

DEPÓSITO LEGAL ZU2020000153

ISSN 0041-8811

E-ISSN 2665-0428

Revista de la Universidad del Zulia

Fundada en 1947
por el Dr. Jesús Enrique Lossada



Ciencias del
Agro,
Ingeniería
y Tecnología

Año 17 N° 48
Enero - Abril 2026
Tercera Época
Maracaibo-Venezuela

Evaluación de la producción de reguladores vegetales por *Bacillus paralicheniformis*

Zitlhaly Esmeralda Mancillas Betancourt*

Teófilo Flores Santiago**

Isidro Palos Pizarro***

Simón Josías Téllez Luis****

Xochitl Fabiola De La Rosa Reyna*****

José Luis Hernández Mendoza*****

Jesús Di Carlo Quiroz Velásquez*****

RESUMEN

Bacillus paralicheniformis es una bacteria del género *Bacillus* con creciente relevancia en la biotecnología agrícola por su capacidad de producir compuestos bioactivos, ofreciendo una alternativa ecológica a los pesticidas convencionales. Esta investigación tuvo como objetivo evaluar su potencial como promotora del crecimiento vegetal en cultivos nativos del norte de Tamaulipas, así como su impacto ambiental. Se utilizó una muestra de suelo del inventario del Laboratorio de Biotecnología Experimental del Centro de Biotecnología Genómica (IPN), y el aislamiento microbiano se realizó en medio rojo Congo. Las colonias obtenidas mostraron morfología rugosa, coloración absorbente y textura dura, características del género *Bacillus*. La identificación molecular mediante amplificación del gen ARNr 16S con iniciadores universales 27F y 1492R reveló una secuencia de 1085 pb correspondiente a *Bacillus paralicheniformis*. Posteriormente, se detectó por HPLC la síntesis de ácido indol acético y ácido antranílico, ambos reguladores vegetales clave. Estos resultados confirman el potencial de *B. paralicheniformis* como biofertilizante, al estimular el crecimiento vegetal y reducir la dependencia de insumos químicos. Su aplicación representa una estrategia innovadora para avanzar hacia una agricultura más sostenible, eficiente y respetuosa con los ecosistemas locales.

PALABRAS CLAVE: Microorganismo, Agricultura, Seguridad alimentaria, México.

*Universidad Autónoma de Tamaulipas-Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa, México. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-9032-3095>. E-mail: a2173245194@alumnos.uat.edu.mx

**Universidad Autónoma de Tamaulipas-Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa, México. E-mail: fsteofilo@docentes.uat.edu.mx

***Universidad Autónoma de Tamaulipas-Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0124-531X>. E-mail: ipalos@docentes.uat.edu.mx

****Universidad Autónoma de Tamaulipas-Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa, México. E-mail: tellezr@uat.edu.mx

*****Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Tamaulipas, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4517-9481>. E-mail: xdelarosa@ipn.mx

*****Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Tamaulipas, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1233-0133> E-mail: jhernandezm@ipn.mx

*****Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Tamaulipas, México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6021-0427>. Correspondencia. E-mail: jquiroz@ipn.mx

Evaluation of the Production of Plant Regulators by *Bacillus paralicheniformis*

ABSTRACT

Bacillus paralicheniformis is a bacterium from the *Bacillus* genus that has gained increasing attention in agricultural biotechnology due to its ability to produce bioactive compounds, offering an eco-friendly alternative to conventional chemical pesticides. This study aimed to evaluate its potential as a plant growth promoter in native crops from northern Tamaulipas, Mexico, and assess its environmental impact. A soil sample was obtained from the inventory of the Experimental Biotechnology Laboratory at the Center for Genomic Biotechnology (IPN), and microbial isolation was performed using Congo red selective medium. The resulting colonies exhibited rough surfaces, dye absorption, and firm texture, consistent with *Bacillus* morphology. Molecular identification was conducted by amplifying the 16S rRNA gene using universal primers 27F and 1492R, yielding a 1085 bp sequence corresponding to *Bacillus paralicheniformis*. HPLC analysis confirmed the synthesis of indole-3-acetic acid and anthranilic acid, both key plant growth regulators. These findings support the potential of *B. paralicheniformis* as a biofertilizer, enhancing plant development while reducing reliance on chemical inputs. Its application represents an innovative strategy for advancing sustainable, efficient, and ecosystem-friendly agriculture.

