGCGA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CCGTA CTCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGGCG  GAAACCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTAT  CTAATCCTGTTGCTCCCAAGCTTTGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGA  GAGTCGCCTTCGCCACTGGTCTTCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACA  CGTGGAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCAGTTTCCAATGACCC  TCCCAGTTGAGCCGGGGGCTTTCACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGAG  CCCTTTACGCCAATAATTCCGGACAACGTTGCCACCTACGTATTACCGCGG  CTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCG  CCCTATTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAA  ACCTTCATCACTCAGCGGCGTGGCTCCTGCGTACAGCTTTCGTCCATTGCCGAAG  ATCCCTACTGCTGCCCTCCCGTAGGAGTCTGGCCGTGCTCAGTCCCAGTGT  GGCCGATCACCTCTCAGGTGGCTACGCATCGTTGCCCTGGTGAGCCGTTAC  CTACCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCC  ACCTTTTATGTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGT  TTCCCGGAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTACCCAGTGTACTCACCCGT  CCGCCGCTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTA  TTAGGCACGCCGCGGCTTCGT</p>
92	P9, 11	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	<p>CGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTACGCAGTCGAGTT  GCAGACTGCGATCCGAACAGATAAGATTTGTTGGATTGGCTTAACCTCGCG  GTTTCGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAA  GGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAG  TCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTC  GTTGCGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCAC  CACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGGGACGTCCTATCTCTAGGATTGTAGAGG  ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCC  ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACGCTTTCGCGACCGTA  CTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAAC  CCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC  CTGTTGCTCCCAAGCTTTGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTC  GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACACGTG  GAATTCACCTCTCCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCAGTTTCCAATGACCTCCC  CGGTTGAGCCGGGGGCTTTCACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGAGCCCTT  TACGCCCAATAATTCCGGACAACGCTTGCACCTTGCACCTTACCCGCGGCTG  GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTA  TTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAAACCTT  CATCACTCAGCGGCGTGGCTCCTGCTCAGACTTTCGTCCATTGCCGAAGATTCC  CTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCC  GATCACCTCTCAGGTGGCTACGCATCGTTGCCCTGGTGAGCCGTTACCTCA  CCAAGTACTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCCACTT  TTTATGTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTC  CGGAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTACCCAGTGTACTCACCCGTCCG  CCGCTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTA  GGCACGCCGCGGCTTCGTCTGAGC</p>
93	P9, 2	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	<p>TGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCACCTTCTC  CGTTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAACT  AAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGA  GCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCA  TCTTGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCGTGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTC  GAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGT  TTAACCTTGCGGCCGTAATCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGC  CACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGAC  TACCAGGGTATTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGT  ATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCCCTATATCTACGCATT  TCACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTTACCACTACTAGCTGCAGACTT  TTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCAACTCAAGCAAC  CACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTA  TTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGTAACGTC  AAAACAGCAAAGTATTAATTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAA  TCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATT  GTCCAATATTCCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAG CCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGG CCCGAAGGTCCCCTGCTTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCCTT TCGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCCCTAGGCATTACTACCCGTC CGCCGCTGAATCCAGGAGCAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTA GGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCC
94	P14, 6	<i>Buttiauxella</i> sp.	GTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAG TCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGCACCTTATGAGGTCCGCTTGC TCTCGCGAGGTGCTTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTA CTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTATCCCCACCTTCTCCAGTTTATCAG TGGCAGTCTCCTTTGAGTTCGCCGGCCGAACCGTGGCAACAAGGATAAAGGT TGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGC CATGCAGCACCTGTCTACAGTTCGCGAAGGCACTAAGGCATCTCTAGCAAA TCTGTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCAC ATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGC GCCGTACTCCCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACTCCTC AAGGGAACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACGCGTGGACTACCAGGCTATC TAATCCTGTTTGTCTCCCACGCTTTGCGACCTGAGCGTACGCTTTTGTCCAGG GGCCGCTTCGCAACCGGATTCCTCCAGATCTCTACGCAATTCACCGCTACA CCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCCTGCCAGTTTGAATGCAGT TCCCAGGTTGAGCCGGGGATTTACATCCGACTTGACAGACCGCTGCGTGC GCTTTACGCCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCCGATTACCGCGGCT GCTGGCACGGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATCACTGCGG TTATTAACCACAATGCCTTCTCCTCGCTGAAAGTACTTTACAACCCGAAGGCC TTCTTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTC CCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGGCT GGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCTCA CCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCAAGAGGCCCGAAGGTCC CCCTCTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTAT CCCCCCTCATCAGGCAGTTTCCCAGACATTACTACCCGTCCGCGGCTCGTCA CCCAGGAGCAAGCTCCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCC GCCAGCGTTCAATCTGAGCC
95	P10, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	
96	P10, 10	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>	CGAGTTGCAGCCTACAATCCGAAGTGAAGTGGCTTTATGGGATTCGCTTACCT TCGCAGGTTTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGG TCATAAGGGGCATGATGATTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACC GGCAGTCACTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTG CGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCA TGCACCACCTGTCACTCTGTCCCCGAAGGGGAACGCCCTATCTTAGGGTTG TCAGAGGATGTCAAGACTGGTAAGGTTCTTCGCTTCTCGAATTAACCAC ATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTACGCTTGC GGCCGTACTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGG CGGAAACCCTTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGT ATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTTCGCGCCTCAGTGTGAGTTACAGACCA GAAAGTCGCCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCAAATCTCTACGCATTTACCGCTA CACTTGGAAATTCACCTTCTCTTCTGCACTCAAGTTCGCCAGTTTCCAATGAC CCTCCACGGTTGAGCCGTGGGCTTTCACATCAGACTTAAGGAACCACCTGCGC GCGCTTACGCCAATAATTCCGGACAACGCTTGCACCTACGATTACCGCG GCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACC AGCAGTTACTCTGGTACTTGTCTTCCCTAACACAGAATTTACGACCCGAAG GCCTTCTTCGTTACGCGGGCTTGTCCGTCAGACTTTCGTCATTGCGGAAG ATTCCCTACTGCTGCCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCAGTGT GGCCGATCACCTCTCAGTCCGCTACGCATCGTCCGCTTGGTGGAGCCATTAC CTCACCACTAGTCTAATGCGCGCGGCCACTATAAGTGACAGCTAAA
97	P11, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	CTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAA GGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCAGGCAG TCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAAGTAAAGGACAAGGGTTGCGC TCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGC AGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATCTCTAGAAAGTTCATTG

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTC  CACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGGCCG  ACTCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAAAGCTCAAGGC  TTCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCC  TGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATTAGTCCAGGTGGTGC  CCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGAA  ATTCCACCACCCTCTACCATACTTAGTCAGTCAGTTTTGAATGCAGTTCACAG  GTTGAGCCCCGGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTA  CGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGG  CACAGAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAATGCAGAGTATTA  ATCTACAACCCTTCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTTCA  CACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACT  GCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCAT  CCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACT  AGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCT  TTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCCA  CTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGCGCTCTCAAGAGAAG  CAAGCTTCTCTTACCAGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTC  AATCTGAGCCAGGAT</p>
98	P11, 2	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGC  TCCACCCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGGCCG  TACTCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAAAGCTCAAGG  CTTCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATcTAATC  CTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTGAGTATTAGTCCAGGTGGTC  GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCAGCTACACAGGA  AATTCCACCACCCTCTACCATACTTAGTCAGTCAGTTTTGAATGCAGTTCACAG  GTTGAGCCCCGGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTA  CGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTGG  CACAGAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAACAATCACGTATTA  GGTAACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTTC  ACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTTCCCACT  TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCA  TCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACT  AGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCT  TTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCCGTTTCCGAACGTTATCCCCCA  CTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCGCGCTCTCAAGAGAAG  CAAGCTTCTCTTACCAGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGC</p>
99	P11, 4	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	<p>CGGGAACGTATTCACCGTAGCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTT  CACGGAGTCGAGTTGCAGACTCCGATCCGGACTACGACGTACTTTATGAGGTC  CGCTGGCTCTCGCGAGTTTCGCTTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACCTGTGT  AGCCCTACTCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTGATCCCCACCTTCTCCGG  TTTGTACCCGGCAGTCTCCCTTGTAGTTCACCACTTACGTGCTGGCAACAAAG  GATAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCT  GACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCT  CTAGCGAATTCTCTGGATGTCAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAA  TTAAACCACATGCTCCACCCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTT  AACCTTGCGGCCGTACTCCCCAGGCGTTCGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAA  GCCACGCCTCAAGGGCACAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTA  CCAGGGTATCTAATCTGTTTGTCTCCCAAGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCT  TTGTCCAGGGGGCCGCTTTCGCCACCGGATTCCTCCAGATCTCTACGCATTT  CACCGCTACACCTGGAATTCTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTT  CAAATGCAGTTCACAGTAAAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAACCC  GCCTGCGTGCCTTACGCCAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCCGTA  TTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGGTCTTCTTCTGCGAGTAACGTC  AATGTGATGTGCTATTAACACACCCTTCTCTGCTGAAAGCTTTTACA  ACCCGAAGGCCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCAT  TGTGCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGT  TCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGA  GCCATTACCCACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAG  GCCCGAAGGTCCCCACTTTGGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
100	P11, 6	<i>Bacillus nakamurai</i>	<p>TTCCAGTAGTTATCCCCCTCCATCAGGCAGTTTCCCAGACATTACTACCCGTC CGCCGCTCGTACCCAGAGCAAGCTCTCCTGTGCTACCGCTCGACTTGCAT GTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGA</p> <p>CGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCACGCAGTCGAGTT GCAGACTGCGATCCGAAGTGAAGAACAGATTTGTGGGATTGGCTTAACCTCGCG GTTTCGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAA GGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGTTTGTCCACCGGCAG TCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTC GTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCAC CACCTGTCACTCTGCCCCGAAGGGGACGTCCTATCTTAGGATTGTAGAGG ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCC ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTTGTGACCGTA CTCCCCAGGCGGAGTGTAAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAAC CCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC CTGTTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTC GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTTACCAGTACACGTC GAATTCACCTCTCTCTTCTGCACTCAAGTTCGCCAGTTTCCAATGACCCCTCC CGTTTACCGCGGGGCTTTTACATCAGACTTAAGAAACCCCTGCGAGCCCTT TACGCCAATAATTCCGGACAACGCTTGCACCTACGTTACGTTACCGCGGCTGCT GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTA TTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGCTTTACGATCCGAAAACCTT CATCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCC CTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCC GATCACCTCTCAGGTCCGCTACGCATCGTTGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCA CCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCCACTT TTTATGTTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTTCC CGGAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTACCCACGTGTTACTACCCGTCGG CCGCTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTA GGCAGCCGCCAGCGTTTCGTCTGAGC</p>
101	P11, 7	<i>Oerskovia enterophila</i>	<p>CATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTCTC CTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAAGTAAAGGACAAGGGTTGCGCTCGT TACGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGAGCCATGCAGCA CCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGACCAATCTATCTAGAAAGTTTCATTGGATG TCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCCACC GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTAACTTGGCGCCGTAATC CCCAGGCGGTCAACTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCC AACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTT TGCTCCCCACGCTTTCGACCTCAGTGTGAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTT CGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTTACCAGTACACAGGAAATTC CACCACCTTACCATACTAGCTTGTGAGTTTGAATGAGTTCCAGGTTG AGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCACTACGCGCGCTTTACGCC CAGTAATTCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGATTACCGCGGCTGCTGGCACA GAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGTAACGTCAAGACCGCAACGATTAGGTT ACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGTCTTACAATCCGAAGACCTTCTTACAC ACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCT GCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCT CTCAGACCAGTTACGGATCGTC</p>
102	P12, 1	<i>Pseudomonas sp.</i>	<p>CTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGC GGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTAGGCGAGTTGCA GCCTACAATCCGAAGTGAAGATGGTTTTATGGGATTGGCTTGACCTCGCGGTC TTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGG GGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTC ACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGT TGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCA CCTGTCACTGTCCCCCGAAGGGGAACGCTATCTCTAGAGTTGTGAGAGG ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCC ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTTGTGACCGTA CTCCCCAGGCGGAGTGTAAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAAC CCTTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC CTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAAAAGCC</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCGCTACACGTG  GAATTCCGCTTTTCTTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCA  CGGTTGAGCCGTGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGCGGCTT  TACGCCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCACCTACGTATTACCGCGGCTGCT  GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACAAGCAGT  TACTCTGTACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGTTTTACGACCCGAAAAGCCTTCA  TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGTCCATTGCGGAAGATTCCCT  ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCCGA  TCACCCTCTCAGGTCGGCTATGCATCGTTGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACC  AACTAGCTAATGCACCGCGGGCCATCTGTAAGTGATAGCCGAAACCATCTTT  CAATTTTCTTTATGCAAGAGAAAATGTTATCCGGTATTAGCTCCGTTCCCG  GAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTACCCGTCGCGCC  GCTAACGTCATAGAAGCAAGCTTCTAATCAGTTCGCTCGACTTGCATGTATTAG  GCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAG</p>
103	P12, 2	<i>Pseudomonas sp.</i>	<p>CTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACCGC  GGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTAGGCGAGTTGCA  GCCTACAATCCGAAGTGAAGATGGTTTTATGGGATTGGCTTGACCTCGCGGTC  TTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGATGCCAGGTGATAAGG  GGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGTTTGTACCCGGCAGTC  ACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGT  TGCGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCA  CCTGTCACTCTGTCCCCGAAGGGGAACGCTCTATCTCTAGAGTTGTCAGAGG  ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTGAATTAACCACATGCTCC  ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACTTTCGCGACCGTA  CTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGGCGGAAAC  CCTTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC  CTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAAAAAGCC  GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCGCTACACGTG  GAATTCCGCTTTTCTTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCA  CGGTTGAGCCGTGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGCGGCTT  TACGCCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCACCTACGTATTACCGCGGCTGCT  GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACAAGCAGT  TACTCTGTACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGTTTTACGACCCGAAAAGCCTTCA  TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGTCCATTGCGGAAGATTCCCT  ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCCGA  TCACCCTCTCAGGTCGGCTATGCATCGTTGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACC  AACTAGCTAATGCACCGCGGGCCATCTGTAAGTGATAGCCGAAACCATCTTT  CAATTTTCTTTATGCAAGAGAAAATGTTATCCGGTATTAGCTCCGTTTCCCG  GAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTACCCGTCGCGCC  GCTAACGTCATAGAAGCAAGCTTCTAATCAGTTCGCTCGACTTGCATGTATTAG  GCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAG</p>
104	P12, 3	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TGGCAAATTCGTACATGTCAAAGGTGGGTAAGGTTTTTCGCGTTGCATCGAAT  TAAACCACATCATCCACCGCTTGTGCGGGTCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCA  ACCTTGCGGCCGTACTCCCAGCGGTCAACTTACGCGTTAGCTTCGTTAAT  GAGTCAGTGAAGACCCAACAACAGTTGACATCGTTTAGGGCGTGGACTACCA  GGGTATCTAATCCTGTTTGTCTCCCCACGCTTTCGTGCATGAGCGTCAGTACAG  GTCCAGGGGATTGCCTTCGCCATCGGTGTTCTCCGCATATCTACGCATTTCA  CTGTACACGCGGAATTCATCCCCCTTACCCTACTCTAGCTATGCAAGTACACA  GATGCAGTTCAGGTTGAGCCCGGGATTTACAACTGTCTTACATAACCGC  CTGCGCACGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTACGTATTA  CCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGTGCTTATTCTTACGGTACCGTCATG  AGCTCTCTTTATTAGAAAGAACCTTTTCGTTCCGTACAAAAGCAGTTTACAACCC  GAAGGCCTTACCTGCACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCCCATTGTC  CAAAATTCCTCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCCA  GTGTGGCTGGTCTCTCAGACCAGCTACAGACTCGAAGGCTTGGTGAGCCT  TTACCTACCAACTACCTAATCTGCCATCGGCCGCTCCATTTCGCGCAAGGTCTT  GCGATCCCCTGCTTTCATCCGTAGATCTTATGCGGTATTAGCACAGCTTTTCGCT  GCGTTATCCCCACGATTGGGCACGTTCCGATGTATTACTACCCGTTCCGCA  CTCGCCGCCAGGATTGCTCCCGCGCTGCCGTTTCGACTTGCATGTGTAAGGCAT  GCCGCCAGCGTTCATCCTGAG</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
105	P13, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTA  GCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGA  CTCCGATCCGGACTACGACGTACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTCGCGAGTTC  GCTTCTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCGTAAGGGCC  ATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCC  CTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAAGGGTTGCGCTCGTT  GCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC  CTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGAATTCTCTGGATGT  CAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACC  GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA  CCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCGCTCAAGGGCAC  AACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGT  TTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGGGGCCGCCT  TCGCCACCGGTATTCCTCCAGATCTCTACGCATTTACCCGCTACACCTGGAATT  CTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCAGTTTTCAAATGCAGTTCCACAGTT  AAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAACCGCTGCGTGCCTTTACGC  CCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGATTACCGCGGCTGCTGGCAC  GGAGTTAGCCGGTGTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTGCTATTAACA  CACCACCCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTACA  CACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTCCTCCACTGC  TGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGGCTGGTCATCC  TCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCACCTACTAG  CTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCCGAAGGTCCCCACTTT  GGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTATCCCTCC  ATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCGCCGCTCGTCACCCAGAGA  GCAAGCTCTCTTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTAGGCCCTGCCGCCAGC  GTTCAATCTGAGCC</p>
106	P13, 2	<i>Pseudomonas sp.</i>	<p>CTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGC  GGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTAGGCGAGTTGCA  GCCTACAATCCGAAGTGAAGATGTTTTATGGGATTGGCTTGACCTCGCGGTC  TTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGTCATAAGG  GGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTC  ACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGGTTGCGCTCGT  TGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCA  CCTGTCACTCTGTCCCCGAAGGGGAACGCTCTATCTCTAGAGTTGTCAGAGG  ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCACATGCTCC  ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAAGTTCAGTTCGCGACCGTA  CTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGGCGGAAAC  CCTTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC  CTGTTTGTCTCCCACTCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAAAAGCC  GCCTTCGCCACTGGTGTCTCCACATCTCTACGATTTCCACCGCTACACGTG  GAATTCGCTTTTCTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCA  CGGTTGAGCCGTGGGCTTTCACATCAGACTTAAGAAACCGCTGCGCGCGCTT  TACGCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCACCTACGTAATTACCGCGGCTGCT  GGCAGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACAAGCAGT  TACTCTTGTACTTGTCTTCCCTAACAAACAGAGTTTTACGACCCGAAAGCCTTCA  TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTTCCATTGCGGAAGATTCCCT  ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGCTCAGTCCCAAGTGTGGCCGA  TCACCTCTCAGGTCGGCTATGCATCGTTGCCTTGGTGGAGCCGTTACCTCACC  AACTAGCTAATGCACCGCGGGCCATCTGTAAGTGATAGCCGAAACCATCTTT  CAATTTTCTTTATGCAAGAGAAAATGTTATCCGGTATTAGCTCCGGTTCCCG  GAGTTATCCAGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTACCCGTCGCGC  GCTAACGTCATAGAAGCAAGCTTCTAATCAGTTCGCTCGACTTGCATGTATTAG  GCACGCCGCGAGCGTTCATCTGAGCCAG</p>
107	P13, 3	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	<p>GCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTATGGGATTAGCTCCACCTCGCG  GCTTGGCAACCCTTTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGCCGTA  AGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCA  GTCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAACAAAGGACAAGGGTTGCG  CTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATG  CAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGAAAAGTTCATT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>GGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCT  CCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGGCCG  TACTCCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGG  CTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTTGACTACCAGGGTATCTAAT  CCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAAGTATCAGTCCAGGTGGT  CGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGG  AAATCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTCAAGTTTTGAATGCAGTTCCTCA  GGTTGAGCCCCGGGATTTACATCCAACCTAACAAACCACCTACGCGCGCTTT  ACGCCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTG  GCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACAGCAACCTATT  AAGTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGGAAGACCTTCTTC  ACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTCCCCAC  TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCA  TCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGAGCCATTACCTACCAACT  AGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCT  TTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTTCTTCGAAACGTTGTCCCCCA  CTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCCCGCTGAATCCAGGAG  CAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCTGCCGCCAGCGTTC  AATCTGAGCCAGGATCAAACCTC</p>
108	P13, 5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	<p>TCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTA  GCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGA  CTCCGATCCGGACTACGACGTACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTCGCGAGTTC  GCTTCTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCGTAAGGGCC  ATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCC  CTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAAGGTTGCGCTCGT  GCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC  CTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGAATTCTCTGGATGT  CAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACC  GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA  CTC  CCCAGGCGGTGCACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCCTCAAGGGCAC  AACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGT  TTGCTCCCCACGCTTTCGACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCAGGGGGCCGCT  TCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCTCGGAATT  CTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCAGTTTTCAAATGCAGTTCCCACGTT  AAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAACCGCCTGCGTGCCTTTACGC  CCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCCGATTACCGCGGCTGCTGGCAC  GGAGTTAGCCGGTGTCTTCTGCGAGTAACGTCATGTGATGTGCTATTAACA  CACCACCCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTACA  CACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTCCTCCACTGC  TGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTTGCTGGTGCATCC  TCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCATTACCCACCTACTAG  CTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCCGAAGGTCCCCACTTT  GGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTATCCCCTCC  ATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCCCGCTCGTCACCCAGAGA  GCAAGCTCTCTTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCTGCCGCCAGC  GTCAATCTGAGCC</p>
109	P13, 6	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	<p>TGCAGACTGCGATCCGGACTACGATCGGTTTTATGGGATTAGCTCCACCTCGC  GGCTTGGCAACCCTTTGTACCGACCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGT  AAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGC  AGTCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGC  GCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCAT  GCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGGAAAGTTCAT  TGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCACATGC  TCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCC  GTACTCCCAGGCGGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAG  GCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGACTACCAGGGTATCTAA  TCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGTGTCAAGTATCAGTCCAGGTGGT  CGCCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGG  AAATCCACCACCCTCTACCATACTCTAGCTTGTCAAGTTTTGAATGCAGTTCCTCA  GGTTGAGCCCCGGGATTTACATCCAACCTAACAAACCACCTACGCGCGCTTT</p>