KEY WORDS: Microorganism, Agriculture, Food security, Mexico.

Introducción

La búsqueda de alternativas sostenibles para la agricultura moderna ha impulsado un creciente interés en el uso de microorganismos benéficos, capaces de mejorar la productividad de los cultivos en la región norte de Tamaulipas y, al mismo tiempo, mitigar el impacto ambiental derivado del uso excesivo de agroquímicos convencionales. Entre estos microorganismos, las bacterias del género *Bacillus* destacan por su notable capacidad para producir metabolitos con funciones clave en la promoción del crecimiento vegetal y en el control biológico de fitopatógenos que afectan negativamente a los cultivos.

El ácido indol-3-acético (AIA o IAA, por sus siglas en inglés) es el principal miembro de la familia de las auxinas producidas por las plantas, y desempeña un papel esencial en numerosos

Z. E. Mancillas Betancourt et al// Evaluación de la producción de reguladores vegetales... 22-34

procesos fisiológicos como la formación de hojas, el desarrollo embrionario, la iniciación y elongación de raíces, la abscisión foliar, el fototropismo, el geotropismo y la maduración de frutos. Entre sus funciones más destacadas se encuentra la estimulación del crecimiento radicular, al incrementar la longitud de la raíz y el número de ramificaciones, pelos y raíces laterales, lo que favorece la absorción de nutrientes del entorno (Romero *et. al.* 2025). Debido a su relevancia en el crecimiento y desarrollo vegetal, el AIA ha sido ampliamente estudiado desde su descubrimiento como fitohormona, identificándose que no solo las plantas, sino también diversos microorganismos como bacterias, hongos y algas, son capaces de producir cantidades fisiológicamente activas de este compuesto (Sheela Chandra *et. al.* 2018) Su biosíntesis ocurre a través de múltiples rutas interrelacionadas, siendo la dependiente de triptófano la mejor caracterizada.

En este contexto, las bacterias rizosféricas aprovechan los compuestos solubles liberados por las raíces —aminoácidos, azúcares y ácidos orgánicos— como sustratos para la producción de metabolitos secundarios, entre los que destaca el AIA. En particular, *Bacillus paralicheniformis* se ha consolidado como una especie de interés por su capacidad de sintetizar reguladores vegetales naturales como el ácido indolacético, el ácido antranílico y el triptófano, los cuales influyen de manera significativa en el desarrollo de las plantas (Méndez-Espinoza *et. al.*, 2019). Estos reguladores no solo estimulan el crecimiento radicular y la absorción de nutrientes, sino que también fortalecen la tolerancia de las plantas frente a condiciones adversas como sequía, salinidad y estrés biótico (Chen *et al.*, 2021). Tales propiedades posicionan a *B. paralicheniformis* como una herramienta biotecnológica prometedora en el diseño de biofertilizantes y bioestimulantes, capaces de reducir la dependencia de fertilizantes y pesticidas químicos, cuyos efectos negativos sobre el ambiente y la salud humana son cada vez más evidentes.

Además de su impacto en la productividad agrícola, el uso de *B. paralicheniformis* en la producción de reguladores vegetales contribuye a la res tauración y mantenimiento de la salud del suelo. La disminución de contaminantes químicos y la mejora de la calidad del ecosistema agrícola representan avances significativos hacia una agricultura más sostenible. No obstante, a pesar del potencial demostrado por esta bacteria, aún es necesario profundizar en la

Z. E. Mancillas Betancourt et al// Evaluación de la producción de reguladores vegetales... 22-34
comprendión de los mecanismos bioquímicos implicados en la síntesis de reguladores vegetales
y en su efecto sobre distintos sistemas agrícolas (Corrales-Ramirez *et al.*, 2017).