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>ACGCCCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGTATTACCGCGGCTGCTG GCACAGAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTGCGGTAACGTCAAAACAGCAACGTATT AAGTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTC ACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCCATTTGCCAATATTCCCCAC TGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCA TCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGTGTGAGCCATTACCTACCAACT AGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCT TTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTTCTTTTCAAACGTTGTCCCCCA CTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTACCCGTCGCCCGCTGAATCCAGGAG CAAGCTCCTCTCATCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTC AATCTGAGCCAGGATCAAATC</p>
110	P14, 2	<i>Chryseobacterium shigense</i>	
111	P14, 3	<i>Paenibacillus thalictri</i>	<p>ACTAGCGATTCCGACTTCACGCAGTCGAGTTGCAGACTGCGATCCGGACTACG ATCGGTTTTGTGGGATTAGCTCCACCTCGCGCTTGGCAACCCTCTGTACCGA CCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTC ATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCCAACT AACGTGCTGGTAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTTACGGGACTTAAACCCAA CATCTACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATTTCCC GAAGGCACCAATCCATCTCTGAAAGTTTATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGG TTCTTCCGCTTGTTCGAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCC CGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCAGCCGCTACTCCCAGGCGGTCAACTT AATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCAACGCGTAGTTGACAT CGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCTGTTTGTCCCCACGCTTTC GCACCTCAGTGTGATCAGTATCAGTCCAGGTGGTGCCTTCCGCACTGGTGTTCCT TCCTATATCTACGCATTTACCCGCTACACAGGAAATTCACCACCTCTACCAT ACTCTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCCCAGGTTGAGCCCGGGGCTTTCAC ATCCAACCTAACAAACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAAC GCTTGCACCCCTGTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGCTTA TTCTGTGCGTAACGTCAAAACACTAACGTATTAGGTTAATGCCCTTCTCCCAA CTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACACACGCGGCATGGCTGGAT CAGGCTTTCGCCCATTTGTTCAATATTCCTTCCGCTGCTGCCCTAGGAGTCT GGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGACTGATCATCTCTCAGACCTGATGCTTA TCGTGCGCTTGGTGTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTC ATCTGATAGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGC GGTATTAGCGTTCTTTGAAACGTTGTCCCCACTACCAGGCAGATTCTTAGG CATTACTACCCGTCGCCCGCTGAATTCAGGAGCAAGCTCCTGTATCCGCTC GACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAAC TCTA</p>
112	P14, 4	<i>Arthrobacter oryzae</i>	<p>ATGCTGATCTGCGATTACTAGCGATTCCGACTTCATGGAGTCGAGTTGCAGACT CCAATCCGGACTGAGATAGGGTTTCTGGGATTGGCTTGCCTCGCGGTTTGC AGCCCTCTGTCCCTACCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCTGGTCGTAAGGGCCA TGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCGGTCTCCTT AGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTGC GGGACTTAACCAACATCTCAGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCT GTGTTTCGAGTTCCCGAAGGCACCAATCCATCTCTGAAAGTTCTCGACATGTC AAGACCAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACACATACTCCACCGC TTGTGCGGGCCCCGTCATTCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCAGCCGTACTCCC CAGGCGGCGAACTTAACGCGTTAGCTTCGATACTGCGTGCCAAATTGCACCCA ACATCCAGTTCGCATCGTTTAGGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTT GCTCCCCACGCTTTCGTGCCTCAGTGTGAGTGTGGTCCAGGTAGCTGCCTTC GCCATGGATGTTCTCCCGATCTCTACGCATTTCACTGCTACACCGGGAATTCC ACTACCCTCTACCACACTCTAGTCGTCCAGTTTCCACTGCAATTCAGGTTGA GCCAGGGCTTTCACAACAGACTTAAACAACCACCTACGACGCTTTCAGCCCC AGTAATTCGAGTAACGCTTGCACCCTTCTGATTACCAGGCTGTGTGCGCGA AGTTAGCCGGTCTTATTCTTTGGGTACCGTCAGAACAACCGAGTATTAATCGA CTGCTTTTCTTTCCCAACAAAAGGGCTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTACCCA CGCGGTATGGCTGGATCAGGCTTGCGCCATTGTCCAATATTCCTTCCGCTGCTG CCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCATCCTC TCAGACCAGCTACGGATCGTCGCCTTGGTGGGCTTACCCCGCCAACCTAGCT</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			AATCCGACATCGGCTCATCTATCCGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCA CCCGAAGGTCGTATGCGGTATTAGCGTAAGTTTCCCTACGTTATCCCCACGA AAAGGTAGATTCCGATGTATTCTCACCCGTCCGCCACTCGCCACCCAGAGAG CAAGCTCTCCTGTGCTGCCGTTTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTACCGCCAGCG TTCACTCTG
113	P14, 5	<i>Pseudomonas corrugata</i>	
114	P15, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	TCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTA GCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGA CTCCGATCCGGACTACGACGACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTCGCGAGTTC GTTTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCGTAAGGGCC ATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCC CTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAAGGGTTGCGCTCGTT GCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC CTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGAATTCTCTGGATGT CAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACC GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTAACTTGC GGCCGTA CT CCCAGGCGTTCGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCTCAAGGGCAC AACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACAGGATCTAATCCTGT TTGCTCCCCACGCTTTCGACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGGGGCCGCT TCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCTGGAATT CTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTTCAAATGCAGTTCCCACGTT AAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAACCGCTGCGTGCCTTTACGC CCAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCCGATTAACCGCGGCTGCTGGCAC GGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTGCTATTAACA CACCACCCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTACA CACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTCCCCACTGC TGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGGCTGGTCATCC TCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCACCTACTAG CTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCCGAAGGTCCCCACTTT GGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTATCCCCCTCC ATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCCGCCGCTCGTCACCCAGAGA GCAAGCTCTCTTGCTACCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCAGC GTTCAATCTGAGCC
115	P15, 4	<i>Oerskovia enterophila</i>	CATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTC CTTAGAGTGCCACCATAACGTGCTGGTAAC TAAGGACAAGGGTTGCGCTCGT TACGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCA CCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCAATCTATCTCTAGAAAGTTCAATTGGATG TCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCACATGCTCCACC GCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTAACTTGC GGCCGTA CT CCCAGGCGTCAACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCC AACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGTGGACTACAGGATCTAATCCTGTT TGCTCCCCACGCTTTCGACCTCAGTGTGATCAGTCCAGGTGGTGCCTT CGCCACTGGTGTTCCTTCTATATCTACGCATTTACCGCTACACAGGAAATTC CACCACCCTTACCATACTAGCTTGTGAGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTG AGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACAAACCACCTACGCGCGCTTTACGCC CAGTAATCCGATTAACGCTTGACCCCTCTGATTACCGCGGCTGCTGGCACA GAGTTAGCCGGTGCTTATTCTGTCGGTAACGTCAAGACCCGCAACGTATTAGGTT ACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTACAATCCGAAGACCTTCTTACAC ACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATTCCCCACTGCT GCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCAGTGTGACTGATCATCCT CTCAGACCAGTTACGG
116	P15, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	TCCCATGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTA GCATTCTGATCTACGATTACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGA CTCCGATCCGGACTACGACGACTTTATGAGGTCCGCTGGCTCTCGCGAGTTC GTTTCTTTGTATACGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTACTCGTAAGGGCC ATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCC CTTGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGATAAAGGGTTGCGCTCGTT GCGGGACTTAACCCAACATTTACAACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCAC CTGTCTCAGAGTTCCCGAAGGCACTAAGCTATCTCTAGCGAATTCTCTGGATGT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			<p>CAAGAGTAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACC  GCTTGTGCGGGCCCCGTC AATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGGCCGTA  CTC  CCCAGGCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCAGCCTCAAGGGCAC  AACCTCCAAGTCGACATCGTTTACAGCGTGGACTACCAGGATCTAATCCTGT  TTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTCCAGGGGGCCGCT  TCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATTTACCAGCTACACCTGGAATT  CTACCCCTCTACAAGACTCTAGCTTGCCAGTTTCAAATGCAGTTCCACGTT  AAGCGCGGGGATTTACATCTGACTTAACAAACCGCCTGCGTGCCTTTACGC  CCAGTAATCCGATTAACGCTTGCACCCTCCGATTACCAGCGGCTGCTGGCAC  GGAGTTAGCCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCAATGTGATGTGCTATTAACA  CACCACCCTTCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCGAAGGCCCTTCTACA  CACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCATTGTGCAATATTTCCCACTGC  TGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGGTCATCC  TCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAGGTGAGCCATTACCCACCTACTAG  CTAATCCCATCTGGGCACATCTGATGGCGTGAGGCCGAAGGTCCCCACTTT  GGTCCGAAGACGTTATGCGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTATCCCTCC  ATCAGGCAGTTTCCAGACATTACTACCCGTCGCCGCTCGTCACCCAGAGA  GCAAGCTCTCTTGTGCTACCGCTCGACTTGCATGTTTAGGCCTGCCGCCAGC  GTTCAATCTGAGCC</p>
117	P15, 8	<i>Aeromonas encheleia</i>	<p>CATGGAGTCGAGTTGCAGACTCCAATCCGGACTGAGATAGGGTTTCTGGGATT  GGCTTGCCCTCGCGGGTTTGCAGCCCTCTGTCCCTACCATTGTAGTACGTGTG  TAGCCCTGGTCTGAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCACCTTCTCCG  GTTTGTACCCGGCGGTCTCCTTAGAGTTCCACCATTACGTGCTGGCAACTAA  GGACAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCAACATCTCACGACACGAG  CTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGTTGAGTTCCCGAAGGCACCAATCCAT  CTCTGAAAAGTTCTCGACATGTCAAGACCAGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCATC  GAATTAACCACATACTCCACCCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCCTTTGAGT  TTCAGTCTTGCAGCCGTAATCCCCAGGCGGCGAATTAACGCGTTAGCTTCGA  TACTGCGTGCCAAATTGCACCCAACATCCAGTTTCGCATCGTTTAGGGCGTGGA  CTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGTGCCTCAGTGTGAG  TGTTGGTCCAGGTAGCTGCCTTCGCCATGGATGTTCTCCCGATCTCTACGCA  TTTCACTGCTACCCGGGAATTCACCTACCCTTACCACACTCTAGTCTGCCAG  TTTCCACTGCAATTCAGGTTGAGCCAGGGCTTTACAACAGACTTAACAA  CCACCTACGCACGCTTACGCCAGTAATTCGAGTAACGCTTGCACCCTTCG  TATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGTGTATTCTTTGGGTACCG  TCAGAACAACCGAGTATTAATCGACTGCTTTTCTTTCCCAACAAAAGGGCTTTA  CAACCCGAAGGCCTTCTTACCCACGCGGTATGGCTGGATCAGGCTTGCGCC  CATTGTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTC  AGTTCCAGTGTGGCTGATCCTCTCAGACCAGCTACGGATCGTCGCCTTGG  TGGCCTTTACCCGCGCAACTAGCTAATCCGACATCGGCTCATCTATCCGCGC  AAGGCCGAAGGTCCCTGCTTTACCCGAAGGTCGTATGCGGTATTAGCGTA  AGTTTCCCTACGTTATCCCCACGAAAAGGTAGATTCCGATGTATTCTCACCC  GTCCGCCACTCGCCACCCAGAGAGCAAGCTCTCTGTGCTGCCGTTGACTTG  CATGTGTTAGGCCTACCGCCAGCGTTCACTCTGAGCC</p>
119	P10, 7	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>	<p>TGGGATTAGCTCCACCTCGCGGCTTGGCAACCCTCTGTACCGACCATTGTAGC  ACGTGTGTAGCCAGGCCGTAAGGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCACCT  TCCTCCGGTTTGTACCCGGCAGTCTCCTTAGAGTGCCACCATTACGTGCTGG  TAACTAAGGACAAGGGTTGCGCTCGTTACGGGACTTAACCCAACATCTCACGA  CACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCAATGTTCCCGAAGGCACCA  ATCTATCTCTAGAAAAGTTCATTGGATGTCAAGGCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTT  GCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCCTTGTGCGGGCCCCGTC AATTCATT  TGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTAATCCCCAGGCGTCAACTTAATGCGTTAGCT  GCGCCACTAAGAGCTCAAGGCTCCCAACGGCTAGTTGACATCGTTTACGGCGT  GGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCATCTCAGTGT  CAGTATCAGTCCAGGTGGTCCGCTTCCGCACTGTTCTTCTATATCTACG  CATTTACCGCTACACAGGAAATTCACCACCCTTACCATTCTAGCTCGTC  AGTTTTGAATGCAGTTCCAGGTTGAGCCCGGGGATTTACATCCAACCTTAACG  AACCACCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATTCGATTAACGCTTGCACCCTCT  GTATTACCGCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGGTGTATTCTGTGCGGTAAC  GTCAAAACAGCAAAGTATTAATTTACTGCCCTTCTCCCAACTTAAAGTGCTTTA</p>

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CAATCCGAAGACCTTCTTCACACACGCGGCATGGCTGGATCAGGCTTTCGCCC ATTGTCCAATATTTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCA GTTCCAGTGTGACTGATCATCCTCTCAGACCAGTTACGGATCGTCGCCTTGGT GAGCCATTACCCACCAACTAGCTAATCCGACCTAGGCTCATCTGATAGCGCA AGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTCTCCCGTAGGACGTATGCGGTATTAGCGTCC GTTTCGGACGTTATCCCACTACCAGGCAGATTCTAGGCATTACTCACCC GTCCGCCGCTCTCAAGAGAAGCAAGCTTCTCTACCGCTCGACTTGCATGTG TTAGGCCCTGCCGCCAGCGTTCAATCTGAGCCAGGATCAAACCTC
120	P13, 4	<i>Pseudomonas reactans</i>	
121	P14, 1	<i>Pseudomonas sp.</i>	CTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACCGC GGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTAGGCGAGTTGCA GCCTACAATCCGAAGTGAAGATGGTTTTATGGGATTGGCTTGACCTCGCGGTC TTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGTCATAAGG GGCATGATGATTGACGTCATCCCACTTCCCTCCGTTTGTACCCGGCAGTC ACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGT TGCGGGACTTAACCCAACATCTCAGCACGAGCTGACGACAACCATGCACCA CCTGTCACTCTGTCCCGGAAGGGGAACGCTCTATCTAGAGTTGTAGAGG ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCC ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCACCGTA CTCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGGCGGAAAC CCTCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC CTGTTTGTCTCCCAAGCTTTCCGCGCTCAGCGTCAGTTACAGACCAAAAAGCC GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTTACCAGTACACGTG GAATTCGCTTTTCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCAAGTTTCCAATGACCCTCCA CGGTTGAGCCGTGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCTGCGCGCGCTT TACGCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCACCTACGTATTACCAGCGGCTGCT GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACAAGCAGT TACTCTGTACTTGTCTTCCCTAACACAGAGTTTTACGACCCGAAAGCCTTCA TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGTCATTGCGGAAGATTCCCT ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAAGTGTGGCCGA TCACCCTCTCAGGTCGGCTATGCATCGTTGCCTGGTGAAGGTTACCTCACC AACTGATAATGCACCCGCGCCCATCTGTAAGTGATAGCCGAAACCATCTTT CAATTTTCTCTTATGCAAGAGAAAATGTTATCCGGTATTAGCTCCGGTTTCCCG GAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTACCCCGTCCGCC GCTAACGTCATAGAAGCAAGCTTCTAATCAGTTCGCTCGACTTGCATGTATTAG GCACGCCGCCAGCGTTTCATCCTGAGCCAG
123	P16, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	CGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTACGCAAGTTCGAGTT GCAGACTGCGATCCGAAGTGAAGACAGATTTGTGGGATTGGCTTAACCTCGCG GTTTCGCTGCCCTTTGTTCTGTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCAGGTCATAA GGGCATGATGATTTGACGTCATCCCACTTCCCTCCGTTTGTCCACCGCAG TCACCTTAGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTC GTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCAGCACGAGCTGACGACAACCATGCAC CACCTGTCACTCTGCCCGGAAGGGACGTCCTATCTTAGGATTGTAGAGG ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTCAATTAACCCACATGCTCC ACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCACCGTA CTCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAGGGGCGGAAAC CCCCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC CTGTTTCGCTCCCAAGCTTTCCGCTCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAGAGAGTC GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTTACCAGTACACGTG GAATTCCACTCTCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCAAGTTTCCAATGACCCTCCC CGGTTGAGCCGGGGGCTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCTGCGAGCCCTT TACGCCAATAATTCCGGACAACGCTTGCCACCTACGTATTACCAGCGGCTGCT GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTGCCGCCCTA TTCGAACGGCACTTGTCTTCCCTAACACAGAGCTTTACGATCCGAAACCTT CATCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCTGTCATTGCGGAAGATTCC CTAAGTGTGCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAAGTGTGGCC GATCACCCTCTCAGGTCGGCTACGCATCGTTGCCTTGGTGAAGCGTTACCTCA CCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGTCCATCTGTAAGTGGTAGCCGAAGCCACCT TTTATGTTTGAACCATGCGGTTCAAACAAGCATCCGGTATTAGCCCCGGTTTCC