En este contexto, la presente investigación se centra en analizar la capacidad de *Bacillus paralicheniformis* para producir reguladores vegetales y evaluar su influencia en el crecimiento de cultivos nativos de la región norte de Tamaulipas, así como en su impacto ambiental. Este enfoque permitirá proponer estrategias innovadoras que contribuyan a una agricultura más sostenible, eficiente y respetuosa con los ecosistemas.

1. Materiales y métodos

1.1. Aislamiento microbiano

La muestra de suelo fue proporcionada del inventario del Laboratorio de Biotecnología Experimental del Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional. Se utilizaron de 3 a 5 g de suelo (de la rizosfera) y raíces en tubos FALCON de 50 mL de capacidad, adicionados con 30 mL de agua miliQ. Para el aislamiento microbiano se utilizó el medio selectivo sólido rojo Congo, (Rivera-Cruz *et. al.* 2011). el cual se preparó como se indica en la tabla 1.

Tabla 1.-Preparación de medio del cultivo y cantidades.

Medio rojo Congo sin colorante	
Compuesto	g/L
Ac, Málico	0.4
K ₂ HPO ₄	0.1
MgSO ₄ H ₂ O	0.2
NaCl	0.1
Ext. De levadura	0.4
FeCl ₃ 6 H ₂ O	0.015
Triptófano	0.1

Nota. Esta tabla muestra las cantidades para la preparación del medio de cultivo Rogo Congo y los reactivos requeridos.

Se preparó IL del medio de cultivo, que se esterilizó en autoclave (figura 1), durante 15 minutos a 120lb de presión. Posteriormente en una campana microbiología se realizó la siembra en cajas de Petri de 90x15 mm depositando 20µL de una dilución de 1X10⁶, utilizando el método de estriado en placa se dispersó la muestra en la superficie del medio e incubando a 37 °C durante 72 h.

1.2. Purificación microbiológica

Concluido el tiempo de incubación, se procedió a caracterizar mediante morfología a las colonias resultantes. Las colonias para tinción de Gram fueron aquellas que presenten textura lisa, color rojo intenso, opaco y textura plana y aquellas con características de Gram positivo fueron seleccionadas para identificación molecular.

1.3. Identificación molecular bacteriana

Se realizó en el Laboratorio Nacional de Nutrigenómica y Microbiómica Digestiva Animal Sede IPN (LAMNDA-IPN). Brevemente, se extrajo el DNA metagenómico utilizando el estuche Quick-DNA Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit de Zymo Research.

Para amplificar el gen ARNr 16S se utilizaron los iniciadores universales 27F (5' AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG 3') y 1492R (5' GGT TAC CTT GTT ACG ACT T 3') reportados por James et al. (2010).

La secuenciación se realizó en el secuenciador Miniseq de Illumina (San Diego, CA, EE. UU.), utilizando la guía de referencia de Illumina (Illumina Document # 1000000025416 v09). Las secuencias obtenidas se analizaron mediante la aplicación 16S Metagenomics de Illumina, la cual realiza una clasificación taxonómica de lecturas de amplicón de ARNr 16S y ARNr 5.8S utilizando una base de datos taxonómica. La clasificación se realizó mediante el flujo de trabajo de metagenómica Illumina 16S. El algoritmo es una implementación de alto rendimiento del clasificador ribosomal (Wang et al., 2007).

1.4. Determinación de ácido indol acético y ácido antranilico por HPLC

Se siguió el protocolo para detección de metabolitos secundarios, adaptado de Romero

Juarez *et. al.* 2025, centrifugando las muestras inicialmente a un volumen de 10 ml a 10000 rpm durante 15 min. posteriormente se filtró por acros discos® LC PVDF con membrana de 0.45 µm de porosidad y 25 mm de diámetro, para posteriormente transferirla al HPLC, previamente acondicionada y calibrado con un estándar de ácido 3-indol acético, con una columna RP-18, marca Beckman Ultrasphere, de 150 mm de largo por 4.6 mm de diámetro y con un tamaño de partícula de 5µ. La fase móvil consiste en acetonitrilo-fosfato 30/70 y el detector ajustado a una longitud de onda de 210 mm.