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias 16S rDNA
			CCGAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTACCCACGTGTTACTCACCCGTCCG CCGCTGACATCAGGGAGCAAGCTCCCATCTGTCCGCTCGACTTGCATGTATTA GGCACGCCGCCAGCGTTCGTCCTGAGC
124	P16, 8	<i>Pseudomonas</i> sp.	CTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGC GGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCAGCTTCATGTAGGCGAGTTGCA GCCTACAATCCGAAGTGAAGATGGTTTTATGGGATTGGCTTGACCTCGCGGTC TTGCAGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGG GGCATGATGATTGACGTCATCCCCACCTTCCCTCCGTTTGTACCCGGCAGTC ACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGTCAAGGGTTGCGCTCGT TGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGTGACGACAACCATGCACCA CCTGTCACTCTGTCCCCGAAGGGGAACGCTCTATCTCTAGAGTTGTCAGAGG ATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTTCGAATTAACCACATGCTCC ACCGCTTGTCGGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAGTCTTGCGACCGTA CTCCCCAGGCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCAGCACTAAAGGGCGGAAAC CCTCTAACACTTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATC CTGTTTGTCCCCACGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGTTACAGACCAAAAAGCC GCCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCACATCTCTACGCATTTACCCGCTACACGTG GAATTCGGCTTTTCTCTTCTGCACTCAAGTTCCCCAGTTTCCAATGACCCTCCA CGGTTGAGCCGTGGGCTTTTACATCAGACTTAAGAAACCGCCTGCGCGCGCTT TACGCCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCACCTACGTATTACCGCGGCTGCT GGCACGTAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGGTACCGTCAAGGTACAAGCAGT TACTCTTGTACTTGTCTTCCCTAACACAGAGTTTTACGACCCGAAAGCCTTCA TCACTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCCCT ACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGA TCACCCTCTCAGGTCGGCTATGCATCGTTGCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACC AACTAGCTAATGCACCGCGGGCCCATCTGTAAGTGATAGCCGAAACCATCTTT CAATTTTCTTTATGCAAGAGAAAATGTTATCCGGTATTAGCTCCGGTTTCCCG GAGTTATCCCAGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCC GCTAACGTCATAGAAGCAAGCTTCTAATCAGTTCGCTCGACTTGCATGTATTAG GCACGCCGCCAGCGTTCATCCTGAGCCAG
125	P3, 2	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>	

**A3.** Función ecológica de las cepas bacterianas aisladas de la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm. Fila sombreada corresponde a cepas que perdieron viabilidad. + =positivo a la prueba, - = negativo a la prueba

Numeración	Clave	Identificación molecular	Funciones ecológicas			
			Solubilizadoras de Fosfato	Productora de Auxinas	Fijación de N	Celulolíticas
1	P1, SP1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
2	P2, SP2	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	+	+	+	-
3	P2, SP3	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
4	P3, SP4	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
5	P3, SP5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
6	P3, SP6	<i>Paraburkholderia</i> sp.	+	+	+	+
7	P3, SP7	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	+	+	+	-
8	P4, SP8	<i>Paraburkholderia</i> sp.	+	-	+	-
9	P4, SP9	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	+	-	+	-
10	P5, SP10	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
11	P5, SP11	<i>Pseudomonas kribbensis</i>	+	+	+	-
12	P6, SP12	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	+	+	+	-
13	P7, SP13	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	+	+	+	-
14	P7, SP14	<i>Caballeronia choica</i>	+	+	+	-
15	P7, SP15	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	-	+	-
16	P7, SP16	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
17	P8, SP17	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
18	P15, SP18	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
19	P9, SP19	<i>Buttiauxella</i> sp.	+	+	+	+
20	P9, SP20	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
21	P9, SP21	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
22	P10, SP22	<i>Serratia quinivorans</i>	+	+	+	-
23	P11, SP23	<i>Pseudomonas canadensis</i>	+	+	+	-
24	P11, SP24	<i>Buttiauxella</i> sp.	+	+	-	+
25	P11, SP25	<i>Buttiauxella</i> sp.	+	-	+	-
26	P12, SP26	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
27	P12, SP27	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-

Numeración	Clave	Identificación molecular	Funciones ecológicas			
			Solubilizadoras de Fosfato	Productora de Auxinas	Fijación de N	Celulolíticas
28	P13, SP28	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
29	P13, SP29	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
30	P13, SP30	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
31	P31, SP31	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	+	+	+	-
32	P14, SP32	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	+	+	+	-
33	P14, SP33	<i>Rahnella</i> sp.	+	+	+	+
34	P14, SP34	<i>Pseudomonas edaphica</i>	+	-	+	-
35	P14, SP35	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
36	P15, SP36	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
37	P15, SP37	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
38	P15, SP38	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
39	P16, SP39	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
40	P16, SP40	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
41	P16, SP41	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
42	P16, SP42	<i>Paraburkholderia</i> sp.	+	+	+	-
43	P1, 2	<i>Buttiauxella</i> sp.	-	+	+	+
44	P1, 3	<i>Pseudomonas corrugata</i>	+	+	+	-
45	P1, 4	<i>Flavobacterium</i> sp.	-	+	-	-
46	P1, 7	<i>Agromyces fucosus</i>	-	+	-	-
47	P1, 8	<i>Roseomonas rhizosphaerae</i>				
48	P1, 9	<i>Arthrobacter oryzae</i>	-	-	+	-
49	P2, 2	<i>Pedobacter</i> sp.	+	-	+	-
50	P2, 5	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	+	+	+	-
51	P2, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
52	P2, 7	<i>Pseudomonas carnis</i>	-	+	+	-
53	P2, 8	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	+	+	-
54	P4, 3	<i>Pseudomonas granadensis</i>	+	+	+	-
55	P4, 4	<i>Pseudomonas moraviensis</i>				
56	P4, 5	<i>Pseudomonas sivasensis</i>	+	+	+	-
57	P4, 6	<i>Pseudomonas</i> sp.	-	-	-	-

Numeración	Clave	Identificación molecular	Funciones ecológicas			
			Solubilizadoras de Fosfato	Productora de Auxinas	Fijación de N	Celulolíticas
58	P4, 7	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
59	P4, 8	<i>Variovorax boronicumulans</i>	-	+	+	+
60	P7, 1	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	+	-	1	-
61	P7, 2	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>				
62	P7, 3	<i>Pseudomonas canadensis</i>	+	+	+	-
63	P7, 5	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	-	+	-
64	P7, 8	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	+	+	-	-
65	P7, 11	<i>Pseudomonas jessenii</i>	-	+	+	-
66	P8, 1	<i>Aeromonas aquatica</i>	-	+	+	-
67	P8, 2-1	<i>Buttiauxella</i>	+	+	-	+
68	P8, 2-2	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	+	+	-
69	P8, 4	( <i>Brevibacterium</i> ) <i>frigoritolerans</i> strain	-	-	+	-
70	P8, 5	<i>Bacillus licheniformis</i>	-	+	+	-
71	P8, 6	<i>Aeromonas aquatica</i>	-	+	+	-
72	P8, 9	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	+	-	-
73	P5, 2	<i>Pseudomonas crudilactis</i>	+	+	+	-
74	P5, 3-2	<i>Peribacillus butanolivorans</i>	-	-	-	-
75	P5, 4	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	+
76	P5, 5	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
77	P5, 8	<i>Serratia quinivorans</i>	-	+	+	-
78	P5, 10	<i>Pseudomonas mohnii</i>	+	+	+	-
79	P6, 1	<i>Peribacillus simplex</i>	-	-	+	-
80	P6, 2-1	<i>Bacillus flexus</i>	+	+	+	-
81	P6, 4	<i>Variovorax ginsengisoli</i>	-	-	+	-
82	P6, 6	<i>Serratia quinivorans</i>	+	+	+	-
83	P6, 8	<i>Pseudomonas baetica</i>	+	+	+	-
84	P6, 11	<i>Pseudomonas baetica</i>	+	+	+	-
85	P6, 12	<i>Pseudomonas baetica</i>	+	+	+	-
86	P6, 13	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
87	P6, 14	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	-	+	+	-



Numeración	Clave	Identificación molecular	Funciones ecológicas			
			Solubilizadoras de Fosfato	Productora de Auxinas	Fijación de N	Celulolíticas
88	P6, 15	<i>Pseudomonas granadensis</i>	+	+	+	-
89	P9, 1	<i>Pseudomonas fragi</i>	+	+	+	+
90	P9, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	-	+	+	-
91	P9, 8	<i>Pseudomonas yamanorum</i>	+	+	+	-
92	P9, 11	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	-	+	+	-
93	P9, 2	<i>Pseudomonas helmanticensis</i>	+	+	+	-
94	P14, 6	<i>Buttiauxella</i> sp.				
95	P10, 6	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	-	-	+	-
96	P10, 10	<i>Chryseobacterium vrystaatense</i>	-	-	+	-
97	P11, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	+	+	-
98	P11, 2	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
99	P11, 4	<i>Pseudomonas laurylsulfatiphila</i>	+	+	+	-
100	P11, 6	<i>Bacillus nakamurai</i>	-	+	+	-
101	P11, 7	<i>Oerskovia enterophila</i>	-	+	-	+
102	P12, 1	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
103	P12, 2	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
104	P12, 3	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
105	P13, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	-	+	+	-
106	P13, 2	<i>Pseudomonas</i> sp.	-	+	+	-
107	P13, 3	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	-	+	+	-
108	P13, 5	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
109	P13, 6	<i>Chryseobacterium viscerum</i>	-	+	-	-
110	P14, 2	<i>Chryseobacterium shigense</i>	-	+	-	-
111	P14, 3	<i>Paenibacillus thalictri</i>	-	+	+	-
112	P14, 4	<i>Arthrobacter oryzae</i>	-	+	+	-
113	P14, 5	<i>Pseudomonas corrugata</i>				
114	P15, 1	<i>Pseudomonas jessenii</i>	-	+	+	-
115	P15, 4	<i>Oerskovia enterophila</i>	+	-	+	-
116	P15, 6	<i>Pseudomonas jessenii</i>	+	+	+	-
117	P15, 8	<i>Aeromonas encheleia</i>	-	+	+	-

Numeración	Clave	Identificación molecular	Funciones ecológicas			
			Solubilizadoras de Fosfato	Productora de Auxinas	Fijación de N	Celulolíticas
118	P10, 2	<i>Pseudomonas baetica</i>	+	+	+	-
119	P10, 7	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>	+	+	+	-
120	P13, 4	<i>Pseudomonas reactans</i>	+	-	+	-
121	P14, 1	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
122	P15, 3-1	<i>Bacillus paralicheniformis</i>	+	+	+	-
123	P16, 1	<i>Bacillus nakamurai</i>	+	+	+	-
124	P16, 8	<i>Pseudomonas</i> sp.	+	+	+	-
125	P3, 2	<i>Pseudomonas qingdaonensis</i>				

**A4. Blast de hongos aislados de la rizosfera de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm.**

Numero	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
1	P3, lig 1	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGCGAGAATTCTCTGAATTC AACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCCGCCTCACGGCCGCCGGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCCGCCACCCGCTCCGGTCCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
2	P3, lig 2	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGCGAGAATTCTCTGAATTC AACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCCGCCTCACGGCCGCCGGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCCGCCACCCGCTCCGGTCCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
3	P4, lig 3	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGCGAGAATTCTCTGAATTC AACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCCGCCTCACGGCCGCCGGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCCGCCACCCGCTCCGGTCCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
4	P4, lig 4	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGCGAGAATTCTCTGAATTC AACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCCGCCTCACGGCCGCCGGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCCGCCACCCGCTCCGGTCCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
5	P4, lig 5	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGCGAGAATTCTCTGAATTC AACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCCGCCTCACGGCCGCCGGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCCGCCACCCGCTCCGGTCCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT

Numero	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			CGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
6	P6, lig 6	Familia: Trichocomaceae Hongo sp	TGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT TACCGAGTGCGGGTCCCCTCGCGGGGCCAACCTCCCACCCGTGTCTACCGT CACCTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTCGTGCCGCCGGGGGGCCCTCTGCG CCCCGGGCCCGCGCCCGCCGAGGACTCTAGGAACACTGAATGAAGGATGCC GTCTGAGTCAACGACACAATCGTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCC GGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATT CCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGG GCATGCCTGTCCGAGCGTCATTACTGCCCATCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGG TCGACGTCCCCTCCCCTCGCGGGGGACGGACCCGAAAGCGATGCGCGTGC CGCGCCGGTGTTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCCGGAGGCCTGG CCGGCGCCCGTCTGCCACACTATTTTTCTCGGTGGACCTCGGATCAGGTAG GGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGA
7*	P7, lig 7	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT CCGAGCGAGAATTCTCTGAATCAACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGT GCTTCGGCGGGCCCGCCTCACGGCCGCGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAA ATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCTCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
8*	P7, lig 8	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT CCGAGCGAGAATTCTCTGAATCAACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGT GCTTCGGCGGGCCCGCCTCACGGCCGCGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAA ATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCTCCTCGAG CGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
8	P9, lig 9	<i>Penicillium</i>	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT TACCGAGTGCGGGTCCCCTCGCGGGGCCAACCTCCCACCCGTGTCTACCGT CACCTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTCGTGCCGCCGGGGGGCCCTCTGCG CCCCGGGCCCGCGCCCGCCGAGGACTCTAGGAACACTGAATGAAGGATGCC GTCTGAGTCAACGACACAATCGTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCC GGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATT CCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGG GCATGCCTGTCCGAGCGTCATTACTGCCCATCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGG TCGACGTCCCCTCCCCTCGCGGGGGACGGACCCGAAAGGCAGTGCGGCTGC CGCGCCGGTGTTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCCGGAGGCCTGG CCGGCGCCCGTCTGCCACACTATTTTTCTCGGTGGACCTCGGATCAGGTAG GGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAA
9*	P9, lig 10	<i>Penicillium fellutanum</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT CCGAGCGAGAATTCTCTGAATCAACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGT GCTTCGGCGGGCCCGCCTCACGGCCGCGGGGGGCATCTGCCCCCGGGCCC GCGCCCGCCGAAGACACCTTGAACCTCTGTATGAAAATTGCAGTCTGAGTCTAA ATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAA GAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCG AGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCCCCTTC CCGGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCTCCTCGAG

Numero	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			CGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCCGGCGCTTGCCGATCA ACCAAACTTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACT TAAGCATAT
10	P9, lig 11	Fungal sp.	TTGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCA TTACCGAGTGCGGGTCCCCTCGCGGGGCCAACCTCCCACCCGTGTCTACCG TCACCTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTCGTGCCGCCGGGGGGCCCTCTGCG CCCCGGGCCCGCGCCCGCCGAGGACTCTAGGAACACTGAATGAAGGATGCC GTCTGAGTCAACGACACAATCGTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCC GGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATT CCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGG GCATGCCTGTCCGAGCGTCATTACTGCCCATCAAGCCCGCTTGTGTGTTGGG TCGACGTCCCCTCCCCTCGCGGGGGACGGACCCGAAAGGCAGTGCAGGTGC CGCGCCGGTGCTTCGAGCGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCCGGAGGCCTGG CCGGCGCCCGTCTGCCACACTATTTTTCTCGGTGGACCTCGGATCAGGTAG GGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA
11*	P9, lig 12	<i>Scytalidium lignicola</i>	TTGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATC ATTACAGAGTTTCATGCCCTCACGGGTAGATCTCCCACCCCTTGTGATTACATACC TTTGTGCTTTGGCAGCGCTGGGCTTCGGCCTGCCACCCGCTCCCGGCGC TGGTGCGCGCTGCCAGGGGACCTCTAAACTCTGTTTGTCTGTGCTGTGAG TATTATAAATCGTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATG AAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCAT CGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTGGTATTCCGAGGGGCATGCCTGTT CGAGCGTCAATTTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTATTGGGCTACGCCATCGCG GCAGGCCTTAAATAGTGCCGGTGGCTCTCGGCTCTAAGCGTAGTAACAAT CTCTCGCTCTGGAGACCTGGCGGTGCTTGCAGACAACCACCAATTTTTTATG GTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT
13	P14, H2	<i>Penicillium concentricum</i>	GGAAGTAAAATTGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT CTGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATTGTACCTTGT TGCTTCGGCGGGCCCGCTTATGGCCGCCGGGGGGCTTACGCTCCCGGGC CCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGTAGTCTGAGTG AAAATATAAATTTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGAT GAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCA TCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGT CCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTTGGGCCCCGTCTCC GATCCCGGGGGACGGGCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCCCTC GAGCGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGCCGGCGCTTGCCGA TCAACCAAATTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAA CTTAAGCATATCATA
14	P16, H3	<i>Penicillium sp.</i>	TGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT TACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATTTACCTTG TTGCTTCGGCGGGCCCGCTTAACTGGCCGCGGGGGCTCACGCCCGGG GCCCCGCCCCGCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGTAGTCTGAG TGAAAATATAAATTTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCG ATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATC ATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTG TCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCCCGCTCCTC CGATTCCGGGGGACGGGCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCCCT CGAGCGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCTGTAGGCCCGGCCGGCGCTTGCCG ATCAACCAAATTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTG AACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA
15	P15, H4	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	TGGAAGTAAAATCGTAACAAGGTTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCAT TACTGAGTTTACGCTCTACAACCCTTTGTGAACATACTATAACTGTTGCTTCGG CGGGTAGGGTCTCCGCGACCCTCCCGGCCTCCCGCCTCCGGGGCGGGTCCGGC GCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTGATTTAACGACGTTTCTTCTGAGTGGTA CAAGCAAATAATCAAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGA AGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATC GAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCGCGCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTT GAGCGTCAATTTCAACCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGGCCCTACAGCCGAT GTAGGCCCTCAAAGGTAGTGCCGGACCCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAA CTTTACGTTCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTCTTGCCGTAACCCCAAT

Numero	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			TTTCCAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATAT CAATAGGCCGGAGGA
16	P16, H4	<i>Talaromyces</i> sp.	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT ACCGAGTGCGGGTTCCAACGAGCCCAACCTCCCACCCGTGTTTACCATGACCG CGTTGCCTCGGCGGGCCCACTGGGGCTGGCCCGGTGCGCGGGGGCTTC TGCCCCGGGTCCGCGCCCGCCGACGCACCCTGGAACCCTGTCTGAATAGTG AGTCTGAGTCTATGATCAAATCATTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCC GGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATT CCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGCATTCCGGGGG GCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCTGCCCTCCAGCCCGGCTGGGTGTTGGGT GTTGTCCCCCGGGGACACGCCCCAAAGGCAGTGGCGCGCCGCGTCCGGGT CCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTACCCGCTCGGGACGGACTCGTCCGGCGCTG GTCTTCTCCAGGCGACCCTTCGGGGCCCGTCTACCTTTCGGTTGACCTCGGA TCAGGTAGGGTTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA
17	P5, H2	<i>Alternaria alternata</i>	GAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATT ACACAAATATGAAGGCGGGCTGGAACCTCTCGGGGTTACAGCCTTGCTGAATT ATTCACCCTTGCTTTTTGCGTACTTCTTGTTCCTTGGTGGGTTCCGCCACCAC TAGGACAAACATAAACCTTTTGAATTGCAATCAGCGTCAGTAACAAATTAATAA TTACAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCG AAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAA CGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTT GTACCCTCAAGCTTTGCTTGGTGTGGGCGTCTTGTCTCTAGCTTTGCTGGAGA CTCGCCTTAAAGTAATTGGCAGCCGGCCTACTGTTTCGGAGCGCAGCACAAG TCGCACTCTCTATCAGCAAAGGTCTAGCATCCATTAAGCCTTTTTTTCAACTTTT GACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA

**A5. Blast de hongos endófitos aislados de *Dryopteris pseudofilix-mas* (Fée) Rothm.**

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
1	1R	<i>Colletotrichum godetiae</i>	CGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTACCGCTCTACAAC CCTTTGTGAACATAACCTAACCGTTGCTTCGGCGGGCAGGGGAAGCCTCTCGCGGGCTGACC CTCCCGGGCGCCGGCCCGTACGGGGGCGGAGCGCCCGCCGGAGGAAACCAAACCTCTATT TACACGACGTCTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATTAACAACTTTTAAACAACGGATCTCTTG GTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGT GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCTCGCCAGCATTCTGGCGAGCATGCCTGTTCCG AGCGTCATTTCAACCCCTCAAGCACCGCTTGGTTTTGGGGCCCCACGGCCGACGTGGGCCCT TAAAGGTAGTGGCGGACCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACCTAACGTCTCGCACTGG GATCCGGAGGGACTCTTGCCGTTAAACCCCAAATTTTTTTCAGGTTGACCTCGGATCAGGTA GGACTACCCGCTGAACTTAAGCATA
2	2R	<i>Fungal endophyte sp.</i>	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAAAGAGTTC TATAACTCCCAAACCCATGTGAACATAACCTAACGTTGCCTCGGCAGGTGCGCGCTACCTCGT AGTCTTACCCTGTAAGACTTACCCGGGAGGTGCGGATTAGCCTGCCGGCCGCCACCAAAAC TCTGTTTATGATTTGAATTTGAACCTATAACTAAATAAGTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCT TGTTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCA GTGAATCATCGAATCTTTGAACGCATATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCAGGACCGTT CGAGCGTCATTTGACCCCTAAGCCTTAGTTGCTTAGTGTGGGAGCCTACGGCAACGTAGC TCCTCAAAGTTAGTGGCGGAGTTGGTTCACACTCTAGACGTAGTAATTTTTATCTCGCCTAT TAGTTGGACTGATCCCTGCCGTAACCCCAAACCTTCTAAAGTTGACCTCGAATCGGTTCA GACAACTCGCTAAATTAAGCATATCA
3	3R	<i>Epicoccum layuense</i>	ATATGCTTAAGTTCAGCGGGTATCCCTACCTGATCCGAGGTCAAGAGTGTAATAATGTACTTT TGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGATGTAAGTCCGCTCCGAAATCAATACGCCG GCTGCCAATTGTTTTAAGGCGAGTCTACACGCAGAGGCGAGACAAAACCCAAACCAAGC AGAGCTTGAAGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCATGGAATACCAAGGGGCGCA ATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATCACTGAATTTCTGCAATTCACACTACTTATCGCATTTTCG CTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTAACCTATTATGTTT TTTCAGACGCTGATTGCAACTGCAAAGGGTTTGAATGTTGTCCAATCGGCGGGCGGACCCG CCGAGGAAACGAAGTACTCAAAGACATGGGTAAGAGGTAGCAGACCCGAAGTCTACAAAC TCTAGGTAATGATCCTTCCGCGAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTACGAYTTT
5	5R	<i>Fusarium acuminatum</i>	CCCCTTGAAGTAAAAGTYGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACC GAGTTTACAACCTCCCAAACCCCTGTGAACATAACCTTAATGTTGCCTCGGCGGATCAGCCCGC GCCCGTAAAACGGGACGGCCCGCCAGAGGACCCAAACTCTAATGTTTCTTATTGTAACCTC TGAGTAAAACAAACAAATAAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATG AAGAACGCAGCAAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTT GAACGCACATTGCGCCCGCTGGTATTCCGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACC CTCAAGCCCCGGGTTTGGTGTGGGATCGGCTCTGCCCTTCTGGGCGGTGCCGCCCC GAAATACATTGGCGGTCTCGCTGCAGCCTCAATGCGTAGTACACTGCAACCTCGCAACTGGA ACGCGGCGCGGCCATGCCGTAACCCCAAACCTTCTGAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGA ATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA
6	6R	<i>Didymella sp.</i>	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAG TTGCGGGCTTTGCCTGCCATCTCTTACCCATGTCTTTTGGAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGG TCCGCCCGCCGATTGGACAACACTTAAACCCCTTTGTAATTGAAATCAGCGTCTGAAAAAATT AATAGTTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAAT GCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGC CCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTTGACCTTCAAGCCTTGCTTGG TGTTGGGTGTTTGTCTCGCCTCTGCGCGCAGACTCGCCTCAAAAACAATTGGCAGCCGGCGT ATTGATTTTCGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTA CATTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATC
7	7R	Uncultured soil	CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGTAGGCTTTGC CTGCTATCTCTTACCCATGTCTTTTGGAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCGAT TGGACAATTTAAACCAATTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACAATAATAGTTACAACCTTC AACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTG AATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCCATG GGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCCTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT CGCCTCTGTGTGAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTTCGAGCGCA

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			GTACATCTCGCGCTTTGTA CT CAGAACGACGGCGTCCAAAAGTACATTTTTACTCTTGACC TCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATATCA
8	8R	<i>Biscogniauxia mediterranea</i>	AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAGCGAGTTAATCATAAACTCCAAA ACCCCTGTGAACTTACCTATGTTGCCTCGGCAGGTCGTGGTGTGTAGCGGTGACCACTGGG TCGCTTGCCTCGCACCACGCTGAAAAGACCTGTCAAAGGACCCCTAAACTCTGTTTTTACAA CTGTATCTCTGAGTCTATTATACAAATAAGTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGG CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCAT CGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCTGATAGTATTCTGT CAGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCA TTTCAACCCCAAGCCCTATTTGCTTGACGTTGGGAGTTTACGGAGACGTAATTCCTCAAATA TAGTGGCGGAGCTAGGTCGTGCTCTAAGCGTAGTAACCACAATTCTCGCTTCTGCAGCCGG CTTAGGTCCTGCCGTA AACCCCTATATTTTTTTTATTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAAT ACCCGCTGAACCTAAGCATAT
9	9R	<i>Cladosporium sp.</i>	AAAARGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACAAGTGACCCCG GTCTAACCCGGGATGTT CATAACCCCTTTGTTCCGACTCTGTTGCCTCCGGGGCGACCC TGCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGCACACTTCAAACCTTTCGTAACCTTTCAGTCTGAG TAACTTAATTAATAAATTA AAAACTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAA CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAAC GCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCATTTACC ACTCA AGCCTCGCTTGGTATTGGGCAACGCGTCCGCCGCGTGCCTCAAATCGACCCGGCTGGGTCT TCTGTCCCCTAAGCGTTGTGGAACTATTGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACGCCGTA AA ACAACCCCATTTCTAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATAT CAATAAGCCGGAG
10	10R	<i>Biscogniauxia sp.</i>	AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAGCGAGTTAATTACAAA CTCCAAA ACCCCTGTGAACTTACCTATGTTGCCTTGGCAGGTCGTGGTGTGTAGCGTGGTCCCTTGCG GGATCGCTGCCTCGCACCACGCCAAAAGGCCTGCCAAAGGACCCCTAAAATCTGTTTTATAA TTGTATCTCTGAGTTTATTATATAAACGAGTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGG CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCAT CGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCTGATAGTATTCTGT CAGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCA TTTCAACCTTCAAGCCCTAATCTGCTTGACGTTGGGAGTTTACGGAGACGTAATTCCTCAAATA ATAGTGGCGGAGCTAGGTCGTGCTCTAAGCGTAGTAACCACACTCTCGCTTCTGCAGCCGG CCTAGGTCCTGCCGTA AACCCCTATATTTTTTTTACTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGA ATACCCGCTGAACCTAAGCATATC
11	11R	<i>Trichoderma atroviride</i>	GGAAGTAAAARTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTT ACAACCTCCCAAACCCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTCACGCCCCGG GTGCGTCGCAGCCCCGGAACCAGGCGCCCGCCGGAGGGACCAACCAAACCTTTTCTGTAG TCCCCTCGCGGACGTTATTTCTTACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAAATGAATCAAACCTTTCA ACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAATCGCAATTCAGTGAATGTGA ATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGC GGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGTCCGGCGTTGGG GATCGGGAACCCCTAAGACGGGATCCCGGCCCGAAATACAGTGGCGGTCTCGCCGCAGC CTCTCATGCGCAGTAGTTTGCACAACCTCGACCCGGAGCGCGGCGCTCCACGTCCGTA AA ACACCCAACCTTCTGAAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAAGCATA TC
13	13R	<i>Xylaria multiplex</i>	GTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAAAGAGTTTTGATAACTCCTAA AACCCATGTGAACTTACCTTCTGTTGCCTCGGCAGGTCGTGTCTACCCTGTGGTCTCCTACC CTGTAGGAGACTACCTGGTGGTACGGGTCTACCTGT CAGTGGCCCGTTAAACTCTGTTTAT TATATGCCATTCTGAATTATCAACTAATAAGTTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTC TGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAAT CATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCATAGTATTCTAGTGGCATGCCTGTTCCGAGCG TCATTTCAACCCCTAAGCCTTTGTTGCTTAGTGTGGGAGCCTACGGCCTTCTGTAGCTCCTT AAAGTTAGTGGCAGAGTCGTTTACTACTAGACGTAGTAGATTCTATCTCGTCTGTAGTTAG GCCGGTCTCTTGCCGTA AACCCCTAAATTTTTTTTTTAAAGTTGACCTCGGATCAGGTA GGAATACCCGCTGAACCTAAGCATAT
15	15R	<i>Mucor hiemalis f. hiemalis</i>	TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAAATAATTTAGATGGCCTCCTAG AACTTGTCTAGGCTGGTTCATTCTTTTTACTGTGAACCTGTTTAAATTTTACGCGTTTGAGGA ATGTCTTTTAGCCATAGGGATAGGCTATAAGAATGTTAACCAAGCTGAAGTCAGGCTTAGGC CTGGTATCCTATTAATTTTACCAAAGAATTCAGTATTAATATTGTAACATAAGCGTAAAAA ACTTATAAAACAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAA GTGCGATAACTAGTGTGAATTGCATATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAACTTGCGC



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			TCAATGGTATTCCATTGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAAAACACCCACATTCATAATTTTGT TGTGAATGGAATTGAGAAATTTGACTTTTGTGATTCTTTAAAATCATTAGGCCTGAACTATT GTTCTTTCTGCCTGAACATTTTTTAAATAAAAGGAATGCTCTAGTATTAAGACTATCTCTGGG GCCTCCCAAATAAAACTTTCTTAAATTTGATCTGAAATCAGGCGGGATTACCCGCTGAACTTA AGCATATC
16	16R	<i>Fungal endophyte</i>	AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAGCGAGTTAATTACAACTCCAAA CCCATGTGAACTTACCTACTGTTGCCTCGGCAGGTCGTGCTATACGGTACGGGAACCTACCC TGGAGAGGAGCTACCCTGGAGTTGAGAGACTCTGGAGAGGAGCTACCCTGGAGTAGCGAAA GCTACCCTGCAGCTGACTTACTCTATATAAGGGCTACCCTGGAGTTGAAAGATACTCTGGAG AGAGGTTACTATAGAGCAAGGAAAGCCCGCAACGGAGCAGCACCTACCCTGTAGTACGTAA CCAGGCCTGCCGAAGGACCCTTAAACTCTGTTTAAATAATTGTATCTCTGAGAAATTATACAA ATAAGTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAAT GCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCC TAATAGTATTCTGTTAGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCAAGCCCTATTGCTT GATGTTGGAACTTACAGCTGCTGTAATTCCTTAAATTTAGTGGCGGAGCTAGGTCATGCTC TAAGCGTAGTAATTTTGTCTCGCTTCTGATGCTGCCCTGTATCCTGCCGTAACCCCTAAA TTTTATTCTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGG CG
17	17R	<i>Epicoccum nigrum</i>	AACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCGGTC TGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATT GGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAACCT TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTG TGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCCA TGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTGT CTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGCGCTATTGATTTGCGGAGC GCAGTACATCTCGCGCTTGCACCTATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTCTTG ACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
18	18R	<i>Epicoccum nigrum</i>	CGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCG GTCTGTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCG ATTGGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAA CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA GTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATT CCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTT TGCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGCGCTATTGATTTGCGGA GCGCAGTACATCTCGCGCTTGCACCTATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTCT TGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
19	19R	<i>Epicoccum nigrum</i>	TGGAAGTAAAAGTTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAG TTTGTAGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGG GTCCGCCCGCCGATTGGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAC ATAATAGTTACAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAA ATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCG CCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTG GTGTTGGGTGTTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGCGCT ATTGATTTGCGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTGCACCTATAACGACGACGTCCAAAAGTAC ATTTTACACTCTTGCACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
21	21R	<i>Xylaria sp.</i>	AACAAGGTYTYCGTTGGKGAACCMGSGRRGGRTCMTTAAAGAGAGTGTATAACTCCCTAA CCCATGTGAACTTACCACTGTTGTTGCCTCGGCAGGCCGTGCTATTCTGTGCCACTGCTTGC CGGTGGCCTATTTAATTCTGTTTGTATGTTATTCTGAAACTAAATAAGAAATTTAAAACCTT CAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCATTAGTATTCTAG TGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCTAAGCCTCTGTTGCTTAGCGTTGGGAGCC TACAGCTTCGGCTGTAGCTCCCTAAATTGAGTGGCGGAGTCCGTTACGCTCTAGATGATG AATTATTTTTTAAATCTCGCCTAGAGTTGCCCGATCTCCTGCCGTAACCCCTAAAATTAAT TTTTTTTTTTTTTTTTTAAAAAGGTNGACCTCGRAYCAGG
22	22R	<i>Colletotrichum godetiae</i>	CGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTACCGCTCTACAAC CCTTTGTGAACATACCTAACCCTTGTTCGGCGGGCAGGGGAAGCCTCTCGCGGGCTGACC CTCCCGGCGCCGGCCCGTACGGGGGCGGAGCGCCCGCCGGAGGAAACCAAACCTATT TACACGACGTCTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATTTAAAACCTTTTAAACAACGGATCTCTT GTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCTCGCCAGCATTCTGGCGAGCATGCCTGTTCCG AGCGTCATTTCAACCCCTCAAGCACCGCTTGGTTTTGGGGCCCCACGGCCGACGTGGGCCCT TAAAGGTAGTGGCGGACCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACCTAACGTCTCGCACTGG GATCCGGAGGGACTCTTGCCGTTAAACCCCAAATTTTTTTCAGTTGACCTCGGATCAGGTA GGACTACCCGCTGAACTTAAGCATAT
23	23R	<i>Colletotrichum godetiae</i>	CGTAACAAGGTTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTACCGCTCTACAAC CCTTTGTGAACATAACCTAACCGTTGCTTCGGCGGGCAGGGGAAGCCTCTCGCGGGCTGACC CTCCCGGCGCCGGCCCCGTCACGGGGCGGAGCGCCCGCCGAGGAAACCAAACCTATT TACACGACGTCTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATTAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTG GTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGT GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCTCGCCAGCATTCTGGCGAGCATGCCTGTTCCG AGCGTCATTTCAACCCCTCAAGCACCGCTTGGTTTTGGGGCCCCACGGCCGACGTGGGCCCT TAAAGGTAGTGGCGGACCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACCTAACGTCTCGCACTGG GATCCGGAGGGACTCTTGCCGTTAAACCCCAAATTTTTTTCAGTTGACCTCGGATCAGGTA GGACTACCCGCTGAACTTAAGCATAT
24	24R	<i>Chromolaenicol a clematidis</i>	CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACACATCATCCAGTGTGGTCCG CGGCCTCCGGGTTCTTCCCGGGCGGTTGGAGGTAACACTCTTACGCGCCACGCGTTTGAA TCCTTTTTTTACGAGCACCTTTGTTCTCCTTCGGTGGGGCAACCTGCCGCTGGAATCATAAC AAAACCTTTTTTGCATCTAGCATTACCTGTTCCGATAACAAACAATCGTTACAACCTTTCAACAA TGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTG CAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCCATGGGGC ATGCCTGTTTCGAGCGTACCTACACCCCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGCGTCTGTCCCGCC TCTGCGCTGGACTCGCCCCAAATTCATTGGCAGCGGTCTTTGCCTCCTCTCGCGCAGCAC ATTGCGCTTCTCGAGGTGTCTGCGGGGCCCGCGTCCACGAAGCATTACCAGTCTTTGACCT CGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT
26	26R	<i>Epicoccum nigrum</i>	TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCGGT CTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGAT TGGACAACATTCAAACCCCTTTCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAAC TTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGT GTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCC ATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTG TCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGGAGC GCAGTACATCTCGCGCTTGCACCTATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACACTCTTG ACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
27	27R	<i>Fusarium sp.</i>	CGTAACAAGGTTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACAACCTCCCAAA CCCCTGTGAACATAACCTTAATGTTGCCTCGGCGGATCAGCCCGCCCGTAAACCGGGAC GGCCCGCAGAGGACCCAAACTTAATGTTCTATTGTAACCTTCTGAGTAAAAACAACAAT AAATCAAACTTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCAAAATG CGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC GCTGGTATTCCGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTTCAACCCTCAAACCCCGGGTTT GGTGTGGGGATCGGATTTTTGTAAGAATCCGCCCTAAATCTATTGGCGGTCTCGCTG CAGCCTCCATTGCGTAGTAGCTAACACCTCGCAACTGGAACGCGGCGCGGCAAGCCGTA AACCCCAACTTCTGAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATAT CAAT
28	28R	<i>Epicoccum nigrum</i>	GTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCGG TCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGA TTGGACAACATTCAAACCCCTTTCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAAC TTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAG TGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATT CATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTT GTCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGGAG CGCAGTACATCTCGCGCTTTCGACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACACTCTT GACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
29	29R	<i>Epicoccum nigrum</i>	CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCG GTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCG ATTGGACAACATTCAAACCCCTTTCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAA CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA GTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATT CCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			TGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTGGA GCGCAGTACATCTCGCGCTTGGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTCT TGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA
30	30R	<i>Epicoccum nigrum</i>	TCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTC GGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCC GATTGGACAACATTCAAACCCCTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACA ACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGT AGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTAT TCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT TTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTGGA AGCGCAGTACATCTCGCGCTTGGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTC TTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAA
32	32R	<i>Annulohypoxylo n stygium</i>	AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTATCAAAAACTCCAAC CCTATGTGAACCTACCTCTGTTTCTCCGCGTACCGCGCCAGCGCATCCGCGAGGGCC CCTTAGGGGGGGCCCTGCTGGTAAGGTACCTGAGTGCCCGCTACCTTCGCGGTACGG CAGCGCGATTAGGGTACCGACGTAGGCCTGCGCGGCCGAGTAGGACCTTCTCGAACTAT AGCACAGTGTGCATCCAACCCCTTTTTAGGGGTCTGAATCACCTCATAACCTATACCGCCCC TAACCGGGTGGTAACTAAAGTTTTTAACTAAATACTTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTT GGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAG TGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTATTG AGCGTCATTACAACCCCTAAGCCCTGTAGCTTAGCGTTGGGAATCTACGCCCCCGAGGGG GCAGTTCTTAAATTTAGTGGCGGAGTTATAGCATACCCCAAGCGCAGTAGTTTAGCTCGCT TTCAGGGAGGCTGTAGCTGCTTGGCGTAAAAGACCCCTTATACTTATAGTGGTTGACCTCG GATTAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGGAGGA
33	33R	<i>Epicoccum nigrum</i>	CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCG GTCTGTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCG ATTGGACAACATTCAAACCCCTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAA CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA GTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATT CCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTT TGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTGGA GCGCAGTACATCTCGCGCTTGGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTCT TGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA
34	34R	<i>Uncultured endophytic fungus</i>	TCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGTAGGGCTTCGGCCCT GTCGAGATAGAACCCTTGCCTTTTTGTAGTACCTTTTCTCGGCGAGGCTCGCCTGCCA ATGGGGACCCCAAAAACACTTTGCAGTACCTGTAAACAGTCTGAACAACTTAAAAAATAA AAGTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG TAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTA TTCCTTAGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTAAACCTTCAAGCTCAGCTTGGTGTGGGTG ACTGTCCGCTTGGGACTCGCCTCAAAATGATTGGCGGCGGTACTTTTGGCTTCGAGCGC AGCAGAAACGCGAACTCGAGGCTGTGTGCTGGCTCCAGAAAGCTATCTTACAATTTGAC CTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC
37	37R	<i>Epicoccum nigrum</i>	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGT TTGTAGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCTCGGCGGG TCCGCCCGCGATTGGACAACATTCAAACCCCTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACA TAATAGTTACAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAA TGCATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGC CCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGG TGTTGGGTGTTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTA TTGATTTGCGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTGGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACA TTTTTACACTCTTACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA
38	38R	<i>Xylaria sp.</i>	TTGGAAGTAAAARTCGTAACAAGGTTTCCGTTGGTGAACAGCGGAGGGATCATTAAAGAGA GTATATAACTCCCTAACCCATGTGAACCTTACCCTGTTGTTGCTCGGCGAGCCGTGTCATT CTGTGCCACTGCTTGGCGGTGGCCTATCTAATTCTGTTTGTATTGTTATTCTGAACTAAATA AGAAATTATTAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGA AATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGC GCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCTAAGCCTCTGTT GCTTAGCGTTGGGAGCCTACAGCTTCGGCTGTAGCTCCCTAAATTGAGTGGCGGAGTCGGT TCACGCTCTAGATGTAGTAATTTTTTAACTCTCGCCTAGAGTTGCCCGATCTCTGCGG

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			TAAAACCCCTAAATTTTTTTTTAAAAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAA
39	39R	<i>Trichoderma atroviride</i>	AAAAANTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACAAC TCCCAAACCCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACAGCCCCGGGTGCG TCGCAGCCCCGGAACCAGGCGCCCCGCGGAGGGACCAACCAAACCTTTTCTGTAGTCCCCT CGCGGACGTTATTTCTTACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAATGAATCAAACCTTTCAACAACG GATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCA GAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCAT GCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGTCCGGCGTTGGGGATCGG GAACCCCTAAGACGGGATCCCAGCCCCGAATACAGTGGCGGTCTCGCCGCAGCCTCTCAT GCGCAGTAGTTTGACAACCTCGCACCGGGAGCGCGGCGCTCCACGTCCGTAAAACACCC AACTTCTGAAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
40	40R	<i>Penicillium</i> sp.	AAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGC CCTCTGGGTTCCAACCTCCACCCGTTTATTTACCTTGTTCCTCGGCGGGCCCGCTTAA CTGGCCGCGGGGGGCTCACGCCCCGGGCGCCCGCCGAGACACCCCTCGAACTC TGCTGAAGATTGTAGTCTGAGTGAAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTT GGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGT GAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCC GAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCCCGCTCCTCCGATTCCGGGG GACGGGCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGCGTCCGGTCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTC ACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCGGCTTGGCGATCAACCCAAATTTTATCCAGTTGACCT CGATCAGGTAGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGG
41	41R	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	AAANTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTATAGAGTTTTCTAAAC TCCAAACCCATGTGAACCTTACCTTTTGTTCCTCGGCAGAAAGTTACCCGGTACCTGGAGACA GGTTACCCTGTAGCTGCTGCCGGCGGACCATTAACCTCTTGTATTTTATAGTAATCTGAGCG TCTTATTTTAAATAAGTCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAAC GCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAAATCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACG CACATTGCGCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCTAAG CCTAGCTTAGTGTGGGAATCTACCTCTTTCTTTAAGTTGTAGTTCCTGAAATAACAACGGCG GATTTGTAGTATCCTCTGAGCGTAAATCTTTCTCGCTTTTGTGAGGCTGCGACTCC AGCCGCTAAACCCCAATTTTTTGTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACT TAAGCATATCAATAAGCCGGAGG
42	42R	Fungal sp.	AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAAAGAGTTTTTACAACCTCCAAAC CCCTGTGAACGTACCTCTTGTTCCTCGGCAGGCTCGCCTACCTGTAGCGCCCTACTC TGTAGGGTTTACCCGGGGAGTGCGGGGGTCCCTGCCGGCGGCCCCGAAAACCTGTTTGTAG CACTGAATTTCTGAACATATAACTAAATAAGTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTG GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGAATTGCAGAAATCAGTGAATCA TCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTGAGCGTC ATTTCAACCCCTAAGCCCTGTTGCTTAGCGTTGGGAGCCTACGGCAGCGTAGCTCCCCAAA GTTAGTGGCGTGGTCCGTTACACTCCAGACGTAGTAGATTTTACCTCGCCTGTAGTCGGA CCGGTCCCCTGCCGTAACACCCCAATTTTTAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATAC CCGCTGAACTTAAGCATATCA
44	44R	<i>Alternaria tenuissima</i>	GGAAGTTAAAANGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACACAAA TATGAAGGCGGGCTGGAACCTCTCGGGTTACAGCCTTGTGAATTATCACCCTTGTCTTT TGCGTACTTCTTGTTCCTTGGTGGTTGCGCCACCCTAGGACAAACATAAACCTTTTGTAA TTGCAATCAGCGTCAGTAACAAATTAATAATTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTG GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAAATCAGTGAATCA TCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTGAGCGTC ATTTGTACCCTCAAGCTTTGCTTGGTGTGGGCGTCTTGTCTTAGCTTTGCTGGAGACTCG CCTTAAAGTAATTGGCAGCCGGCCTACTGGTTTTCGGAGCGCAGCACAAGTCGCACTCTCTAT CAGCAAAGGTCTAGCATCCATTAAGCCTTTTTTCAACCTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGAT ACCCGCTGAACTTAAGCATAT
45	45R	<i>Alternaria alternata</i>	TCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACACAAATATGAAGGCGGG CTGGAACCTCTCGGGTTACAGCCTTGTGAATTATCACCCCTTGTCTTTTGCCTACTTCTTG TTTCTTGGTGGGTTGCGCCACCCTAGGACAAACATAAACCTTTTGAATTGCAATCAGCGT CAGTAACAAATTAATAATTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAAATCAGTGAATCATCGAATCTTTGAA CGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCCTCA AGCTTGTCTGGTGTGGGCGTCTGTCTTAGCTTGTGAGACTCGCCTTAAAGTAATT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			GGCAGCCGGCCTACTGGTTTTCGGAGCGCAGCACAAAGTCGCACTCTCTATCAGCAAAGGTCT AGCATCCATTAAGCCTTTTTTCAACTTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGA TAAGCATATCAATAAGCC
46	46R	<i>Fusarium sarcochroum</i>	AAAARTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACA ACTCCAAACCCCTGTGAACATACCTTACTGTTGCCTCGGCGGATCAGCCCGCTCCCTGTAA AACGGGACGGCCCGCCAGAGGAAAACCAAACCTATTGTATCCAACGTATCTTCTGAGTAA CAAAAACAATAAAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA ACGCAGC AAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGC ACATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCA AGCCCCGGCTTGGTGTGGGGATCGGGCTGCCTAGGCAGTCCGCCCCGAAATCTAGTGG CGGTC TCGCTGCAGCTTCCACTGCGTAGTAGAAATATCTCGCAGCCGGGACGCGCGCGGCCAT GC CGTTAAACACCCAACTTCTGAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACT TAA GCATATCAA
47	47R	<i>Sarocladium</i> sp.	AACAAGTGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCAGAGTGCCCTAGGCTCT CC AACCCATTGTGAACATACCTAACGTTCCCTCGGCGGGCTCAGCGCGCGGTGCCTCCGGG CT CCGGCGTCCGCGGGGACAACCAAACCTGATTTTATCGTGTATCTCTGAGGGGCGAAAG CCCGAAAACAAAATAAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGA AGA ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTT GAAC GCACATTGCGCCCGCCGGCACTCCGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCT CA GGCCCCCTTTCCGGGGGGACCTGGTGTGGGGATCAGCGGCCCTCGGGCCCCGTGCC C CCAAATACAGTGGCGGTGCGCGCCGAGCCTCCCTGCGTAGTAGCACACCTCGCACC GGA GAGCGGTTTCGACCACGCCGTAACCCCAACTTTCCAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGG A AATACCCGCTGAACTTAAGCATATC
48	48R	<i>Xylaria</i> sp.	CGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTAAAGAGTTATTACA ACTCCCA AACCCATGTGAATATACCATCTGTTGCCTCGGCAGGTGCGCCTACCCTGTGAGATCCT ACC CTGTAGCGTCTTACCCGGTAGACGCGGGTAATCCTGCCCGCGCCCATGAAACTCTGTT TA GTATGTTATTCTGAATCTATAACTAAATAAGTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTT GGTTCTG GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGA ATCA TCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCATTTAGTATTCTAGTGGCATGCCTGTTCCGAG CGTC ATTTCAACCCTTAAGCCTTTGTTGCTTAGCCTTGGGAGCCTACAGCTTCTGTAGCTCT TAAA GTTAGTGGCGGAGTCCGTACACACTCTAGACGTAGTAAATTTATCTCGTTTTGAGTT GCGC CGGTCCCTTGCCGTAAAACACCCCTATTTTTTAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGA ATAC CCGCTGAACTTAAGCATATCAATA
50	50R	<i>Fusarium oxysporum</i>	TGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCG AGTT TACAACCTCCAAACCCCTGTGAACATACCACTTGTGCTCGGCGGATCAGCCCGCTCCCG G GTAACCGGGACGGCCCGCCAGAGGACCCCTAAACTCTGTTTCTATATGTAATCTTCTGAG TA AAACCATAAATAAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA ACG CAGCAAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGA ACGCA CATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCA AGC ACAGCTTGGTGTGGGACTGCGTAAATTCGCGTTCCTCAAATTGATTGGCGGTACAGT CGA GCTTCCATAGCGTAGTAGTAAAACCCCTCGTACTGGTAATCGTCGCGGCCACGCCGTT AAC CCCAACTTCTGAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATAT CAA TAARCGGAGGA
51	51R	<i>Chaetomiaceae</i> sp.	AAANTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACAGAGTTGCA AAACT CCCTAAACCATCGTGAACGTTACCCAAACCGTTGCTTCGGCGGGCGGCCCCCTGCGCG CC CCTGGGCCCCACCGCGGGCGCCCGCCGAGGTCACCAAACCTCTGATACTTTATGGCCT CT CTGAGTATTCTGACTGAATAAGTCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCAT CGA TGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AATC TTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAT TTCAA CCATCAAGCCCCGGGCTTGTGTTGGGGACCTGCGGCTGCCCGCAGGCCCTGAAACCAG G TGGCGGGCTCGCTGTACACCCGAGCGTAGTAGCATAACATCTCGTACAGGGCGTGTG CGG GTTCCGGCCGTTAAACGACCTTCATAACCCGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAAGACC C GCTGAACTTAAGCATATCAATA
52	52R	<i>Boeremia exigua</i>	GTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGTAGGCTT TGCC TACCATCTTTACCCATGTCTTTTGTGACCTTCGTTTCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGAT T GGACAACTTAACCCCTTTGTAATTGAAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACA ACTTTC AACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGT AGTGTG AATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATT CCATG GGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTGTCT

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
			CGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTTCGGAGCGC AGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAAGTACTTTTTACTCTTGAC CTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGG
55	55R	<i>Preussia minima</i>	GAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGTTGGG CTTCGGCCATTGAGATAATACCCTTGCCTTTTGAGTACCTTTTCGTTTCCTCGGCAGGCT CGCCTGCCAACGGGGACCCTTCAAACGCCTTGAATACCTGTAATTGTCTGATATAACAAG CAAAAATTAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAA TGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGC CCTTTGGTATTCTTAGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTAAACCTTCAAGCTCAGCTTGGT GATGGGTGACTGTCCCCCTTCGCGGGGGGACTCGCCTCAAAAACATTGGCGCCGGTA CATTGGCTTCGAGCGCAGCAGAAACGCGGTCTCGAGCCGGTGGATCGTCTCCATAAGCT CCTCTTTATTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAGCATATC
57	57R	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>	AAARTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACAAGTGACCCCGGT CTAACCCGGGATGTTACATAACCCTTTGTTGCCACTCTGTTGCCTCGGGGGCACCCTG CCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGGACACTTCAAACCTTTGCGTAACTTTGCAGTCTGAGTA AACTTAATTAATAAAATTAACACTTTTAAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACG CAGCGAAATGCGATAAGTAATGTAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA CATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTACCACCTCAAGC CTCGCTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCCGCGTGCCTCAAATCGACCCGGTGGGTCTTCT GTCCCTAAGCGTTGTGAAACTATTGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACGCCGTAAAAC AACCCATTCTAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAGCATAT
58	58R	<i>Epicoccum nigrum</i>	TGGAAGTAAAAANGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAG AGTTTGTGGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGC GGGTCCGCCCGCCGGTTGGACAACATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAA ACTTAATAGTTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCG AAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTG CGCCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCT TGGTGTGGGTGTTTTGTCTCGCCTCCGCGCGCAGACTCGCCTAAAACAATTGGCAGCCG GCGTATTGATTCGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCAGAACGACGACGTCCAAAAAGT GTACATTTTTACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAGCATAT
59	59R	<i>Phoma</i> sp.	GGAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGA GTTGTAGGCTTTGCCTGCTATCTTACCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGG TTCGCCCGCCGATTGGACAATTTAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAA TAGTTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATG CGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCC CCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGT GTTGGGTGTTTGTCTCGCCTTCGCGTGTAGACTCGCCTCAAACAATTGGCAGCCGGCGTAT TGATTTGAGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCAGAACGACGACGTCCAAAAAGTACAT TTTTACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAGCATAT
60	60R	<i>Alternaria alternata</i>	GGAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACACAAA TATGAAGGCGGGCTGGAACCTCTCGGGGTTACAGCCTTGCTGAATTATTCACCCTTGCTTTT TGCGTACTTCTTGTTCCTTGGTGGGTTGCCCCACCACTAGGACAAACATAAACCTTTTGTA TTGCAATCAGCGTCAGTAACAATTAATAATTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTG GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCA TCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTTTCGAGCGTC ATTTGTACCCTCAAGCTTTGCTTGGTGTGGGGCTTTGTCTCTAGCTTTGCTGGAGACTCG CCTTAAAGTAATTGGCAGCCGGCCTACTGGTTTCGGAGCGCAGCACAAGTCGCACTCTCTAT CAGCAAAGGTCTAGCATCCATTAAGCCTTTTTTTCAACTTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGAT ACCCGCTGAACCTTAAGCATATC
61	61R	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	GGAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACAAGTG ACCCCGGTCTAACCCGGGATGTTTATAACCCTTTGTTGTCGACTCTGTTGCCTCCGGGG CGACCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGGACACTTCAAACCTTTGCGTAACTTTGCGAG TCTGAGTAAACTTAATTAATAAAATTAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGAT GAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCT TTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTAC CACTCAAGCCTCGCTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCCGCGTGCCTCAAATCGACCCGGCT GGGTCTTCTGTCCCTAAGCGTTGTGAAACTATTGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACG CCGTAACAACCCCATTTCTAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTA AGCATATCA