2. Resultados y discusión

2.1. Identificación microbiológica bacteria e identificación molecular

Se realizó la identificación microbiológica bacteriana, del microorganismo aislado de suelo agrícola de la región norte del estado de Tamaulipas; México (Figura 1). En la cual se apreciaron características macroscópicas como la absorción del colorante, superficie rugosa no uniforme y dura al tacto. Microscópicamente se observó su forma de bacilo Gram positivo característico del género.



Figura 1. Rizobacteria promotora de crecimiento vegetal, con características de grampositiva, móvil y anaeróbica facultativa.

Z. E. Mancillas Betancourt et al// Evaluación de la producción de reguladores vegetales... 22-34

El resultado del análisis molecular de la muestra bacteriana se visualizó en el software Blast (R) del Centro Nacional para la información biotecnológica ([NCBI Blast:CJV786 PREMIX Sample Name=CJV786 PREMIX](#)), obteniendo los siguientes resultados:

La identificación molecular del microorganismo que se realizó en el el Laboratorio Nacional de Nutrigenómica y Microbiómica Digestiva Animal Sede IPN (LAMNDA-IPN), a cargo de la Dra. Ana María Sifuentes Rincón, obteniendo como resultado una secuencia nucleotídica de 1085 pares de bases, resultado similar al obtenido por Cáceda Quiroz *et al.*, (2024) en su trabajo de identificación de géneros bacterianos a nivel molecular, mediante amplificación por PCR del gen ARN 16S, y la cual cuenta con un tamaño de 1175 pares de bases de ADN (figura 2), y su búsqueda en la base del GenBank y mediante un Blast reveló porcentajes de identidad superior al 94%, en esta investigación al realizar lo propio se obtuvo como resultado en el NCBI® a bacteria *Bacillus paralicheniformis*, con un porcentaje de identidad 83.52%, cobertura del 89% y una puntuación de 913, que es un valor dado que da confiabilidad al organismo identificado (Figura 3).

2.2. Cuantificación por HPLC de AA y AIA en *Bacillus paralicheniformis*.

Se identificó la síntesis de ácido antranílico y ácido indol acético en *Bacillus paralicheniformis*, así como que cuenta con el mecanismo para la producción de metabolitos jugando un papel importante en la promoción del crecimiento vegetal, y confiere un amplio uso potencial en la producción agrícola, tanto en la promoción del crecimiento vegetal como biofertilizante. De acuerdo con lo reportado por Hernandez Mendoza *et al* (2008), en relación con la biosíntesis de ácido antranílico y acido indolacético en la cepa CBG 497 de *A. brasiliense*, una rizo-bacteria promotoras del crecimiento vegetal ha reportado en su investigación 400 mAU (mili-unidades de absorbancia) para el ácido antranílico y 2500 mAU para acido indolacético, en este proyecto de investigación se observó en *Bacillus paralicheniformis* una cuantificación de 250 mAU, equivalente a 150 partes por millón (PPM) para el ácido antranílico (figura 4) y 1000m mAU, equivalente a 190 PPM para acido indolacético (figura 5), siendo estos dos importantes metabolitos involucrados en la capacidad promotora del crecimiento vegetal.

Figura 2. Secuencia molecular del microorganismo *Bacillus paralicheniformis* cepa con registro S8-TSB-5, con la cual presenta homología, con la secuencia del gen 16S ribosomal RNA, comparada en el software y la cual cuenta con un tamaño de 1175 pares de bases de ADN.

```

CGAACGCTGGCGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGC
TCCCTGATGTCAGC
GGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGG
GAAACCGGGGCTAA
TACCGGATGCTTGATTGAACCGCATGGTTCAATTATAAAAAGGTGGCTTAGCTACC
ACTTACAGATGGA
CCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGG
GTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
AGGGAAATCTTCCGC
AATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTCGGATCG
TAAAACCTGTTGT
TAGGGAAGAACAAAGTACCGTTCGAATAGGGCGGTACCTGACGGTACCTAACAGA
AAGCCACGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCCGGAATTATTGG
GCGTAAAGCGCGCG
CAGGCGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCGGCTAACCGGGGAGGGTCATT
GGAAACTGGGAAC
TTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGAT
GTGGAGGAACACCA
GTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTGACTGAGCGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGA
GCGAACAGGATTAG
ATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTAGAGGGTTCCGCC
CTTAGTGCTGCA
GCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGTCGCAAGACTGAAACTCAAAG
GAATTGACGGGGC
CCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGAAGCAACGCGAACGAAACCTTACCAAG
GTCTTGACATCCTC
TGACAACCCTAGAGATAGGGCTTCCCTCGGGCAGAGTGACAGGTGGTGCATGG
TTGTCGTCAGCTCG
TGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACGCAACGAGCGCAACCCTGATCTTAGTTGCC
AGCATTCAAGTGG
GCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAAA

```

Figura 3. Resultados del proceso de alineamiento, visualizado en

[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1704727191?report=graph&tracks=\[key:sequence_track, name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD649220238,annots:Sequence>ShowLabel:false,ColorGaps:false,shown:true,order:1\]\[key:gene_model_track,name:Genes,display_name:Genes,id:STD3194982005,annots:Unnamed,Options:ShowAll,CDSProductFeats:false,NtRuler:true,AaRuler:true,HighlightMode:2,ShowLabel:true,shown:true,order:4\]&v=l:l1175&c=333333&select=null&slim=0](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1704727191?report=graph&tracks=[key:sequence_track, name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD649220238,annots:Sequence>ShowLabel:false,ColorGaps:false,shown:true,order:1][key:gene_model_track,name:Genes,display_name:Genes,id:STD3194982005,annots:Unnamed,Options:ShowAll,CDSProductFeats:false,NtRuler:true,AaRuler:true,HighlightMode:2,ShowLabel:true,shown:true,order:4]&v=l:l1175&c=333333&select=null&slim=0)

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy	Download	Select columns	Show	100	?
Sequences producing significant alignments								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected				GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer	
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis strain S8-TSB-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus paralicheniformis	913	913	89%	0.0	83.52%	1175	MN179959.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis strain HBOUS63125 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus paralicheniformis	909	909	89%	0.0	83.46%	1472	PQ326852.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis strain 14DA11 chromosome, complete genome	Bacillus paralicheniformis	907	7148	89%	0.0	83.44%	4535069	CP023168.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis RSC-3 DNA, complete genome	Bacillus paralicheniformis	907	7111	89%	0.0	83.44%	4317481	AP023090.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis RSC-2 DNA, complete genome	Bacillus paralicheniformis	907	7129	89%	0.0	83.44%	4318038	AP023089.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis strain NIOT-B1TS1H 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus paralicheniformis	905	905	89%	0.0	83.30%	1496	QR823199.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus sp. (in: Bacteria) strain R123 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus sp. (in: firmicutes)	905	905	90%	0.0	83.24%	1233	OP268217.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus paralicheniformis strain OZ-48 chromosome	Bacillus paralicheniformis	904	7135	89%	0.0	83.36%	4376831	CP172437.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus sp. (in: Bacteria) strain M87 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus sp. (in: firmicutes)	904	904	89%	0.0	83.36%	1505	KY595451.1
<input checked="" type="checkbox"/> Bacillus licheniformis strain BAB-1826 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus licheniformis	904	904	89%	0.0	83.36%	1487	KF535148.1