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
63	63R	<i>Cladosporium asperulatum</i>	TTTGGAAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACAAGT GACCCCGTCTTACCACCGGGATGTTTCATAACCCTTTGTTGTCGACTCTGTTGCCTCCGGG GCGACCCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGGACACTTCAAACCTTTGCGTAACTTTGCA GTCTGAGTAAACTTAATTAATAAATTAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGA TGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATC TTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCGCGGGGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCATTTCA CCACTCAAGCCTCGCTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCGCGTGCCTCAAATCGACCGGC TGGGTCTTCTGTCCCTAAGCGTTGTGGAAACTATTCGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACG CCGTAACCAACCCCATTTCTAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTA AGCATATCAATAAGCGGA
66	66R	<i>Nigrospora oryzae</i>	GGAAGTNAAAARTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACAGAGTT ATCCAACCTCCCAAACCCATGTGAACCTTATCTTTGTTGCCTCGGCGCAAGCTACCCGGGAC CCAGTGCCCCGGGCGGCCCGCCGCGGACAAACCAAACCTGTTATCTTAGTTGATTATCT GAGTGTCTTATTAATAAGTCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGA GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGA ACGCACATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCATTTCAACCCCT AAGCATAGCTTACTGTTGGGACTCTACGGCTCCGTAGTTCGCCAAAGCCATTGGCGGAGT GGCAGTAGTCTCTGAGCGTAGTAATCTTTATCTCGCTTTTGTAGGTGCTGCCCGCCGG CCGTTAAACCCCAATTTTTCTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTT AAGCATATCAATAGGCCGGGAGGAAATACCCGCTGA
67	67R	Uncultured soil fungus	AAAANTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGTAGG CTTTGCCTGCTATCTTACCATGTCTTTTGGTACCTTCGTTTCCCTCGGCGGGTCCGCC GCCGATTGGACAATTTAAACCATTTGCAAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAACATAATAGTTAC AACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG TAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTA TTCCATGGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCAATTTGTACCTTCAAGCCTTGCTTGGTGTGGGTG TTTGTCTCGCCTCTGTGTGTAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCG GAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGACTCAGAACGACGGCGTCCAAAAGTACATTTTTACAC TCTTGACCTCGGATCAGGTAGGATACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAA
68	68R	<i>Ilyonectria crassa</i>	TGGTAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGA GTTTACAACCTCCCAAACCCCTGTGAACATACCATTTGTTGCCTCGGCGGTGCCTGCTTCGGC AGCCCGCCAGAGGACCCAAACCCCTGATTTTATACAGTATCTTCTGAGTAAATGATTAATAA ATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCG ATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCG CAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCAATTTCAACCCCTCAAGCCCCGGGCTTGG TGTTGGAGATCGGCGTGCCTCCCGGGGCGCGCCGGCTCCCAAATATAGTGGCGGTCTCG CTGTAGCTTCTCTGCGTAGTAGCACACCTCGCACTGGAAAACAGCGTGGCCACGCCGTTA AACCCCCACTTCTGAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCAT ATC
69	69R	<i>Fusarium sarcochroum</i>	ACANTGMTSCNANKNGWACCARCGKWKSGRTCATTACCGAGTTKNMRRCTCCCAAACMCN WGTSAAACAYACCTDDSKGTTTRCCTCSSYGGATCAKYBVCWCCYGTARAWCGGKRYGGMY CBSCAGAGGAAAACCAAACCTCTAYTGWATSMAAMGBATCTTCTGAGTWACAAAAACAAATAA ATMAAACTTTTCAMCAAYRKATCTCTTGSWTCTGSCATCGATGAMGAACGCAGCAAAAAGM RATAAGTAAWGTGAATTCRAGAATTCRRWSAATCAWMGWATCWWTGAACRYACATYCGGS CYGCCASTATTCTGGCSGGCTGYYGTTTCGAGCKTMYTTCWCCCTCRWSMICYCHGGV CTTGGTGTGGGGATYKRYTGCCTAGRCAKYCYKCCSSGARATCTAVTGGCRRTCKMGCT GCAGCTTMCAGTGCCTAGKAGRWAWATSTNNHGCAGCNSGACKMGGCGCGGSCATGCC GHTAAACACCCAACTWYYKAATGTTGACCTCGGATSARGTWKRAMYWMMCRCTGAACTTAA GSAWATCAATAAGCGGAGGAA
70	70R	<i>Epicoccum nigrum</i>	GTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGACTTCGG TCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGGTACCTTCGTTTCCCTCGGCGGGTCCCGCCCGGA TTGGACAACATTCAAACCTTTGCAAGTTCAGCTGCAACTCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAAC TTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAG TGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTGGTATTC CATGGGGCATGCCTGTTCCGAGCGTCAATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTT GTCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGGAG CGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACTCTT GACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATC

N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
71	71R	<i>Boeremia exigua</i> var. <i>pseudolilacis</i>	TTTKGAAGTAAAAAANTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTA GAGTTGTAGGCTTTGCCTACCATCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCCTCGGCG GGTCCGCCCGCGGATTGGACAACTTAAACCCTTTGTAATTGAAATCAGCGTCTGAAAAAAC ATAATAGTTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAA ATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCG CCCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTG GTGTTGGGTGTTTGTCTCGCCTTTCGCGTGTAGACTCGCCTTAAAAACAATTGGCAGCCGGCGT ATTGATTTTCGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAAGTA CTTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT
72	72R	Uncultured endophytic	AAAAATCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGTAGGGCTTCGG CCCTGTGAGATAGAACCCTTGCCTTTTTGTAGTACCTTTTCGTTTCCTCGGCAGGCTCGCCT GCCAATGGGGACCCCAAAAAACACTTTGCAGTACCTGTAAACAGTCTGAACAAACTTTAAAAA TTAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGA TAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTT GGTATTCTTAGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTAAACCTTCAAGCTCAGTCTGGTGTG GGTGACTGTCCGCTTGGGACTCGCCTCAAATGATTGGCGGCCGGTACTTTTGGCTTCGA GCGCAGCAGAAACGCGAACCTCGAGGCCTGTGTGCTGGCTCCAGAAAGCTATCTTCACAATT TTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAANNNGAAGGAAA
73	73R	<i>Myrmaecium rubricosum</i>	GAAGTAAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAAACAGAGAT CGGCGCCGCCCTCACCGGGCGCGCACCTTCCAACCCCTTGAATCGTCACACCCGACC CGGTCGCTCCCCCGCTCGCGGGGGGCGCTCCAGTCCAACCTCGCTCCTCGAAACCTTGGC GTCTGAGTCGACACGACAAATCAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATC GATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAA TCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGCAGTCCGGGGGACACATCTGTTTCGAGCGTCATTA CAACCTCAAGCTCTGCTTGGTCTTGGGCGTCCCGTCCCGCCTCGCGCGGCGGACGCGC CTCAAACCTCTCGGCGGTCCGCACCGGCTTCGAGCGTAGCAATCGCACCTCGCTCACGGAG TCCGGCTCGGGTCTGCGCATGACGACACACCGTTTCATTTGAAAGGTTGACCTCGGAT CAGATGGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA
74	74R	<i>Colletotrichum godetiae</i>	CGTAACAAGGTCCTCCGTTGGTGAACAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTACCGCTCTACAAC CCTTTGTGAACATACCTAACCGTTGCTTCGCGGGCAGGGGAAGCCTCTCGCGGGCTGACC CTCCCGCGCCGGCCCGTACGCGGGGCGGAGCGCCCGCCGAGGAAACCAAACCTCTATT TACACGACGTCTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATTAACCTTTTAAACAACGGATCTCTTG GTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGT GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCTCGCCAGCATTCTGGCGAGCATGCCTGTTTCG AGCGTCATTTCAACCTCAAGCACCGCTTGGTTTTGGGGCCCCACGGCCGACGTGGGCCCT TAAAGGTAGTGGCGGACCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACATCGTCTCGCACTGG GATCCGGAGGGACTCTTGGCGTTAAACCCCAAAATTTTTTCAGTTGACCTCGGATCAGGTA GGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGG
75	75R	<i>Periconia</i> sp.	TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACGAAATTCGGCGCGCTTCGGC GCTGCCTTATTACCCACCCTTTGTCTACGTGTACCTCTATAGCTTCTCGGCGGGCTCGCC CGCCGCCAGGAACCCACGAAACCCCTTGCATTATACAGAAAACCTTCTGATAACAAACCTAA ATTATTACAACTTTCAACAATGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATG CGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGGC CATAGGTATTCTTTGGCCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTACACCTCAAGCCTAGCTTGGT GTTGGCGTCTGTCCCGCTTTTCGCGCGGACTCGCCTCAAAGTCATTGGCGGCGGTG GTGCCGGCTCCTCGCGCAGCACATTTGCGCTTCTCGGAGGCCCGGCGGATCCGCGCTCCA GCAAAGACCTTTCATGACTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT CA
76	76R	<i>Biscogniauxia</i> sp.	ACAAGGTTYTCCGTTGGTGAACAGCGGAGGGATCATTAGCGAGTTAATTACAAACTCCAAA ACCCCTGTGAACCTTACCTATGTTGCCTTGGCAGGTCGTGGTGTGTAGCGTGGTCCCTTGGC GGATCGCTGCCTCGCACCACGCCAAAAGGCTTCCAAAGGACCCCTAAAATCTGTTTTATAA TTGTATCTGAGTTTATTATAAACGAGTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTTGGCTCTGG CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCAT CGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCTGATAGTATTCTGTGAGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCA TTTCAACCTTCAAGCCCTAATCTGCTTACGTTGGGAGTTTACGGAGACGTAATTCCTCAAT ATAGTGGCGGAGCTAGGTCTGTCTAAGCGTAGTAACCACACTCTCGCTTCTGCAGCCGG CCTAGGTCTGCGGTAACCCCTATATTTTTTTTTACTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGA ATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG



N°	Clave	Identificación molecular	Secuencias ITS rDNA
78	78R	<i>Botrytis cinerea</i>	GGAAGTNAAAAANGTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGAGT TCATGCCCCGAAAGGGTAGACCTCCCACCCTTGTGTATTATTACTTTGTTGCTTTGGCGAGCT GCCTTCGGGCCCTTGTATGCTCGCCAGAGAATACCAAACTCTTTTTATTAATGTGCTCTGAGT ACTATATAATAGTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCA GCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA TTGCGCCCCCTTGGTATTCCGGGGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCTTA GCTTGGTATTGAGTCTATGTCAGTAATGGCAGGCTCTAAAATCAGTGGCGGGCCGCTGGG TCCTGAACGTAGTAATATCTCTCGTTACAGGTTCTCGGTGTGCTTCTGCCAAAACCCAAATTT TTCTATGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAARCCG GAGG
79	79R	<i>Basidioascus undulatus</i>	GAGGATCATTAAATGAAACTGAAGTCTTCGGACTCATCTTCATTATTCACACACACCTGTGCA CCTTTTGATTGAGTGTGCTGGTTATTAGAGCTTCGGCTTGAATGCTAGTGTCTGTCTCAATATC AACCTTTTAAAACAATGTTTTCTAGAATGTATACTGTCTCGTTGTAATGACGAGTACAACCCCT ATAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCAGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGA TAAGTAATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTTCGCCCTTT GGTATTCCGAAGGGCAGCCTGTTGGAGTGTATGAATACCTCAACCCTTACCGGTTTTATC GCTTGTAAAGGTGTTGGTTGTGAGCGTTGCCGGTCGCAAGATCAGCTCGCTTAAAGTCATTA GCTGGATCCACTTTGACCTGGTTCTACTCGGCCTAATAAGTTATTATCGTTCGAGGACACCTT CTCTTTTGAGGGTGGCCACAGTAAAGGTTGCGAACCGCTTCTAATACGTCTGCTTAGTCTTC GGGCTAACGCAACACTTTTTATCTCTGACCTCCAATCAGGCGNNNNNC
81	81R	<i>Preussia similis</i>	GGAAGTNAAAAARTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGTAGG GCTTCGGCCCTGTCGAGATAGAACCCTTGCTTTTTGAGTACCTTTTTCTGTTTCCTCGGCAG GCTCGCCTGCCAATGGGGACCCAACAAAACACTTTGTAGTACCTGTAACCGTCTGAACAAAC AAACAAAAAATTAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGC GAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATT GCGCCCTTTGGTATTCTTAGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTAAACCTTCAAGCTCAGC TTGGTGTGGGTGACTGTCCGCTTACCGCGGACTCGCCTCAAAATTATTGGCGGCCGGTA CATTGGCTCTCGAGCGCAGCAGAAACGCGTAACTCGAGGTCTCTGCTGGCTCCCAGAAG CTATCTTACAATTTTACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATA
82	82R	<i>Epicoccum layuense</i>	AANTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTAGAC TTCGGTCTGCTACCTTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCTGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCC GCCGATTGGACAACATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAACATAATAGTT ACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATA AGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTG GTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGG GTGTTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATT TCGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTATAACGACGACGTCCTAAAAGTACATTTTAA CACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCCGGAG GA