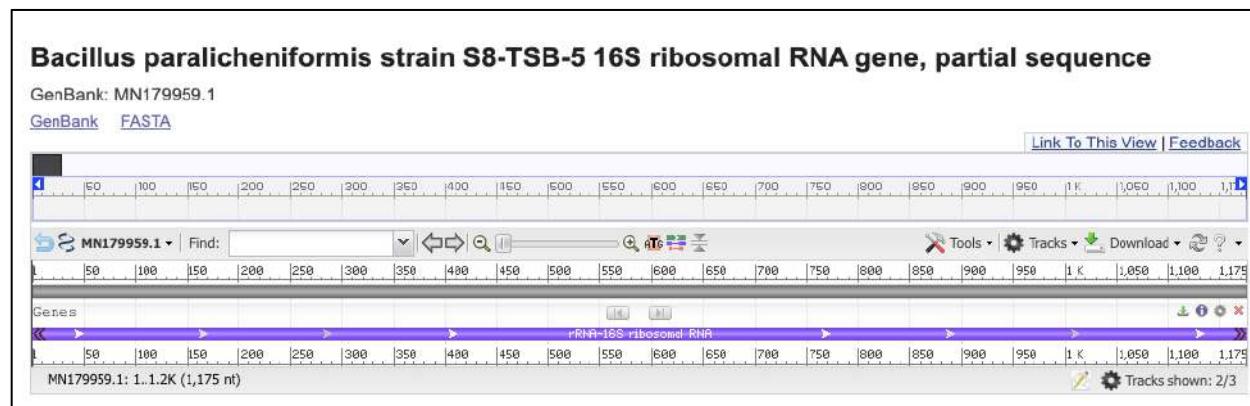
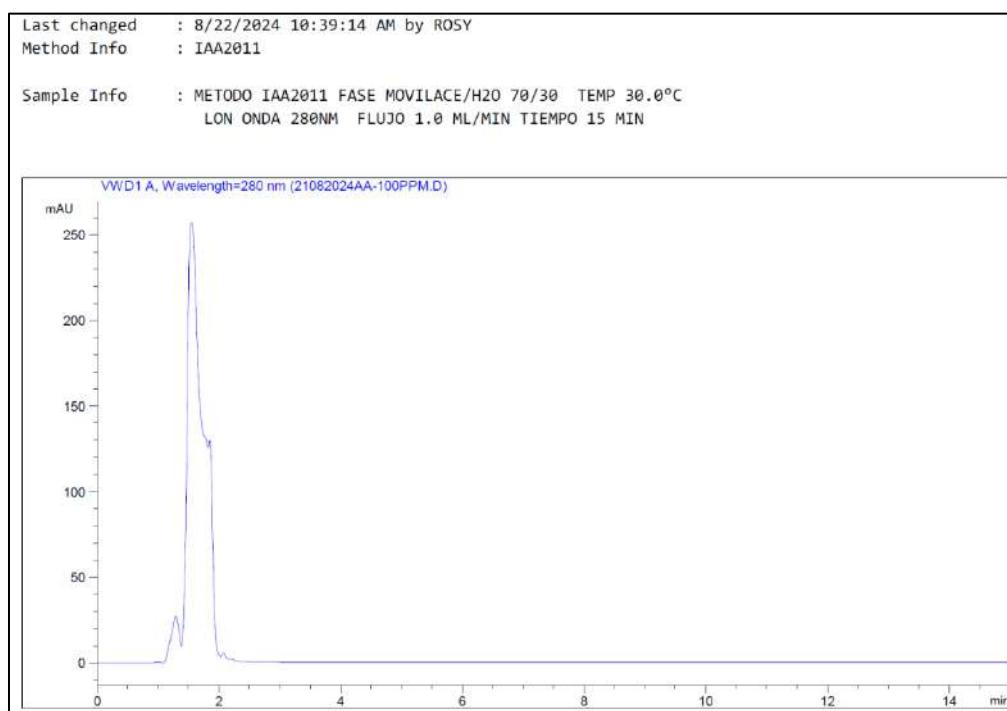
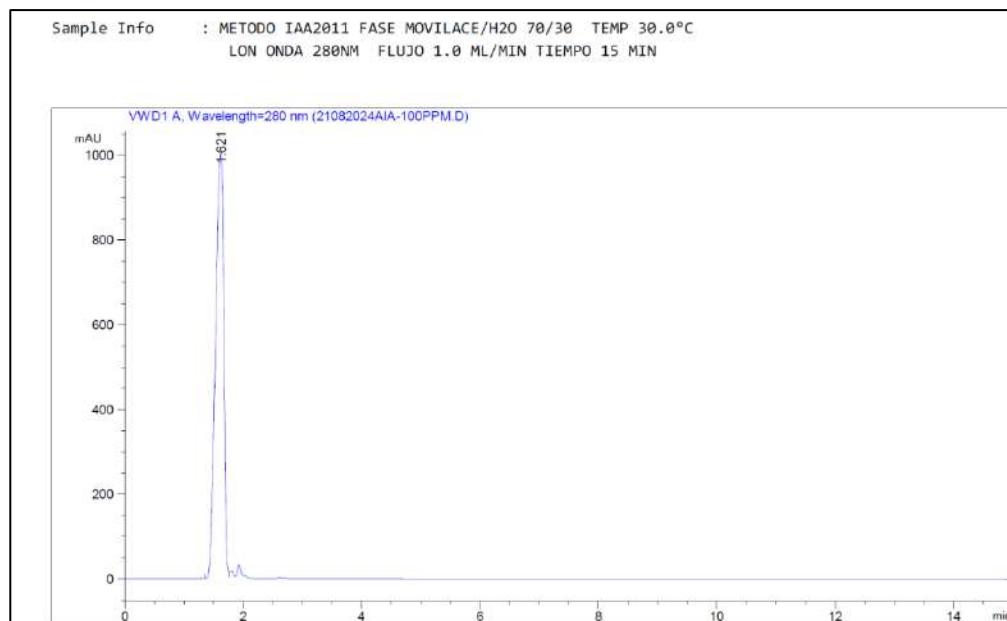


Figura 4. Cuantificación de ácido antranilico en *Bacillus paralicheniformis*.Figura 5. Cuantificación de ácido indol acético en *Bacillus paralicheniformis*.

Conclusiones

Bacillus paralicheniformis ha demostrado un impacto ambiental potencialmente favorable al promover el crecimiento vegetal, lo que permite reducir el uso de fertilizantes químicos en sistemas agrícolas convencionales. Esta disminución en la aplicación de insumos sintéticos contribuye a mitigar la contaminación ambiental y favorece la regeneración y el mantenimiento de la microbiota edáfica, mejorando así la estructura y funcionalidad del suelo. Además de su posible contribución mediante la fijación biológica de nitrógeno, los efectos promotores del crecimiento vegetal —como la producción de ácido indolacético (AIA) y ácido antranílico— derivan principalmente de los cambios morfológicos y fisiológicos inducidos por la bacteria en las raíces, lo que optimiza la absorción de agua y nutrientes y, en consecuencia, disminuye los requerimientos de fertilizantes en la agricultura tradicional.

Referencias

Cáceda Quiroz, César Julio, Maraza Choque, Gisela July, Chachaque Callo, Dina Mayumi, Fora Quispe, Gabriela de Lourdes, Farfan Pajuelo, Diana Galeska, & Carpio Mamani, Milena. (2024). Aislamiento y caracterización filogenética de bacterias nativas cultivables procedentes de minas abandonadas en Tacna, Perú. *Bioteenia*, 26, e2130. Epub 08 de noviembre de 2024. <https://doi.org/10.18633/bioteenia.v26.2130>

Corrales Ramírez MSc, L. C., Caycedo Lozano MSc, L., Gómez Méndez, M. A., Ramos Rojas, S. J., & Rodríguez Torres, J. N. (2017). *Bacillus* spp: una alternativa para la promoción vegetal por dos caminos enzimáticos. *Revista Nova Publicación Científica En Ciencias Biomédicas*, 15(27), 45-65. <https://doi.org/10.22490/24629448.1958>

Chen, X., Ding, Y., Yang, Y., Song, C., Wang, B., Yang, S., Guo, Y., & Gong, Z. (2021). Protein kinases in plant responses to drought, salt, and cold stress. *Journal of Integrative Plant Biology*, 63(1), 53–78. <https://doi.org/10.1111/jipb.13061>

Hernández-Mendoza, J. L., Quiroz-Velásquez, J. D., Moreno-Medina, V. R., & Mayek-Pérez, N. (2008). Biosíntesis de ácido antranílico y ácido indolacético apartir de triptófano en una cepa de *Azospirillumbrasilense* nativa de Tamaulipas, México. *Avances en Investigación Agropecuaria*, 12(1), 57-66. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=83712105>

National Center for Biotechnology Information (NCBI)[Internet]. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information; [1988] – [cited 2025 Nov 12]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Z. E. Mancillas Betancourt et al// Evaluación de la producción de reguladores vegetales... 22-34

Méndez Espinoza, Claudia, y Miguel Ángel Vallejo Reyna. 2019. «Mecanismos De Respuesta Al estrés abiótico: Hacia Una Perspectiva De Las Especies Forestales». *Revista Mexicana De Ciencias Forestales* 10 (56). México, ME. <https://doi.org/10.29298/rmcf.v10i56.567>

Rivera-Cruz, María del Carmen. 2011. Soportes orgánicos De Bacterias Promotoras De Crecimiento Vegetal Y La Sustentabilidad Del Suelo. *Revista Terra Latinoamericana* 29 (2):179-88. <https://terralatinoamericana.org.mx/index.php/terra/article/view/1192>.

Romero, Eliezer, José Hernández, Juan Gonzalez†, Sanjuana Hernández, Amanda Oliva, and Jesús Quiroz. 2025. Identification of Indole Acetic Acid Biosynthesis Pathways in *Trichoderma Asperellum* and *Trichoderma Koningiopsis*. *Revista De La Facultad De Agronomía De La Universidad Del Zulia* 42 (2), e244229. DOI: [https://doi.org/10.47280/RevFacAgron\(LUZ\).v42.n2.XIII](https://doi.org/10.47280/RevFacAgron(LUZ).v42.n2.XIII).

Sheela Chandra, Kazim Askari, Madhumita Kumari, Optimization of indole acetic acid production by isolated bacteria from *Stevia rebaudiana* rhizosphere and its effects on plant growth, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, Volume 16, Issue 2, 2018, Pages 581-586, ISSN 1687-157X, <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2018.09.001>.

Wang, L. T., Lee, F. L., Tai, C. J., & Kasai, H. (2007). Comparison of *gyrB* gene sequences, 16S rRNA gene sequences and DNA-DNA hybridization in the *Bacillus subtilis* group. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(Pt 8), 1846–1850. <https://doi.org/10.1099/ijss.0.64685-0>

Agradecimientos

Al Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional (Laboratorio de Biotecnología Experimental), proyecto SIP IPN 2025, así como al programa de Estímulo al Desempeño de los Investigadores-IPN, por el apoyo para llevar a cabo el trabajo de investigación, al CONAHCYT - SNII, así como a la Universidad Autónoma de Tamaulipas.

Conflicto de interés

Los autores de este manuscrito declaran no tener ningún conflicto de interés.

Declaración ética

Los autores declaran que el proceso de investigación que dio lugar al presente manuscrito se desarrolló siguiendo criterios éticos, por lo que fueron empleadas en forma racional y profesional las herramientas tecnológicas asociadas a la generación del conocimiento.

Copyright

La *Revista de la Universidad del Zulia* declara que reconoce los derechos de los autores de los trabajos originales que en ella se publican; dichos trabajos son propiedad intelectual de sus autores. Los autores preservan sus derechos de autoría y comparten sin propósitos comerciales, según la licencia adoptada por la revista.

Licencia Creative Commons

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-Compartir Igual 4.0 Internacional



REVISTA DE LA UNIVERSIDAD DEL ZULIA, Fundada el 31 de mayo de 1947

UNIVERSIDAD DEL ZULIA, Fundada el 11 de septiembre de 1891